

## ABSTRAK

### ANALISIS mtDNA BERDASARKAN PROFIL GEN 16S rRNA PADA LEBAH TANPA SENGAT (*Stingless bee*) di KABUPATEN LAMPUNG TIMUR

Oleh

**Aulia Imtitsal**

Lebah tanpa sengat memiliki lebih dari 600 spesies di seluruh dunia. Distribusi wilayah persebaran lebah tanpa sengat di dunia dibagi menjadi 3, yaitu Neotropical, Afrotropical, dan Australasian. Sebanyak 46 spesies dalam 10 genus lebah tanpa sengat yang telah tercatat dari Indonesia, sebanyak 23 jenis lebah tanpa sengat ditemukan di Sumatera. Keragaman lebah tanpa sengat dan hubungan kekerabatan dapat diketahui dengan melakukan identifikasi morfologi. Penggunaan analisis morfologi memiliki kelemahan seperti rendahnya nilai konsistensi yang menunjukkan hubungan filogenetik pada tingkat variasi spesies. Analisis filogenetik penting dilakukan untuk mengetahui berbagai keragaman lebah tanpa sengat yang dapat menjadi salah satu upaya konservasi lebah tanpa sengat di Kabupaten Lampung Timur, sehingga perlu dilakukan analisis molekuler keragaman lebah tanpa sengat menggunakan DNA mitokondria (mtDNA) pada lebah. Gen 16S rRNA merupakan gen penyandi mtDNA yang paling informatif untuk filogenetik terutama pada ordo Hymenoptera. Penelitian ini bertujuan untuk deteksi keragaman spesies lebah tanpa sengat secara molekuler dengan profil gen 16S rRNA di Kabupaten Lampung Timur. Metode yang digunakan adalah isolasi DNA, amplifikasi gen DNA, elektroforesis dan visualisasi, sekuensing serta analisis hasil sekuensing dengan perangkat lunak menggunakan *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST) dan konstruksi pohon filogenetik menggunakan *Molecular Evolution Genetic Analysis* (MEGA11) dengan metode *maximum likelihood* serta metode *bootstrap* sebanyak 1000 pengulangan. Berdasarkan penelitian yang telah dilakukan didapatkan hasil bahwa ketiga sampel lebah tanpa sengat memiliki hubungan kekerabatan yang dekat dengan spesies *Heterotrigona itama* dengan nilai jarak genetik 0,0176 dengan homologi 97,95% menunjukkan tingkat keragaman genetic yang rendah.

**Kata kunci:** Lebah tanpa sengat, Analisis Molekuler, Gen 16S rRNA, Filogenetik.

## **ABSTRACT**

### ***mtDNA ANALYSIS BASED ON 16S rRNA GEN PROFILE OF STINGLESS BEES IN EAST LAMPUNG DISTRICT***

***By***

***Aulia Imtitsal***

*Stingless bees have more than 600 species worldwide. The distribution area of stingless bees in the world is divided into 3, Neotropical, Afrotropical, and Australasian. A total of 46 species in 10 genus of stingless bees have been recorded in Indonesia, 23 species of stingless bees were found in Sumatra. The diversity of stingless bees and the kinship of each group of bees known by conducting morphological identification. However, the use of morphological characteristic has shortcomings such as low consistency values for phylogenetic relationships at the species variation level. Phylogenetic analysis is important to determine the diversity of stingless bees which can be one of the conservation efforts of stingless bees in East Lampung. It is necessary to conduct molecular analysis of stingless bee diversity using mitochondrial DNA (mtDNA) in bees. The 16S rRNA gene is the most informative mtDNA encoding gene for phylogenetics, especially in the order Hymenoptera. This study aims to detect the diversity of stingless bee species molecularly with 16S rRNA gene profiles in East Lampung Regency. The methods used were DNA isolation, DNA gene amplification, electrophoresis and visualization, sequencing and analysis of sequencing results with software using the Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) and phylogenetic tree construction using Molecular Evolution Genetic Analysis (MEGA 11) with the maximum like lihood method and the boots method. Based on the research that has been done, the results show that the three stingless bee samples have a close kinship with the *Heterotrigona itama* species with a genetic distance value of 0.0176 with 97.95% homology showing a low level of genetic diversity.*

***Keywords:*** *Stingless bee, Molecular Analysis, 16S rRNA gene, Phylogenetic.*