



Kemiripan genetik wereng coklat, *Nilaparvata lugens* Stål. (Homoptera: Delphacidae) populasi Klaten dan Yogyakarta berdasarkan penanda RAPD-PCR

Genetic similarity of brown planthopper, *Nilaparvata lugens* Stål. (Homoptera: Delphacidae) population from Klaten and Yogyakarta based on RAPD-PCR

Supriyadi*, Retno Wijayanti

Program Studi Agroteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Sebelas Maret
Jalan Ir. Sutami 36 A, Surakarta 57126

(diterima Januari 2018, disetujui Juli 2018)

ABSTRAK

Wereng coklat (*Nilaparvata lugens* Stål.) populasi Klaten dan Yogyakarta menunjukkan kemampuan adaptasi pada varietas padi tahan lebih cepat daripada populasi asal wilayah sekitarnya, namun kajian aspek genetik terkait hal ini masih terbatas. Penelitian ini dilakukan untuk mengidentifikasi kemiripan genetik wereng coklat populasi Klaten dan Yogyakarta dengan populasi asal lokasi sekitarnya sebagai pembanding, berdasarkan penanda RAPD-PCR. Pengambilan sampel wereng coklat dilakukan di pertanaman padi di Klaten, Yogyakarta, Sukoharjo, Boyolali, Karanganyar, Sragen, dan Ngawi. Identifikasi kemiripan genetik dilakukan dengan teknik RAPD-PCR, menggunakan lima random primer, yakni OPB 01, OPB 07, OPC 04, OPC 08, dan OPN 15. Hasil pengujian menunjukkan bahwa kelima primer mampu mengamplifikasi DNA wereng coklat dengan baik, namun tidak ada primer yang mampu membedakan secara jelas populasi Klaten dan Yogyakarta dengan populasi asal wilayah sekitarnya. Populasi wereng coklat asal Klaten dan Yogyakarta juga menunjukkan kemiripan genetik dengan populasi asal wilayah sekitarnya, yakni Boyolali, Sukoharjo, dan Sragen, kecuali dengan Karanganyar dan Ngawi. Kajian genetik antar populasi, termasuk populasi asal Klaten dan Yogyakarta diperlukan untuk mengungkap perbedaan genetiknya.

Kata kunci: kemiripan genetik, *Nilaparvata lugens*, penanda molekular

ABSTRACT

Brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) population from Klaten and Yogyakarta may develop into new biotype, but research on the genetic aspect of these populations is limited. Random amplified polymorphic DNA (RAPD)-PCR technique was used to identify the genetic similarity of brown planthopper population from Klaten and Yogyakarta compared to the population of nearby region. Brown planthopper were collected from paddy field in Klaten, Yogyakarta, Sukoharjo, Boyolali, Karanganyar, Sragen, and Ngawi. Five random primers, namely OPB 01, OPB 07, OPC 04, OPC 08, and OPN 15 were used to amplify the brown planthopper. The present study revealed that five random primers produced DNA band patterns clearly and comparable. However, no primer produced DNA band that could differentiate the brown planthopper population from Klaten and Yogyakarta compare to the population from nearby region. Based on dendrogram, the population from Klaten and Yogyakarta showed a genetic similarity to the nearby population from Sukoharjo, Boyolali and Sragen, except from Karanganyar and Ngawi. Intra-population genetic studies of brown planthopper from Klaten and Yogyakarta may be needed to reveal more genetic characters.

Key words: genetic similarity, molecular marker, *Nilaparvata lugens*

*Penulis korespondensi: Supriyadi. Program Studi Agroteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Sebelas Maret
Jalan Ir. Sutami 36 A, Surakarta 57126, Tel/ Faks: 0271 632450, Email: supriyadi58@staff.uns.ac.id; priyadi_hpt@yahoo.co.id

PENDAHULUAN

Wereng batang coklat (*Nilaparvata lugens* Stål. (Homoptera: Delphacidae) adalah hama penting tanaman padi di Indonesia dan beberapa negara di Asia (Dyck & Thomas 1979; Kalshoven 1981; Catindig et al. 2009; Bottrell & Schoenly 2012; Baehaki & Mejaya 2014). Sebagai gambaran, Baehaki & Mejaya (2014) mencatat luas serangan wereng batang coklat di Indonesia tahun 2010 dan 2011, berturut-turut 137.768 ha dan 218.060 ha, dengan rata-rata kehilangan hasil 1–2 ton/ha. Pada tahun 2010/2011, serangan wereng batang coklat di Klaten dan Yogyakarta mampu mematahkan varietas padi tahan biotipe 4, yakni IR 64 (Dinas Pertanian Tanaman Pangan, Provinsi Jawa Tengah 2010). Hasil identifikasi Baehaki (2010) mengungkap bahwa wereng batang coklat asal Klaten dan Yogyakarta telah berkembang menjadi biotipe 4. Memahami penyebab serangan wereng batang coklat secara mendalam dan menyeluruh, termasuk karakter biotipe, untuk memperkaya dalam pengembangan praktik pengelolaan wereng batang coklat di masa depan adalah hal yang sangat penting (Bottrell & Schoenly 2012).

Istilah biotipe mengacu pada populasi wereng batang coklat yang memiliki kemampuan atau ketidakmampuan bertahan hidup pada varietas padi dengan gen tahan spesifik (Sogawa 1980, 1981; Saxena & Barrion 1985; Ikeda & Vaughan 2004) atau populasi yang telah menyesuaikan diri dengan tanaman yang sebelumnya tahan (Claridge & Den Hollander 1980; Ferrater 2015). Saat ini, identifikasi biotipe wereng batang coklat didasarkan atas respons terhadap varietas diferensial padi (Baehaki & Munawar 2008), yang dilakukan dengan uji ketahanan galur melalui *population build-up* (Effendi & Munawar 2013) atau uji populasi (Baehaki 2010, 2012). Meskipun demikian, menurut Tanaka (1999) populasi wereng batang coklat menunjukkan keragaman genetik yang substansial terkait virulensinya terhadap ketahanan varietas padi. Oleh karena itu, studi keragaman genetik biotipe atau populasi wereng batang coklat virulen, yang di Indonesia masih terbatas, penting dilakukan guna mengetahui keterkaitan genetik antar populasi, seperti yang disarankan Bottrell & Schoenly (2012).

Teknik *randomly amplified polymorphic DNA-polymerase chain reaction* (RAPD-PCR)

telah digunakan untuk studi genetik populasi serangga (Loxdale & Lushai 1998; Kumar & Gurusubramanian 2011), diantaranya kemiripan genetik biotipe wereng batang coklat di Filipina (Shufran & Whalon 1995) dan di Indonesia (Bahagiawati & Rijzaani 2005), serta populasi wereng batang coklat dari beberapa wilayah di Tamil Nadu, India (Deivendran 2015). Sementara itu, Latif et al. (2012) menggunakan teknik *direct amplification of length polymorphisms-polymerase chain reaction* (DALP-PCR) untuk mengidentifikasi populasi wereng batang coklat dengan inang berbeda dengan beberapa lokasi di Malaysia. Meskipun demikian, hasil studi genetik wereng batang coklat dengan teknik RAPD-PCR ini belum sepenuhnya mengungkap aspek genetik biotipenya. Shufran & Whalon (1995), belum berhasil membedakan secara genetik wereng batang coklat biotipe 1, 2, dan 3 dengan dengan marka RAPD-PCR, meskipun masing-masing biotipe memiliki pita yang unik. Hasil tersebut mirip dengan penelitian Bahagiawati & Rijzaani (2005) bahwa tidak ada satupun primer yang menghasilkan pita DNA yang mampu membedakan dua biotipe wereng batang coklat. Sementara itu, Deivendran (2015) dapat mengungkap keragaman genetik wereng batang coklat asal dua belas daerah yang berbeda, di wilayah selatan Tamil Nadu, India, namun tidak secara jelas menyampaikan aspek genetik yang mendasari pengelompokan tersebut.

Dalam penelitian ini, identifikasi kemiripan genetik wereng batang coklat dengan penanda RAPD-PCR dilakukan untuk membandingkan antara populasi Klaten dan Yogyakarta dengan populasi asal lokasi sekitarnya. Walaupun, teknik RAPD-PCR ini tidak baru, tetapi studi kemiripan genetik wereng batang coklat, khususnya populasi asal Klaten dan Yogyakarta, yang memiliki kemampuan adaptasi berbeda terhadap varietas padi tahan, masih sangat terbatas. Berdasarkan hal tersebut, studi kemiripan genetik wereng batang coklat dalam penelitian ini dilakukan dengan teknik RAPD-PCR.

BAHAN DAN METODE

Bahan dan waktu penelitian

Pengambilan sampel wereng batang coklat dilakukan di tujuh lokasi pertanaman padi, terdiri atas

lima lokasi di Jawa Tengah (Banyudono-Boyolali, Tasikmadu-Karanganyar, Wonosari-Klaten, Gatak-Sukoharjo, dan Sidoarjo-Sragen), satu lokasi di Jawa Timur (Manthingan-Ngawi), dan satu lokasi di Yogyakarta (Berbah-Sleman) (Gambar 1). Pengambilan sampel wereng batang coklat dilakukan pada musim tanam padi pertama dari bulan Oktober sampai Desember 2013, menggunakan jaring ayun (*sweepnet*). Pengambilan sampel wereng batang coklat dilakukan dalam jumlah yang mencukupi untuk kebutuhan ekstraksi DNA di laboratorium. Sampel wereng batang coklat dari masing-masing lokasi ditempatkan secara terpisah dalam tabung kaca yang berisi alkohol absolut. Analisis genetik dengan teknik RAPD-PCR dilakukan di Laboratorium Mikrobiologi, Pusat Antar Universitas, Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta, pada bulan Januari sampai Maret 2014.

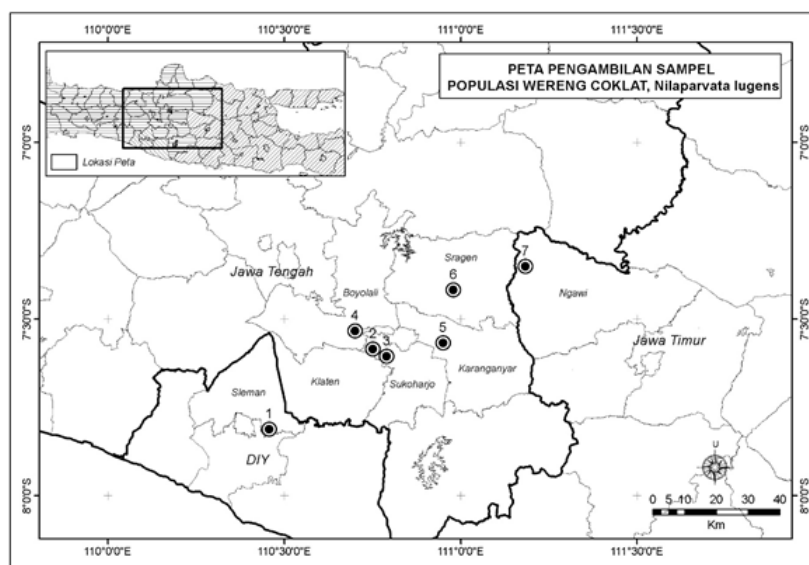
Ekstraksi, amplifikasi, dan visualisasi DNA wereng batang coklat

Ekstraksi DNA wereng batang coklat dilakukan mengikuti metode Loxdale & Lushai (1998) dan Kumar & Gurusubramanian (2011) dengan sedikit modifikasi pada penghalusan sampel, yakni dengan menambahkan serbuk kaca. Empat individu wereng batang coklat (diambil bagian kepala dan toraks, untuk mengurangi risiko kontaminasi DNA lain) dimasukkan ke tabung *eppendorf* dengan menambahkan 125 µl bufer ekstraksi CTAB (2% CTAB, 1,4 M NaCl, 100 mM

Tris HCl, 20 mM EDTA, 1% Polyvinylpyrrolidone/PVP-40) dan serbuk kaca. Sampel wereng batang coklat ditumbuk menggunakan mikropistol sampai halus, kemudian diinkubasi pada suhu 65 °C selama 5 menit. Protein dihilangkan dengan menambahkan 125 µl CI (chloroform-isoamil alkohol) dengan perbandingan 24 : 1 dan disentrifugasi pada kecepatan 800 rpm selama 5 menit.

Amplifikasi PCR DNA wereng batang coklat menggunakan prosedur Kumar & Gurusubramanian (2011). Total 25 µl volume yang dibutuhkan untuk amplifikasi, terdiri atas 2 µl DNA wereng batang coklat, 1µl random primer (10µM), 12,5 µl *PCR mix* (*Dream Taq Green PCR Master Mix*, Thermo Scientific), dan akuades. Random primer yang digunakan adalah OPB 01 (GTTTCGCTCC), OPB 07 (GGTGACGCAG), OPC 04 (CCGCATCTAC), OPC 08 (TGGACCGGTG), dan OPN 15 (CAGCGACTGT). Amplifikasi DNA wereng batang coklat dengan teknik PCR diawali dengan proses denaturasi selama 5 menit pada suhu 94 °C sebanyak satu kali siklus, dilanjutkan dengan 45 siklus pada suhu 94 °C selama 1 menit, 36 °C selama 1 menit, dan 72 °C selama 2 menit.

Visualisasi pita DNA wereng batang coklat hasil amplifikasi PCR dilakukan melalui proses elektroforesis pada gel agarose 1,4% dengan bufer TBE (Tris-borate EDTA) pada tegangan 100 volt, selama 45 menit. Pewarnaan menggunakan etidium bromida dan diamati di bawah UV transluminator.



Gambar 1. Peta lokasi pengambilan sampel wereng coklat (*Nilaparvata lugens*). 1: Yogyakarta; 2: Klaten (Jawa Tengah); 3: Sukoharjo (Jawa Tengah); 4: Boyolali (Jawa Tengah); 5: Karanganyar (Jawa Tengah); 6: Sragen (Jawa Tengah); dan 7: Ngawi (Jawa Timur).

Analisis data

Interpretasi data genetik wereng batang coklat berdasar penanda RAPD-PCR dilakukan mengikuti metode Sosa-Gomez et al. (2004) dan Kumar & Gurusubramanian (2011). Pita DNA wereng batang coklat, produk RAPD-PCR disusun menjadi data biner dan dianalisis menggunakan program NTSYS (versi 2.1). Analisis data didasarkan pada index kemiripan *simple matching* (SM), yakni data biner 1 (ada pita) dan 0 (tidak ada pita) sama-sama diperhitungkan. Hasil analisis kemiripan genetik populasi wereng batang coklat ditunjukkan dalam bentuk dendrogram.

HASIL

Karakter profil pita DNA wereng batang coklat

Semua primer yang digunakan dalam studi ini mampu mengamplifikasi DNA wereng batang coklat (Gambar 2). Sebanyak 33 pita DNA wereng batang coklat berhasil diamplifikasi, dengan rata-rata 6,6 pita/primer, dengan ukuran antara 500–4000 pb (Tabel 1). Primer OPB 07 dan OPC 04 mampu mengamplifikasi DNA wereng batang coklat lebih banyak dibandingkan dengan primer lain, berturut-turut 11 dan 9 pita. Meskipun demikian, tidak ada primer yang diujikan menghasilkan pita unik, yang mampu membedakan dengan jelas wereng batang coklat populasi Klaten dan Yogyakarta dengan populasi sekitarnya.

Amplifikasi DNA pada tujuh populasi wereng batang coklat ini memunculkan delapan pita unik, yakni pita yang hanya muncul pada populasi bersangkutan (Tabel 1). Namun demikian, pita unik tersebut juga dimiliki di masing-masing populasi wereng batang coklat dengan primer yang berbeda-beda sehingga tidak diperoleh pita unik yang membedakan wereng batang coklat populasi Klaten dan Yogyakarta. Populasi Klaten dan Yogyakarta masing-masing memunculkan satu pita unik sehingga tidak berbeda dengan populasi wereng batang coklat asal wilayah sekitarnya. Secara keseluruhan, amplifikasi DNA tujuh populasi wereng batang coklat dengan lima primer, menghasilkan jumlah lokus polimorfik antara 50–100%, dengan rata-rata 82%.

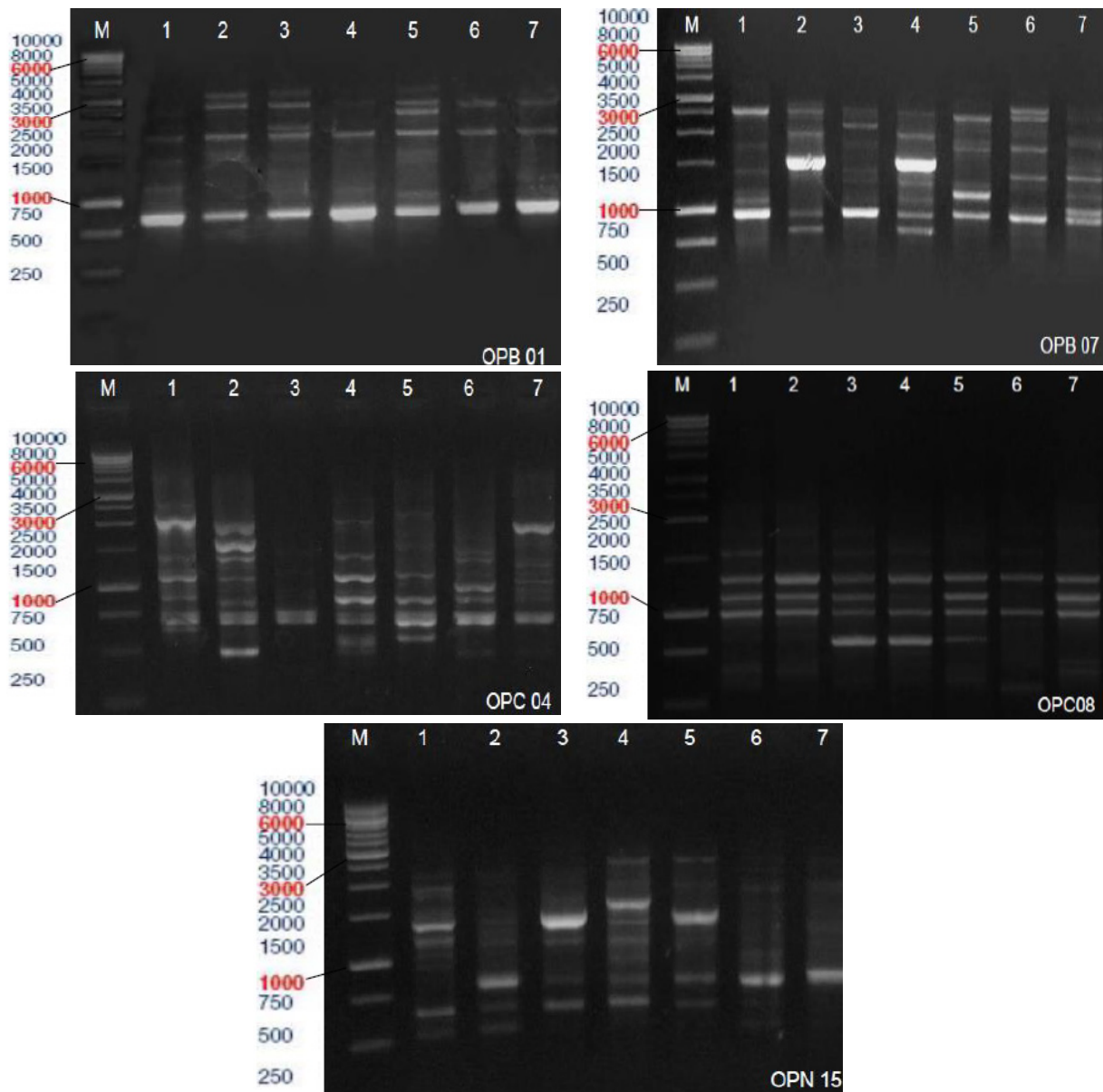
Kemiripan genetik wereng batang coklat populasi Klaten dan Yogyakarta

Hasil analisis DNA wereng batang coklat berdasarkan penanda RAPD-PCR, dalam bentuk dendrogram, menghasilkan kelompok populasi dengan tingkat kemiripan tinggi (84%) antara wereng batang coklat asal Yogyakarta dan Sragen. Kedua populasi wereng batang coklat tersebut juga menunjukkan kemiripan cukup tinggi (71%) dengan populasi asal Boyolali, Klaten dan Sukoharjo, tetapi menunjukkan kemiripan agak rendah (60%) dengan populasi asal Karanganyar dan Ngawi (Gambar 3). Hasil tersebut menunjukkan bahwa wereng batang coklat populasi Klaten dan Yogyakarta secara genetik memiliki kemiripan dengan populasi asal lokasi sekitarnya, terutama Sragen, Boyolali, dan Sukoharjo, tetapi tidak menunjukkan kemiripan dengan populasi asal Karanganyar dan Ngawi (secara geografik relatif jauh) (Gambar 1).

PEMBAHASAN

Jumlah lokus polimorfik antar populasi wereng batang coklat yang relatif tinggi di wilayah studi menunjukkan bahwa secara genetik ada polimorfisme di antara populasi wereng batang coklat di wilayah studi. Tingkat polimorfisme yang tinggi, mengindikasikan adanya aliran gen antar populasi (Sosa-Gomez et al. 2004), yang dapat terjadi karena proses saling kawin individu-individu antar populasi (Shafi et al. 2016). Namun demikian, keragaman genetik individu dalam populasi (intra populasi) wereng batang coklat tidak diidentifikasi dalam penelitian ini, padahal informasi polimorfisme intra populasi ini juga penting untuk memberikan gambaran polimorfisme dalam populasi, khususnya populasi Klaten dan Yogyakarta yang memiliki kemampuan adaptasi berbeda terhadap kultivar padi tahan dibandingkan dengan populasi wereng batang coklat lainnya. Pengetahuan ini penting untuk mengantisipasi sebaran/aliran gen wereng batang coklat populasi Klaten dan Yogyakarta ke populasi sekitarnya melalui perkawinan.

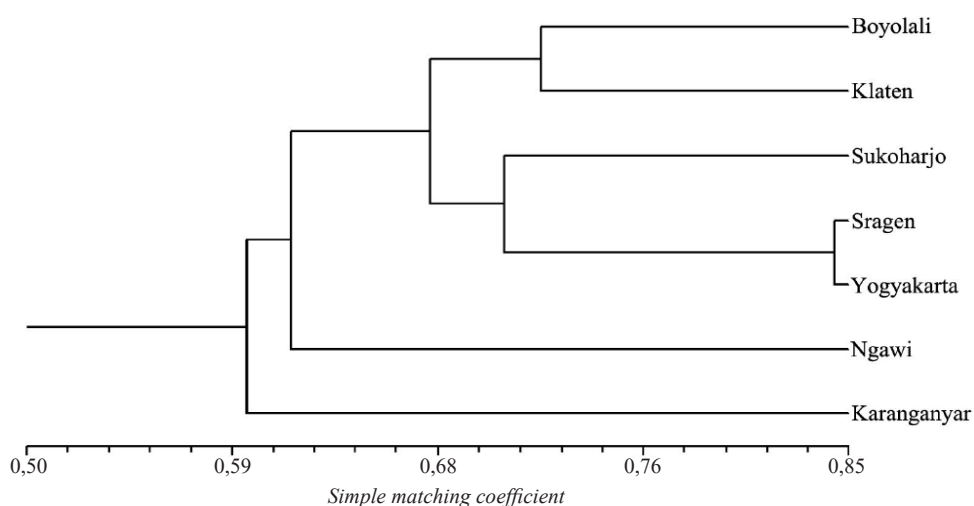
Amplifikasi DNA tujuh populasi wereng batang coklat, juga memunculkan delapan pita



Gambar 2. Hasil amplifikasi DNA wereng batang coklat (*Nilaparvata lugens*) dengan teknik RAPD-PCR. Asal populasi wereng coklat berturut-turut 1: Boyolali; 2: Karanganyar; 3: Klaten; 4: Ngawi; 5: Sukoharjo; 6: Sragen; 7: Yogyakarta.

Tabel 1. Deskripsi hasil amplifikasi DNA wereng batang coklat (*Nilaparvata lugens*) pada primer berbeda melalui metode RAPD-PCR

Primer	Deskripsi pita (<i>bands</i>)						Kisaran posisi pita
	Total pita	Jumlah pita unik	Monomorfik (<i>loci</i>)		Polimorfik (<i>loci</i>)		<i>loci</i> (pb)
			Jumlah pita	%	Jumlah pita	%	
OPB 01	5	1(Sukoharjo)	1	20	4	80	750–4000
OPB 07	11	2 (Klaten & Yogyakarta)	1	9	10	91	750–2500
OPC 04	9	4 (Boyolali, Kr.anyar, Sragen & Sukoharjo)	1	11	8	89	500–2000
OPC 08	4	-	2	50	2	50	750–2000
OPN 15	4	1 (Ngawi)	0	0	4	100	500–2500
Jumlah	33	8 (7 populasi)	5		28		
Rerata	6,6			18		82	
Kisaran							500–4000



Gambar 3. Dendrogram kemiripan genetik populasi wereng coklat (*Nilaparvata lugens*) berdasarkan penanda RAPD-PCR.

unik, termasuk yang muncul pada populasi Klaten dan Yogyakarta. Meskipun demikian, tidak diperoleh karakter genetik yang secara spesifik membedakan wereng batang coklat populasi Klaten dan Yogyakarta dengan populasi asal wilayah sekitarnya. Padahal, menurut Baehaki (1987, 2010, 2012), wereng batang coklat populasi Klaten dan Yogyakarta menunjukkan kemampuan adaptasi berbeda terhadap varietas tahan dan telah berkembang menjadi biotipe 4. Hasil ini mirip dengan penelitian Bahagiawati & Rijzaani (2005) serta Shufron & Whalon (1995), yang juga tidak menemukan pita DNA spesifik yang dapat membedakan biotipe wereng batang coklat melalui teknik RAPD-PCR. Primer (sebagai marker) yang digunakan untuk mengamplifikasi DNA wereng batang coklat dalam penelitian ini relatif terbatas. Ke depan diperlukan lebih banyak primer dan terutama memilih marker yang terkait (*linked*) dengan biotipe wereng batang coklat, yang pada saat penelitian ini dilaksanakan tidak penulis dapatkan. Jing et al. (2014) telah mempublikasikan marker terkait (*linked*) wereng batang coklat virulen, namun menggunakan *microsatellite markers* dan diidentifikasi dengan teknik *sequence-related amplified polymorphisms* (SRAP).

Berdasarkan hasil dendrogram, secara genetik wereng batang coklat populasi Klaten dan Yogyakarta menunjukkan kemiripan dengan populasi wereng batang coklat asal lokasi sekitarnya, yakni Boyolali, Sukoharjo, dan Sragen, tetapi tidak menunjukkan kemiripan dengan populasi Karanganyar dan Ngawi. Hasil ini tidak men-

cerminkan adanya variasi kemampuan adaptasi ataupun biotipe wereng batang coklat di wilayah studi, yakni antara biotipe 3 dan 4 (Baehaki 2010). Dengan kata lain, amplifikasi DNA wereng batang coklat berdasar teknik RAPD-PCR ini belum dapat menunjukkan bahwa populasi Klaten dan Yogyakarta secara genetik terpisah dari populasi wilayah sekitarnya. Hasil dendrogram tersebut juga tidak berbeda dengan pernyataan Bottrell & Schoenly (2012) bahwa biotipe wereng batang coklat yang diidentifikasi berdasarkan standar pengujian International Rice Research Institute (1996) tidak mencerminkan variasi genetiknya. Oleh karena itu, diperlukan kajian lebih dalam dan atau pendekatan baru dalam mempelajari biotipe wereng batang coklat virulen ini. Kobayashi et al. (2018), misalnya dapat mengidentifikasi gen terkait pematah ketahanan *anti-feeding* pada padi tahan wereng batang coklat, melalui teknik analisis *single-nucleotida polymorphisme* (SNP).

Tingkat kemiripan genetik antar populasi, sesungguhnya juga mengindikasikan tingkat aliran gen yang terjadi (Deivendran 2015). Berdasarkan hal tersebut maka ada dugaan bahwa antar populasi wereng batang coklat di wilayah studi, saling bermigrasi atau berpindah dan melakukan perkawinan silang. Dilihat dari sisi ekologi, tidak ada pembatas (*barrier*) antara habitat populasi wereng batang coklat Klaten dan Yogyakarta dengan populasi Sukoharjo dan Boyolali. Sementara itu, populasi wereng batang coklat Ngawi, secara ekologi dipisahkan habitat hutan dari keenam populasi lainnya. Demikian pula, habitat

populasi wereng batang coklat asal Karanganyar dan Sragen, juga relatif terpisah dengan keenam populasi lainnya oleh pemukiman/habitat bukan padi. Oleh karena itu, kemiripan wereng batang coklat populasi Yogyakarta dan Sragen, yang secara geografik relatif berjauhan, belum dapat dijelaskan dalam penelitian ini. Jumlah sampel individu dalam populasi yang terbatas (satu kali amplifikasi per marker dan tidak ada ulangan dalam satu populasi), diduga juga mempengaruhi hasil analisis kemiripan genetik dalam penelitian ini. Hal ini juga merupakan kekurangan dalam penelitian ini, agar dalam studi aspek genetika populasi wereng batang coklat selanjutnya lebih merepresentasikan populasinya.

Faktor lain yang juga perlu dipertimbangkan adalah varietas padi yang ditanam petani. Varietas padi yang ditanam petani di Klaten sangat beragam, yakni varietas lokal yang peka terhadap wereng batang coklat, seperti Rojolele dan Menthik wangi; varietas dengan ketahanan moderat, seperti Situ bagendit, Way apu, dan Membramo; serta varietas sangat tahan Inpari, yang ditanam saat ada serangan wereng batang coklat. Sementara, varietas padi yang ditanam petani daerah lain adalah kelompok varietas moderat resisten serta varietas lokal, seperti Menthik wangi. Menurut Ferrater (2015), tidak ada bukti kuat bahwa sekali wereng telah beradaptasi dengan varietas yang tahan, akan menggunakan dayanya untuk menyerang varietas lain dengan gen berbeda. Namun demikian, proses makan oleh populasi campuran wereng batang coklat virulen-avirulen berpotensi mempercepat adaptasi *N. lugens* pada varietas padi tahan (Ferrater 2015). Mekanisme yang mendasari virulensi wereng batang coklat bersifat kompleks sehingga penelitian lebih lanjut aspek genetik adaptasi *N. lugens* terhadap varietas tahan masih diperlukan.

KESIMPULAN

Penggunaan teknik RAPD-PCR dalam penelitian ini, belum berhasil menemukan penanda genetik spesifik wereng batang coklat populasi Klaten dan Yogyakarta yang memiliki kemampuan adaptasi terhadap varietas tahan berbeda. Berdasarkan hasil dendrogram, wereng batang coklat populasi Klaten dan Yogyakarta

menunjukkan kemiripan dengan populasi, Sukoharjo, Boyolali, dan Sragen, namun tidak menunjukkan kemiripan dengan populasi Karanganyar dan Ngawi. Kajian genetik pada aras intra populasi termasuk adaptasi wereng batang coklat virulen terhadap varietas tahan wereng coklat masih diperlukan untuk mengungkap karakter genetik lebih dalam.

UCAPAN TERIMA KASIH

Dukungan finansial dari penelitian ini berasal dari Direktorat Penelitian dan Pengabdian pada Masyarakat, Kemenristek Dikti (Dana DIPA dengan Nomor Kontrak 159a/UN27.11/PN/2013). Penulis juga mengucapkan terima kasih kepada saudara Sukaya, dari Fakultas Pertanian UNS yang telah memberikan saran terkait pemilihan model analisis data dalam penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Baehaki SE. 1987. Dinamika populasi wereng coklat, *Nilaparvata lugens* Stål. Di dalam: Soejitno J, Harahap Z, Suprpto H (Eds.), *Wereng Coklat*, Edisi Khusus. pp. 16–30. Bogor: Balitbangtan, Balai Penelitian Tanaman Pangan.
- Baehaki SE. 2010. *Pemetaan Biotipe Wereng Coklat di Pulau Jawa dan Sumatera. Seminar Hasil Penelitian 2010*. Sukamandi: Balai Besar Penelitian Tanaman Padi.
- Baehaki SE. 2012. Perkembangan biotipe hama wereng coklat pada tanaman padi. *Iptek Tanaman Pangan* 7:8–17.
- Baehaki SE, Mejaya IMJ. 2014. Wereng coklat sebagai hama global bernilai ekonomi tinggi dan strategi pengendaliannya. *Iptek Tanaman Pangan* 9:1–12. doi: [https://doi.org/10.1016/S1978-3019\(16\)30315-1](https://doi.org/10.1016/S1978-3019(16)30315-1).
- Baehaki SE, Munawar D. 2008. Uji biotipe wereng coklat, *Nilaparvata lugens* Stål di sentra produksi padi. Di dalam: Suprihatno B et al. (Eds.), *Prosiding Seminar Nasional Padi 2008 (Sukamandi, 2008)*. hlm. 347–359. Sukamandi: Balai Besar Penelitian Tanaman Padi.
- Bahagiawati A, Rijzaani H. 2005. Pengelompokan biotipe wereng coklat berdasarkan hasil PCR-RAPD. *HAYATI Journal of Biosciences* 12:1–6. doi: [https://doi.org/10.1016/S1978-3019\(16\)30315-1](https://doi.org/10.1016/S1978-3019(16)30315-1).
- Bottrell DG, Schoenly KG. 2012. Resurrecting the ghost of green revolutions past: The brown

- planthopper as a recurring threat to high-yielding rice production in tropical Asia. *Journal of Asia-Pacific Entomology* 15:122–140. doi: <https://doi.org/10.1016/j.aspen.2011.09.004>.
- Catindig J, Arida G, Baehaki S, Bentur J, Cuong L, Norowi M, Rattanakarn W. 2009. Situation of planthoppers in Asia. Di dalam: Heong K, Hardy B (Eds.), *Planthoppers: New Threats to The Sustainability of Intensive Rice Production Systems in Asia*. pp. 191–220 Los Baños: International Rice Research Institute (IRRI).
- Claridge M, Den Hollander J. 1980. The “biotypes” of the rice brown planthopper, *Nilaparvata lugens*. *Entomologia Experimentalis et Applicata* 27:23–30. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1570-7458.1980.tb02942.x>.
- Deivendran S. 2015. Genetic variability of populations of *Nilaparvata lugens* Stål (Delphacidae: Hemiptera) as revealed by random amplified polymorphic DNA. *Biolife* 3:40–49.
- Dinas Pertanian Tanaman Pangan Provinsi Jawa Tengah. 2010. *Data Serangan OPT dan Bencana Alam di Jawa Tengah*. Semarang: Dinas Pertanian Tanaman Pangan Provinsi Jawa Tengah.
- Dyck V, Thomas B. 1979. The brown planthopper problem. Di dalam: *Brown Planthopper: Threat to Rice Production in Asia*. pp. 3–17. Los Baños: International Rice Research Institute (IRRI).
- Effendi BS, Munawar D. 2013. Uji ketahanan galur padi terhadap wereng coklat biotipe 3 melalui *population build-up*. *Jurnal Entomologi Indonesia* 10:7–17. doi: <https://doi.org/10.5994/jei.10.1.7>.
- Ferrater JB. 2015. *Adaptation of The Brown Planthopper, Nilaparvata lugens (Stål), to resistant rice varieties*. Disertasi. Wageningen: Wageningen University. Tersedia pada: <http://library.wur.nl/WebQuery/wda/lang/2103165> [diakses 24 February 2018].
- Ikeda R, Vaughan D. 2004. The distribution of resistance genes to the brown planthopper in rice germplasm. IRRI, Los Banos, Philippines. Tersedia pada: https://shigen.nig.ac.jp/rice/oryza_base/asset/rgn/vol8/v8p125.html.
- International Rice Research Institute. 1996. *Standard Evaluation System For Rice*. Inger Genetic Resources. 4th edition. Manila: IRRI.
- Jing S, Zhang L, Ma Y, Liu B, Zhao Y, Yu H, Zhou X. 2014. Genome-wide mapping of virulence in brown planthopper identifies loci that break down host plant resistance. *Plos One* 9:1–7. doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0098911>.
- Kalshoven L. 1981. *The Pests of Crops in Indonesia*. Terjemahan: PA. van Deer Laan, Trans. Jakarta: PT Ichtar Baru-Van Hoeve.
- Kobayashi T, Yamamoto K, Suetsugu Y, Kuwazaki S, Hattori M, Jairin J, Sanada-Morimura S, et al. 2018. Genetic mapping of the rice resistance breaking gene of the brown planthopper *Nilaparvata lugens*. *Proceedings of the Royal Society B* 281:20140726. doi: <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2014.0726>.
- Kumar NS, Gurusubramanian G. 2011. Random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers and its applications. *Science Vision* 11:116–124.
- Latif M, Rafii M, Mazid M, Ali M, Ahmed F, Omar M, Tan S. 2012. Genetic dissection of sympatric populations of brown planthopper, *Nilaparvata lugens* Stål, using DALP-PCR molecular markers. *The Scientific World Journal* 1:1–11. doi: <https://doi.org/10.1100/2012/586831>.
- Loxdale H, Lushai G. 1998. Molecular markers in entomology. *Bulletin of Entomological Research* 88:577–600. doi: <https://doi.org/10.1017/S0007485300054250>.
- Saxena RC, Barrion AA. 1985. Biotypes of the brown planthopper, *Nilaparvata lugens* (Stål) and strategies in deployment of host plant resistance. *International Journal of Tropical Insect Science* 6:271–289. doi: <https://doi.org/10.1017/S1742758400004549>.
- Shafi N, Ayub J, Ashraf N, Mian A, Malik IU. 2016. Genetic diversity in different populations of mahseer (*Tor putitora*) in Pakistan: A RAPD based study. *International Journal of Agriculture & Biology* 18:1181–1187. doi: <https://doi.org/10.17957/IJAB/15.0224>.
- Shufran K, Whalon M. 1995. Genetic analysis of brown planthopper biotypes using random amplified polymorphic DNA-polymerase chain reaction (RAPD-PCR). *International Journal of Tropical Insect Science* 16:27–33.
- Sogawa K. 1980. Biological and genetic nature of biotype populations of the brown planthopper, *Nilaparvata lugens*. *Japan Agricultural Research Quarterly* 14:186–190. doi: <https://doi.org/10.1303/aez.16.129>.
- Sogawa K. 1981. Biotypic variations in the brown planthopper, *Nilaparvata lugens* (Homoptera: Delphacidae) at the IRRI, the Philippines. *Applied Entomology and Zoology* 16:129–137.
- Sosa-Gomez DR, Delpin KE, Almeida AM, Hirose E. 2004. Genetic differentiation among Brazilian populations of *Euschistus heros* (Fabricius) (Heteroptera: Pentatomidae) based on RAPD analysis. *Neotropical Entomology* 33:1–13. doi: <https://doi.org/10.1590/S1519-566X2004000200009>.
- Tanaka K. 1999. Quantitative genetic analysis of biotypes of the brown planthopper *Nilaparvata lugens*: heritability of virulence to resistant rice varieties. *Entomologia Experimentalis et Applicata* 90:279–287. doi: <https://doi.org/10.1046/j.1570-7458.1999.00448.x>.