



Analisis Filogenetik *Apis dorsata* (Fabricius 1793) Berdasarkan Gen *Cytochrome Oxidase I* (COI)

¹Nur Delima, ^{2*}Masrianih, ³Manap Trianto, ⁴Yulia Windarsih, ⁵Amalia Buntu, ⁶Fatmah Dhafir

^{1,2,3,4,5,6}Program Studi Pendidikan Biologi, Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan, Universitas Tadulako, Palu, Indonesia.

*Corresponding Author e-mail: masrianihismail67@gmail.com

Received: January 2025; Revised: February 2025; Accepted: March 2025; Published: March 2025

Abstrak: *Apis dorsata* adalah lebah madu raksasa yang tersebar di Asia Selatan dan Asia Tenggara. Analisis filogenetik digunakan untuk menggambarkan hubungan kekerabatan makhluk hidup melalui pohon filogenetik. Penelitian ini bertujuan untuk mendeskripsikan hubungan kekerabatan pada *A. dorsata* berdasarkan Gen *Cytochrome Oxidase I* (COI). Pengambilan sampel dengan menggunakan metode jelajah di berbagai daerah, kemudian dilakukan isolasi DNA, amplifikasi DNA, sequencing, dilanjutkan dengan analisis bioinformatika berupa GeneStudio, DNASTAR, MESQUITE, dan MEGA 11. Hasil penelitian menunjukkan bahwa analisis filogenetik dengan metode *Neighbor-Joining* (NJ) dan *Maximum Likelihood* (ML) menghasilkan pohon filogenetik yang menggambarkan hubungan evolusi yang jelas. *A. dorsata* dari Sulawesi Tengah lebih dekat kekerabatannya dengan spesies *A. dorsata* lain dalam satu klaster internal, sementara spesies lainnya terpisah. Hasil penelitian ini menunjukkan pola kekerabatan yang jelas antar populasi *A. dorsata*.

Kata Kunci: *Apis dorsata*; filogenetik; *cytochrome oxidase I* (COI)

Abstract: *Apis dorsata* is a giant honeybee species distributed across South and Southeast Asia. Phylogenetic analysis is used to illustrate the evolutionary relationships of organisms through a phylogenetic tree. This study aims to describe the genetic relationships of *A. dorsata* based on the *cytochrome oxidase I* (COI) gene. Sampling was conducted using an exploratory method in various regions, followed by DNA isolation, DNA amplification, sequencing, and bioinformatics analysis using GeneStudio, DNASTAR, MESQUITE, and MEGA 11. The results show that phylogenetic analysis using the *Neighbor-Joining* (NJ) and *Maximum Likelihood* (ML) methods produced a phylogenetic tree that clearly depicts evolutionary relationships. *A. dorsata* from Central Sulawesi is more closely related to other *A. dorsata* species within the same internal cluster, while other species are separated. These findings reveal a clear pattern of genetic relationships among *A. dorsata* populations.

Keywords: *Apis dorsata*; phylogenetics; *cytochrome oxidase I* (COI)

How to Cite: Delima, N., Masrianih, M., Trianto, M., Windarsih, Y., Buntu, A., & Dhafir, F. (2025). Analisis Filogenetik *Apis dorsata* (Fabricius 1793) Berdasarkan Gen *Cytochrome Oxidase I* (COI). *Bioscientist: Jurnal Ilmiah Biologi*, 13(1), 448-456. doi:<https://doi.org/10.33394/bioscientist.v13i1.14899>



<https://doi.org/10.33394/bioscientist.v13i1.14899>

Copyright© 2025, Delima et al

This is an open-access article under the CC-BY-SA License.



PENDAHULUAN

Lebah madu merupakan salah satu serangga eusosial yang memiliki peran penting dalam ekosistem sebagai agen penyerbukan dan produsen madu (Lamerkabel *et al.*, 2023). Di Indonesia, negara dengan keanekaragaman hayati yang tinggi, terdapat lima spesies lebah madu, salah satunya adalah *Apis dorsata*, atau yang dikenal sebagai lebah madu raksasa (Bovo *et al.*, 2020; Iwasaki & Hogendoorn, 2021; Li *et al.*, 2021). Lebah ini memiliki ukuran tubuh yang besar, mencapai panjang 17-20 mm, dengan pola warna tubuh yang khas serta kemampuan terbang jarak jauh (Hasam *et al.*, 2020). *Apis dorsata* termasuk lebah endemik di Sulawesi yang habitatnya di hutan (Semuel *et al.*, 2022). Meskipun memiliki potensi besar dalam perannya di ekosistem, *Apis dorsata* tidak dapat dibudidayakan karena hanya bisa bertahan di habitat alami berupa pohon tinggi di hutan (Ferdyan *et al.*, 2021).

Persebaran *Apis dorsata* yaitu di Indonesia, Filipina, Nepal, India, Kamboja, dan Vietnam. Daerah persebaran jenis lebah tersebut termasuk luas, sehingga diperlukan

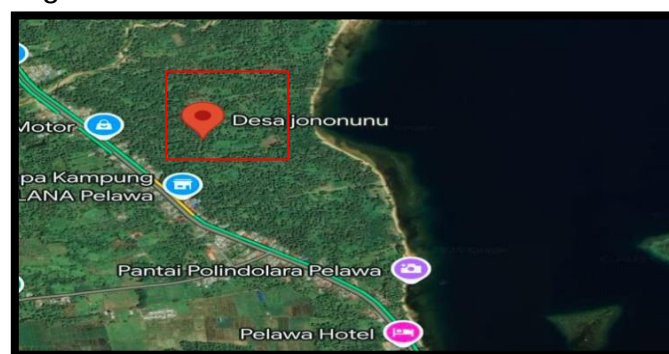
database untuk spesies ini termasuk *database* DNA mitokondria (DNAMt) (Choiriyah, 2020). DNA mitokondria (DNAMt) yaitu salah satu sumber informasi karakter genetik dari makhluk hidup yang digunakan dalam studi genetika populasi dan filogeni (Moradi et al., 2017). Selain penting dari sisi ekologi, lebah *Apis dorsata* juga memiliki nilai signifikan dalam studi genetika dan filogeni melalui analisis DNA mitokondria (DNAMt), terutama gen *cytochrome oxidase I* (COI). Gen COI memiliki nukleotida yang bervariasi dan *conserve* sehingga dapat digunakan sebagai marker gen (Mamuaya et al., 2024). Gen *cytochrome oxidase I* (COI) adalah molekul *ubiquitous* yang memiliki fungsi yang sama di setiap organisme, sehingga dapat digunakan sebagai penanda molekuler. Penggunaan gen *cytochrome oxidase I* (COI) dapat memberikan informasi mengenai hubungan evolusi spesies atau populasi yang berkerabat dekat sehingga dapat menjadi solusi terhadap tantangan studi taksonomi khususnya pendekatan dengan karakter morfologi (Mamuaya et al., 2024).

Analisis filogenetik merupakan analisis yang bertujuan untuk menggambarkan hubungan kekerabatan dari silsilah makhluk hidup, baik hewan maupun tumbuhan yang digambarkan dalam suatu pohon filogeni (Subari et al., 2021). Selain itu, analisis filogenetik dapat memberikan informasi terkait proses evolusi yang dialami suatu organisme (Shakya et al., 2020). Informasi mengenai analisis filogenetik gen *cytochrome oxidase I* (COI) *A. dorsata* masih jarang dan terbatas dilaporkan, Penelitian yang berkaitan dengan analisis filogenetik *Apis dorsata* berdasarkan gen *cytochrome oxidase I* (COI) dapat menambah serta melengkapi data informasi genetik lebah madu Indonesia. Penelitian ini bertujuan untuk mendeskripsikan hubungan kekerabatan pada *Apis dorsata* berdasarkan gen *Cytochrome Oxidase I* (COI).

METODE

Penelitian ini menggunakan analisis deskriptif eksploratif dengan pendekatan kualitatif dan kuantitatif. Penelitian jenis deskriptif eksploratif bertujuan untuk menggambarkan keadaan suatu fenomena. Data kualitatif merupakan data deskriptif yang diperoleh dari hasil isolasi, amplifikasi dan analisis *sequencing* DNA *Apis dorsata* berdasarkan gen *Cytochrome Oxidase I* (COI) serta analisis bioinformatika. Data kuantitatif adalah data numerik yang diperoleh dari presentase identitas hasil BLAST.

Penelitian ini dilakukan dengan pengambilan sampel *Apis dorsata* di Desa Jononunu, Kecamatan Parigi Tengah, Kabupaten Parigi Moutong, Sulawesi Tengah (Gambar 1). Sampel *Apis dorsata* dikumpulkan menggunakan metode jelajah dengan mencatat koordinat sarang menggunakan GPS. Larutan gula disemprotkan sebagai umpan di titik sampling dengan pengecekan pagi, siang, dan sore. Spesimen ditangkap menggunakan *insect net*. Isolasi, amplifikasi, dan sekuensing DNA dilakukan di Laboratorium Penelitian dan Pengujian Terpadu (LPPT) Universitas Gadjah Mada, sedangkan analisis bioinformatika dilaksanakan di Kota Palu.



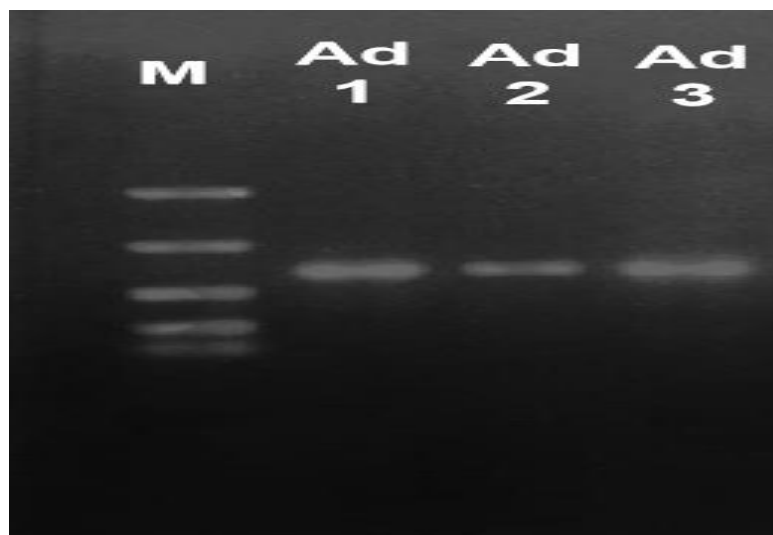
Gambar 1. Lokasi pengambilan sampel

Sampel *Apis dorsata* dikumpulkan dengan metode jelajah, ditandai dengan koordinat GPS. Koleksi sampel dilakukan berdasarkan metode Trianto & Purwanto (2020). Sepuluh titik sampling dibuat, disemprot larutan gula, dan diperiksa tiga kali sehari sebelum lebah ditangkap dengan insect net. Isolasi DNA dilakukan pada *Apis dorsata* tanpa kepala dan sayap menggunakan GS 100gSYNCTM DNA Extraction Kit. Sampel diinkubasi dengan reagen pada 60°C selama 2,5 jam, lalu supernatant diproses dengan GSB, EtOH absolut, dan GS column. DNA dicuci, dikeringkan, dielusi pada 60°C, dan disimpan pada -20°C. Amplifikasi DNA menggunakan primer COI (LCO1490 *forward* & HCO2198 *reverse*) dengan PCR 25 µL. Siklus PCR mencakup pre-denaturation (95°C, 5 menit), 35 siklus denaturation (94°C, 35 detik), annealing (50°C, 30 detik), extension (72°C, 30 detik), dan post-extension (72°C, 7 menit) dengan Genetic Analyzer 3500. Elektroforesis menggunakan gel agarose 1% dengan DNA Ladder sebagai marker. Proses dilakukan pada tegangan 50 volt selama 17-20 menit. Setelah proses selesai, gel diamati menggunakan UV transilluminator dan gel documentation system untuk melihat pita DNA.

Data sekuensing (file *ab1 forward* dan *reverse*) diedit menggunakan GeneStudio dan DNASTAR. Konsensus sekuen dianalisis dengan *Nucleotide BLAST* (NCBI) untuk identifikasi spesies. Pensejajaran dilakukan dengan MESQUITE dan diubah ke format FASTA untuk analisis di MEGA11. Estimasi jarak genetik dihitung dengan model Kimura 2-parameter, sedangkan pohon filogeni direkonstruksi menggunakan metode Neighbor-Joining, Maximum Likelihood (MEGA11).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Tiga sampel gen mitokondria *COI* *Apis dorsata* dari Desa Jononunu, Parigi Tengah, Sulawesi Tengah berhasil diamplifikasi menggunakan PCR dengan primer LCO1490 (*forward*) dan HCO2198 (*reverse*). Elektroforesis menunjukkan fragmen sekitar 650 bp. Hasil elektroforesis gen mitokondria *COI* *A. dorsata* dapat dilihat pada Gambar 2.



Gambar 2. Hasil amplifikasi gen mitokondria *COI* (sampel Ad adalah *A. dorsata* dari Desa Jononunu, Kecamatan Parigi Tengah, Kabupaten Parigi Moutong, Sulawesi Tengah, dan M adalah penanda (*marker*))

Hasil sekuen dianalisis menggunakan nucleotide BLAST (NCBI) untuk menentukan nilai similaritas dan *query cover* dengan data di *GenBank*. Hasil analisis *online nucleotide BLAST* yang digunakan disajikan pada Tabel 1.

Tabel 1. Hasil analisis BLAST sekuen gen mitokondria *COI A. dorsata* Sulawesi Tengah dengan database *GenBank* Sulawesi Tengah

Kode	BLAST		Accession Number <i>GenBank</i>	Verifikasi spesies	Lokasi
	% Identity	% Query cover			
ADST.01	99,17	100	KJ513470.1	<i>Apis dorsata</i>	Sulawesi Tengah
ADST.02	98,20	100	KJ513470.1	<i>Apis dorsata</i>	Sulawesi Tengah
ADST.03	98,47	100	KJ513470.1	<i>Apis dorsata</i>	Sulawesi Tengah

Analisis BLAST gen mitokondria *COI Apis dorsata* dari Sulawesi Tengah menunjukkan tingkat similaritas 98-100% dengan data di *GenBank*. Nilai similaritas ini digunakan untuk mengidentifikasi spesies berdasarkan kemiripan susunan nukleotida (Pangsuma & Hidayat, 2023). Berdasarkan hasil analisis, sampel yang diteliti teridentifikasi sebagai *Apis dorsata*.

Variasi Genetik Sekuen *Apis dorsata*

Analisis genetik *Apis dorsata* menunjukkan *Haplotype Diversity* (Hd) $1,000 \pm 0,052$ dengan 9 haplotipe dan *Nucleotide Diversity* (π) $0,4764 \pm 0,00613$, menandakan keragaman nukleotida yang tinggi. Ditemukan 48 *variabel site* dan 37 *parsimony site*. Polimorfisme intraspesies ditampilkan pada Tabel 2.

Tabel 2. Variasi genetik intraspesies antar sampel *Apis dorsata* dengan *Apis dorsata* dari *GenBank* berdasarkan gen mitokondria *COI*

Kode Sampel	bp	Jumlah Individu	Jumlah Haplotype	Variabel site	Parsimony Site	Haplotype Diversity (Hd)	Nucleotide Diversity (π)
ADST.01 ADST.02 ADST.03 KJ513470.1 MF804563.1 KY072607.1 OP435372.1 KY835209.1 KU752355.1	471	9	9	48	37	$1,000 \pm 0,052$	$0,04764 \pm 0,00613$

Variasi genetik yang tinggi dipengaruhi oleh mutasi, migrasi, dan perkawinan acak (Nabilla, 2024). Nilai *haplotype diversity* (Hd) $< 0,5$ menunjukkan keragaman rendah, sedangkan Hd $> 0,5$ hingga ≤ 1 menunjukkan keragaman tinggi. Populasi *A. dorsata* memiliki variasi genetik yang tinggi, mencerminkan keragaman yang besar.

Komposisi Nukleotida

Nukleotida adalah monomer asam nukleat yang terdiri dari gula pentosa, gugus fosfat, dan basa nitrogen. Basa nitrogen terbagi menjadi purin (Adenin dan Guanin) serta pirimidin (Timin dan Sitosin) (Nufus *et al.*, 2023). Komposisi nukleotida *A. dorsata* terdiri dari yaitu (T) 41,32%, (C) 16,08%, (A) 33,82%, dan (G) 8,78%. Pasangan basa nukleotida A+T mempunyai kandungan nukleotida 75,14% sedangkan G+C 24,86%. Komposisi nukleotida untuk setiap sampel dapat dilihat pada Tabel 3.

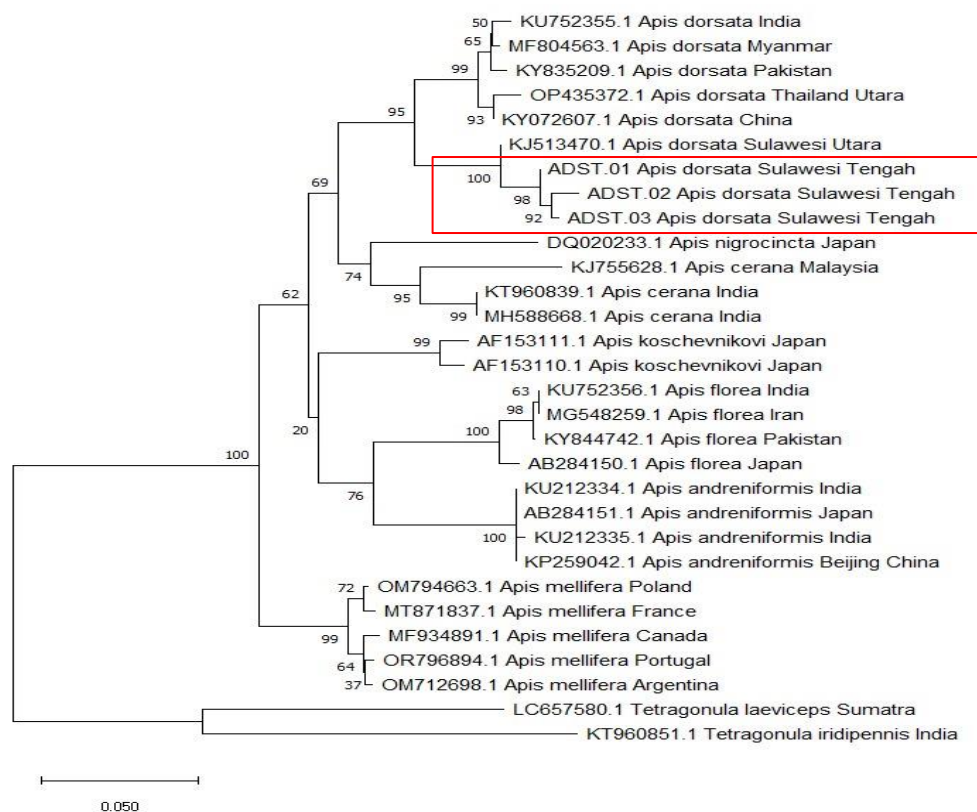
Tabel 3. Komposisi nukleotida gen mitokondria *COI Apis dorsata*

Kode	T(U)	C	A	G	A+T	G+C	Lokasi	Referensi
ADST.01	40,35	16,43	34,29	8,93	74,64	25,36	Sulawesi Tengah	Data Penelitian
ADST.03	40,63	16,14	34,01	9,22	74,60	25,36	Sulawesi Tengah	Data Penelitian

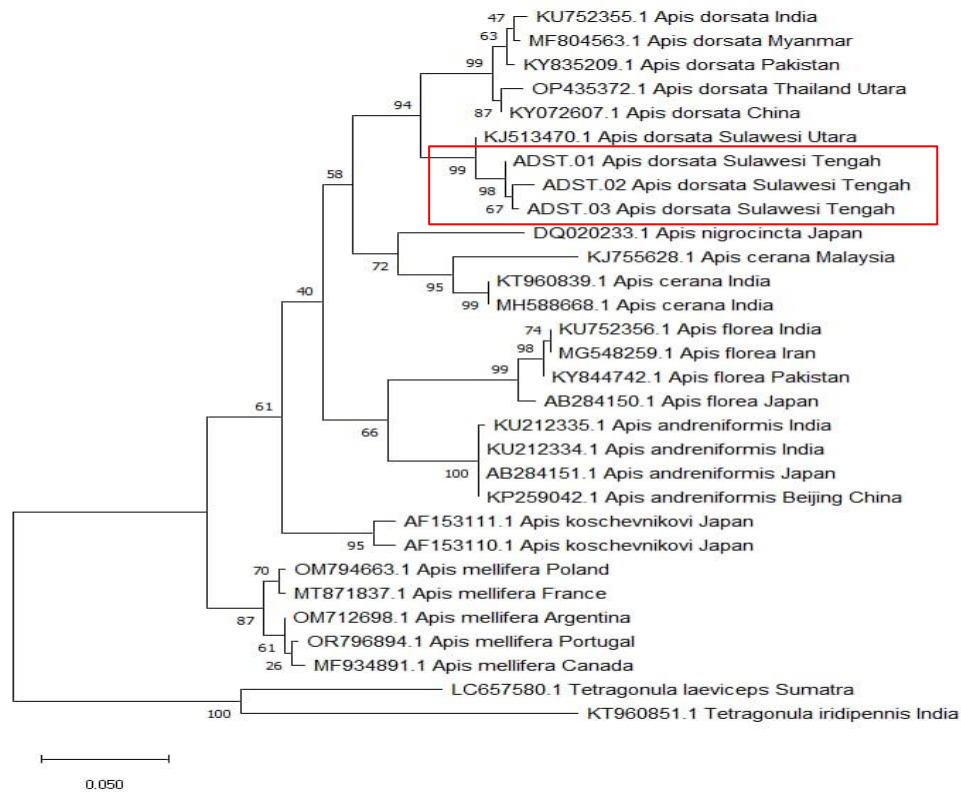
Kode	T(U)	C	A	G	A+T	G+C	Lokasi	Referensi
ADST.02	40,06	16,14	34,29	9,51	74,35	25,65	Sulawesi Tengah	Data Penelitian
KJ513470.1	40,06	16,14	34,58	8,65	74,64	24,78	Sulawesi Utara	Niode et al. (2023)
MF804563.1	42,65	15,85	33,14	8,36	75,79	24,21	Myanmar	Parker (2019)
KY072607.1	42,07	15,85	33,43	8,65	75,50	24,50	Yunnan china	Liu et al., (2017)
OP435372.1	41,21	15,85	34,01	8,93	75,22	24,78	Thailand utara	Sopaladawan et al (2018)
KY835209.1	42,20	16,18	32,95	8,67	75,14	24,86	Pakistan	Ali et al., (2021)
KU752355.1	42,07	16,14	33,72	8,07	75,79	24,21	India	Baskaran (2016)
Rata- rata	41,32	16,08	33,82	8,78	75,14	24,86		

Pohon Filogenetik dan Jarak Genetik

Pohon filogenetik direkonstruksi menggunakan MEGA 11 dengan metode *Neighbor-Joining* (NJ) dan *Maximum Likelihood* (ML), serta model evolusi *Kimura 2-Parameter* dengan bootstrap 10.000 kali. Analisis menggunakan 30 sekuen *COI*, termasuk tiga sekuen *A. dorsata* dari Sulawesi Tengah ditambah dengan sekuen DNA yang diambil dari *GeneBank* dan outgroup *Tetragonula laeviceps* serta *Tetragonula iridipennis*. Analisis filogenetik berdasarkan metode *Neighbour-Joining* dapat dilihat pada Gambar 3 dan berdasarkan metode *Maximum Likelihood* dapat dilihat pada Gambar 4.



Gambar 3. Pohon filogenetik menggunakan metode Neighbor-Joining (NJ) dengan model Kimura 2-Parameter, bootstrap 10.000x.



Gambar 4. Pohon filogenetik menggunakan metode Maximum Likelihood dengan model Kimura 2-Parameter, bootstrap 10.000x.

Rekonstruksi pohon filogenetik dengan metode *Neighbor-Joining* (NJ) dan *Maximum Likelihood* (ML) menunjukkan topologi yang sama, dengan perbedaan nilai bootstrap yang tidak signifikan. Analisis filogenetik spesies *Apis* dan outgroup (*T. laeviceps* dan *T. iridipennis*) menunjukkan bahwa *A. dorsata* dari Sulawesi Tengah membentuk kelompok tersendiri, sementara *A. dorsata* dari negara lain berada dalam satu klaster internal. Outgroup membentuk percabangan terpisah. Topologi pohon yang dihasilkan bersifat monofiletik, menunjukkan hubungan kekerabatan erat dalam satu garis keturunan. Pernyataan tersebut sesuai dengan pohon filogenetik *Apis dorsata* yang terbentuk.

Tabel 4. Jarak genetik gen mitokondria *COI* *Apis dorsata*

	ADST.01_Apis_dorsata_Sulawesi_Tengah	ADST.03_Apis_dorsata_Sulawesi_Tengah	ADST.02_Apis_dorsata_Sulawesi_Tengah	KJ513470.1_Apis_dorsata_Sulawesi_Utara	MF804563.1_Apis_dorsata_Myanmar	KY072607.1_Apis_dorsata_China	OP43372.1_Apis_dorsata_Thailand_Utara	KY835209.1_Apis_dorsata_Pakistan	KU752355.1_Apis_dorsata_India	OR796894.1_Apis_mellifera_Portugal	OM712698.1_Apis_mellifera_Argentina	OM794663.1_Apis_mellifera_Poland	MT871837.1_Apis_mellifera_France	MF934891.1_Apis_mellifera_Canada	ON667720.1_Apis_cerana_China	MH670656.1_Apis_cerana_China	MH586668.1_Apis_cerana_India	KT960839.1_Apis_cerana_India	KJ755623.1_Apis_cerana_Malaysia	KY834222.1_Apis_nigrocincta_Canada	MG548259.1_Apis_florea_Iran	KY844742.1_Apis_florea_Pakistan	KU752356.1_Apis_florea_India	AB284150.1_Apis_florea_Japan	KU212335.1_Apis_andreniformis_India	KU212334.1_Apis_andreniformis_India	KP259042.1_Apis_andreniformis_Beijing_China	DQ020233.1_Apis_nigrocincta_Japan	AF153111.1_Apis_koschevnikovi_Japan	AF153110.1_Apis_koschevnikovi_Japan	AB284151.1_Apis_andreniformis_Japan	LC657580.1_Tetragonula_laeiceps_Sumat	KT960851.1_Tetragonula_lirdipennis_India
ADST.01_Apis_dorsata_Sulawesi_Tengah																																	
ADST.03_Apis_dorsata_Sulawesi_Tengah	0.6%																																
ADST.02_Apis_dorsata_Sulawesi_Tengah	1.2%	1.2%																															
KJ513470.1_Apis_dorsata_Sulawesi_Utara	1.2%	1.8%	2.3%																														
MF804563.1_Apis_dorsata_Myanmar	6.3%	7.0%	7.6%	5.1%																													
KY072607.1_Apis_dorsata_China	6.6%	7.3%	7.9%	5.4%	1.5%																												
OP43372.1_Apis_dorsata_Thailand_Utara	7.3%	7.9%	8.5%	6.0%	2.3%	0.9%																											
KY835209.1_Apis_dorsata_Pakistan	7.0%	7.6%	8.3%	5.7%	0.9%	1.2%	2.1%																										
KU752355.1_Apis_dorsata_India	7.0%	7.6%	8.2%	5.7%	0.9%	1.8%	2.6%	1.2%																									
OR796894.1_Apis_mellifera_Portugal	13.2%	13.9%	14.6%	11.8%	10.8%	10.2%	11.2%	10.9%	11.2%																								
OM712698.1_Apis_mellifera_Argentina	12.5%	13.2%	13.9%	11.2%	10.2%	10.2%	11.2%	10.2%	10.5%	0.6%																							
OM794663.1_Apis_mellifera_Poland	12.5%	13.2%	13.9%	11.2%	10.8%	10.2%	11.2%	10.9%	11.2%	1.2%	1.8%																						
MT871837.1_Apis_mellifera_France	12.5%	13.2%	13.9%	11.2%	10.8%	10.2%	11.2%	10.9%	10.8%	1.8%	1.8%	0.6%																					
MF934891.1_Apis_mellifera_Canada	12.9%	13.6%	14.2%	11.5%	10.5%	10.5%	11.5%	10.5%	10.8%	0.9%	0.9%	1.5%	2.0%																				
ON667720.1_Apis_cerana_China	100.7%	99.6%	102.9%	96.3%	92.2%	94.2%	96.3%	93.7%	90.3%	97.4%	95.2%	97.4%	95.2%	96.3%																			
MH670656.1_Apis_cerana_China	101.9%	100.7%	104.1%	97.4%	93.2%	95.2%	97.4%	94.8%	91.2%	98.5%	96.3%	98.4%	96.3%	97.4%	0.3%																		
MH586668.1_Apis_cerana_India	10.2%	10.8%	11.5%	9.5%	10.2%	9.9%	10.5%	10.2%	10.2%	10.5%	9.8%	11.2%	10.5%	10.8%	98.5%	99.7%																	
KT960839.1_Apis_cerana_India	10.2%	10.8%	11.5%	9.5%	10.2%	9.9%	10.5%	10.2%	10.2%	10.5%	9.8%	11.2%	10.5%	10.8%	98.5%	99.7%	0.0%																
KJ755623.1_Apis_cerana_Malaysia	14.0%	14.7%	15.4%	13.2%	12.5%	12.9%	13.9%	12.6%	12.6%	13.2%	12.5%	13.9%	13.2%	12.9%	96.5%	97.6%	6.3%	6.3%															
KY834222.1_Apis_nigrocincta_Canada	10.2%	10.8%	11.5%	9.5%	10.2%	9.9%	10.5%	10.2%	10.2%	10.5%	9.8%	11.2%	10.5%	10.8%	98.5%	99.7%	0.0%	0.0%	6.3%														
MG548259.1_Apis_florea_Iran	15.3%	16.0%	16.4%	13.9%	14.3%	14.6%	15.7%	15.0%	15.0%	12.9%	12.5%	12.9%	12.5%	12.5%	93.2%	94.2%	11.5%	11.5%	15.0%	11.5%													
KY844742.1_Apis_florea_Pakistan	15.6%	16.4%	16.7%	14.3%	14.6%	14.9%	16.0%	15.3%	15.3%	12.5%	12.2%	12.5%	12.2%	12.2%	94.2%	95.3%	11.2%	11.2%	14.6%	11.2%	0.3%												
KU752356.1_Apis_florea_India	15.3%	16.0%	16.4%	13.9%	14.3%	14.6%	15.7%	15.0%	15.0%	12.9%	12.5%	12.9%	12.5%	12.5%	93.2%	94.2%	11.5%	11.5%	15.0%	11.5%	0.0%	0.3%											
AB284150.1_Apis_florea_Japan	14.9%	15.6%	16.0%	13.6%	13.9%	13.6%	14.6%	14.6%	14.6%	11.8%	12.2%	11.9%	11.5%	12.2%	96.3%	97.4%	10.5%	10.5%	13.9%	10.5%	2.0%	1.8%	2.0%										
KU212335.1_Apis_andreniformis_India	13.2%	13.9%	14.2%	11.9%	11.9%	12.2%	13.2%	12.9%	12.5%	13.6%	12.9%	12.9%	12.2%	13.2%	94.2%	95.3%	12.2%	12.2%	14.6%	12.2%	9.8%	9.5%	9.8%	9.8%									
KU212334.1_Apis_andreniformis_India	12.9%	13.5%	13.9%	11.5%	11.5%	11.8%	12.9%	12.6%	12.2%	13.2%	12.5%	12.5%	11.9%	12.9%	93.2%	94.2%	11.8%	11.8%	14.2%	11.8%	9.5%	9.2%	9.5%	9.5%	0.3%								
KP259042.1_Apis_andreniformis_Beijing_China	12.9%	13.5%	13.9%	11.5%	11.5%	11.8%	12.9%	12.6%	12.2%	13.2%	12.5%	12.5%	11.9%	12.9%	93.2%	94.2%	11.8%	11.8%	14.2%	11.8%	9.5%	9.2%	9.5%	9.5%	0.3%	0.0%							
DQ020233.1_Apis_nigrocincta_Japan	10.5%	11.2%	11.5%	9.8%	12.6%	12.6%	13.2%	13.3%	13.2%	12.2%	11.5%	12.9%	12.9%	12.5%	103.0%	104.3%	8.6%	8.6%	11.6%	8.6%	13.6%	13.2%	13.6%	13.9%	12.5%	12.2%	12.2%						
AF153111.1_Apis_koschevnikovi_Japan	12.9%	13.6%	14.2%	11.5%	11.5%	11.2%	12.2%	11.9%	11.8%	11.2%	10.5%	10.5%	10.5%	10.2%	92.2%	93.3%	9.8%	9.8%	12.5%	9.8%	12.5%	12.2%	12.5%	11.2%	10.8%	10.5%	10.5%	13.9%					
AF153110.1_Apis_koschevnikovi_Japan	12.5%	13.2%	13.9%	11.2%	11.5%	10.5%	11.5%	11.9%	11.8%	10.5%	10.5%	9.8%	9.8%	10.8%	94.3%	95.3%	10.5%	10.5%	13.6%	10.5%	12.9%	12.5%	12.9%	10.9%	11.2%	10.8%	10.8%	13.6%	1.8%				
AB284151.1_Apis_andreniformis_Japan	12.9%	13.5%	13.9%	11.5%	11.5%	11.8%	12.9%	12.6%	12.2%	13.2%	12.5%	12.5%	11.9%	12.9%	93.2%	94.2%	11.8%	11.8%	14.2%	11.8%	9.5%	9.2%	9.5%	9.5%	0.3%	0.0%	0.0%	12.2%	10.5%	10.8%			
LC657580.1_Tetragonula_laeiceps_Sumatra	33.6%	34.1%	35.0%	31.8%	34.1%	33.2%	34.1%	34.2%	34.6%	25.5%	25.5%	25.5%	25.5%	25.9%	104.6%	105.9%	31.9%	31.9%	34.6%	31.9%	31.1%	31.5%	31.1%	30.6%	30.6%	30.2%	30.2%	31.5%	30.7%	28.0%	30.2%		
KT960851.1_Tetragonula_indipennis_India	36.0%	36.5%	37.4%	34.1%	34.5%	33.2%	34.5%	34.2%	34.6%	31.0%	30.6%	31.0%	30.6%	31.4%	103.2%	104.5%	34.3%	34.3%	35.7%	34.3%	33.3%	33.8%	33.8%	31.5%	31.0%	31.0%	37.5%	31.5%	30.7%	31.0%	21.5%		

Analisis jarak genetik menunjukkan bahwa *A. dorsata* dari Sulawesi Tengah memiliki jarak genetik 0,6% – 2,3% terhadap populasi *A. dorsata* lainnya, serta 21,5% – 36,0% terhadap spesies *Tetragonula*, mengonfirmasi perbedaan spesies. Dengan ambang batas empiris 3% (Zhang & Bu, 2022). Populasi dari Sulawesi Tengah masih termasuk dalam spesies *A. dorsata*.

KESIMPULAN

Analisis filogenetik dengan metode *Neighbor-Joining* (NJ) dan *Maximum Likelihood* (ML) menghasilkan pohon filogenetik yang menunjukkan hubungan evolusi yang jelas. *Apis dorsata* dari Sulawesi Tengah lebih dekat kekerabatannya dengan spesies *Apis dorsata* lain dalam satu klaster internal, sementara spesies lainnya terpisah. Hasil penelitian menunjukkan pola kekerabatan yang jelas antar populasi *Apis dorsata*.

REKOMENDASI

Disarankan agar penelitian selanjutnya memperluas cakupan sampel di Asia Tenggara dan Asia Selatan guna memperoleh data yang lebih representatif mengenai variasi genetik dan hubungan kekerabatan antar populasi *Apis dorsata*, serta mendukung upaya konservasi dan pemeliharaan keanekaragaman hayati.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kepada pembimbing, tim peneliti, serta semua pihak yang telah memberikan dukungan, baik berupa bimbingan, fasilitas, maupun motivasi. Yang telah membantu dalam menyelesaikan penelitian yang berjudul "Analisis Filogenetik *Apis dorsata* (Fabricius, 1793) Berdasarkan Gen *Cytochrome Oxidase I* (COI)".

DAFTAR PUSTAKA

- Ali, H., Iqbal, J., Raweh, H. S., & Alqarni, A. S. (2021). Proboscis behavioral response of four honey bee *Apis* species towards different concentrations of sucrose, glucose, and fructose. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 28(6), 3275-3283. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2021.02.069>
- Baskaran, M. (2016). Variations in the CO-I and CO-II regions of mtDNA of the Indian honeybee *Apis cerana indica* (Farb.) in Tamil Nadu. *Bulletin of Pure & Applied Sciences-Zoology*, 35(1), 21-29. <https://doi.org/10.5958/2320-3188.2016.00004.8>
- Bovo, S., Utzeri, V. J., Ribani, A., Cabbri, R., & Fontanesi, L. (2020). Shotgun sequencing of honey DNA can describe honey bee derived environmental signatures and the honey bee hologenome complexity. *Scientific Reports*, 10(1), 1–17. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-66127-1>
- Choiriyah, C. H. U. M. A. I. D. A. T. U. L. (2020). Optimasi amplifikasi ITS rDNA khamir menggunakan metode PCR yang diisolasi dari sarang lebah madu raksasa (*Apis dorsata*). *UINSA Digital Library*. <http://digilib.uinsa.ac.id/id/eprint/42973>
- Ferdyan, R., Sumarmin, R., & Putri, D. H. (2021). Perbandingan sumber pakan dan strategi pemberian pakan *Apis cerana* dengan Apidae lainnya: A review. *Bio-Lectura: Jurnal Pendidikan Biologi*, 8(1), 37-44. <https://doi.org/10.31849/bl.v8i1.6484>
- Hasam, S., Qarizada, D., & Azizi, M. (2020). A review: Honey and its nutritional composition. *Asian Journal of Research in Biochemistry*, 7(3), 34–43. <https://doi.org/10.9734/ajrb/2020/v7i330142>
- Iwasaki, J. M., & Hogendoorn, K. (2021). How protection of honey bees can help and hinder bee conservation. *Current Opinion in Insect Science*, 46, 112–118.
- Lamerkabel, J. S. A., Rumthe, R. Y., & Sarkol, M. E. (2023). Species diversity and nesting descriptions of stingless bees (Apidae; Meliponini) on Ambon Island. *Jurnal Budidaya Pertanian*, 19(1), 79–86. <https://doi.org/10.30598/jbdp.2023.19.1.79>
- Li, H. Y., Luo, A. C., Hao, Y. J., Dou, F. Y., Kou, R. M., Orr, M. C., Zhu, C. D., & Huang, D. Y. (2021). Comparison of the pollination efficiency of *Apis cerana* with wild bees in oil-seed camellia fields. *Basic and Applied Ecology*, 56, 250–258. <https://doi.org/10.1016/j.baae.2021.08.005>
- Liu, F., Shi, T., Yin, W., Su, X., Qi, L., Huang, Z. Y., ... & Yu, L. (2017). The microRNA ame-miR-279a regulates sucrose responsiveness of forager honey bees (*Apis mellifera*). *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 90, 34-42. <https://doi.org/10.1016/j.ibmb.2017.09.008>
- Mamuaya, T., Samuel, M. Y., & Christine, A. C. (2024). Morphology, morphometry and analysis of the CO1 gene *in silico* *Apis dorsata binghami* from Southeast Minahasa. *Jurnal Pendidikan Tambusai*, 8, 8777–8785. <https://doi.org/10.31004/jptam.v8i1.13716>
- Moradi, H., Khanahmad, H., Hosseini, M., & Rahimmanesh, I. (2017). SmtDNA: A Geant4-DNA user application for evaluating radiation-induced damage in

- supercoiled mitochondrial DNA. *Journal of Biomedical Physics & Engineering*, 1(6), 1-12.
- Nabilla, M. (2024). Analisis jurnal variasi genetik makhluk hidup eukariotik. *Jurnal Multidisiplin Ilmu Akademik*, 1(3), 861-871. <https://doi.org/10.61722/jmia.v1i3.1798>
- Niode, N. J., Adji, A., Rimbing, J., Tulung, M., Takahashi, J. I., Idroes, R., & Tallei, T. E. (2023, May). Genetic diversity analysis of *Apis dorsata* (Hymenoptera: Apidae) based on cytochrome C oxidase subunit I gene sequences. *AIP Conference Proceedings*, 2480(1). AIP Publishing. <https://doi.org/10.1063/5.0103887>
- Nufus, L. S., Andayani, D., & Pahmi, K. (2023). Isolasi asam nukleat dari tanaman brokoli (*Brassica oleracea* L.). *Jurnal Ilmu Kesehatan dan Farmasi*, 11(2), 53-55. <https://doi.org/10.51673/jikf.v11i2.2038>
- Pangsuma, N., & Hidayat, T. (2023). The urgency of understanding taxonomy in learning biology. *BIODIK*, 9(4), 95-110. <https://doi.org/10.22437/biodik.v9i4.31092>
- Parker, C., Bernaola, L., Lee, B. W., Elmquist, D., Cohen, A., Marshall, A., ... & Tussey, D. (2019). Entomology in the 21st century: Tackling insect invasions, promoting advancements in technology, and using effective science communication—2018 student debates. *Journal of Insect Science*, 19(4), 4. <https://doi.org/10.1093/jisesa/iez069>
- Semuel, M. Y., Wurarah, M., & Tuegeh, R. S. (2022). Antagonistic and antibacterial activity of *Staphylococcus aureus* and isolates of oral bacteria from the endogenous fungus *Apis dorsata binghami* nest. *Jurnal Pembelajaran dan Biologi Nukleus (JPBN)*, 8(2), 273-283. <https://doi.org/10.36987/jpbn.v8i2.2739>
- Shakya, M., Ahmed, S. A., Davenport, K. W., Flynn, M. C., Lo, C. C., & Chain, P. S. G. (2020). Standardized phylogenetic and molecular evolutionary analysis applied to species across the microbial tree of life. *Scientific Reports*, 10(1), 1–15. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-58356-1>
- Sopaladawan, P. N., Buala, S., & Pramual, P. (2024). Genetic diversity, genetic structure, and demographic history of giant honeybee *Apis dorsata* Fabricius, 1793 (Hymenoptera: Apidae) in Thailand. *Tropical Natural History*, 24, 230-238. <https://doi.org/10.58837/tnh.24.1.264542>
- Subari, A., Razak, A., & Sumarmin, R. (2021). Phylogenetic analysis of *Rasbora* spp. based on the mitochondrial DNA COI gene in Harapan Forest. *Jurnal Biologi Tropis*, 21(1), 89–94. <https://doi.org/10.29303/JBT.V21i1.2351>
- Zhang, H., & Bu, W. (2022). Exploring large-scale patterns of genetic variation in the COI gene among *Insecta*: Implications for DNA barcoding and threshold-based species delimitation studies. *Insects*, 13(5), 425. <https://doi.org/10.3390/insects13050425>