

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

VARIASI DNA MITOKONDRIA LEBAH MADU HUTAN *Apis dorsata* ASAL KEPULAUAN INDONESIA

AULIA SAVIRA



PROGRAM STUDI BIOSAINS HEWAN
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2025

PERNYATAAN MENGENAI TESIS DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa tesis dengan judul “Variasi DNA Mitokondria Lebah Madu Hutan *Apis dorsata* Asal Kepulauan Indonesia” adalah karya saya dengan arahan dari dosen pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apa pun kepada perguruan tinggi mana pun. Sumber informasi yang berasal atau dikutip dari karya yang diterbitkan maupun tidak diterbitkan dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan dicantumkan dalam Daftar Pustaka di bagian akhir tesis ini.

Dengan ini saya melimpahkan hak cipta dari karya tulis saya kepada Institut Pertanian Bogor.

Bogor, Juni 2025

Aulia Savira
G3502231017



RINGKASAN

AULIA SAVIRA. Variasi DNA Mitokondria Lebah Madu Hutan *Apis dorsata* Asal Kepulauan Indonesia. Dibimbing oleh RIKA RAFFIUDIN dan WINDRA PRIAWANDIPUTRA.

Asia memiliki sejarah geologi dan biogeografi yang kompleks. Pengaruh pergeseran lempeng tektonik, perubahan iklim global, dan fluktuasi muka laut berperan dalam sejarah geologi dan biogeografi Asia. Indonesia sebagai salah satu negara di Asia terletak di zona konvergensi tiga lempeng utama dunia (Eurasia, Indo-Australia, dan Pasifik). Indonesia terbagi menjadi tiga wilayah biogeografi utama, yaitu Paparan Sunda, Wallacea, dan Paparan Sahul. Wilayah Wallacea diketahui memiliki tingkat endemisme yang tinggi akibat isolasi geografis antara dua paparan besar.

Salah satu fauna yang mencerminkan dinamika biogeografi ini adalah lebah madu hutan *Apis dorsata* yang tersebar luas di Asia. Spesies ini ditemukan dari wilayah barat (Paparan Sunda) hingga timur (Kepulauan Kei). Dua dari tiga subspecies *A. dorsata* yang ada di dunia dapat dijumpai di Indonesia. *Apis dorsata dorsata* tersebar luas kecuali di Sulawesi. Subspecies lainnya *A. dorsata binghami* merupakan lebah madu hutan endemik Sulawesi dan sekitarnya. Keduanya dapat dibedakan secara morfologi serta memiliki perbedaan genetik yang dapat diungkap melalui analisis DNA mitokondria (DNA mt). Studi molekuler menunjukkan adanya variasi genetik yang tinggi terutama di wilayah-wilayah yang terisolasi secara geografis. Empat garis keturunan *A. dorsata* telah terungkap sebelumnya. Hasil tersebut belum menjelaskan keanekaragaman genetik di kawasan Indonesia khususnya Paparan Sunda, Sunda Kecil, dan Sulawesi yang diperkirakan menyimpan haplotipe spesifik yang penting dalam konservasi dan pemahaman evolusi spesies ini. Oleh karena itu, tujuan penelitian ini adalah menganalisis variasi genetik *A. dorsata* asal Kepulauan Indonesia menggunakan gen *cytochrome c oxidase* subunit 1 (COI), *cytochrome c oxidase* subunit 2 (COII), dan daerah *non-coding intergenic spacer* (igs) COI/COII DNA mt.

Tiga puluh satu koloni *A. d. dorsata* dan dua koloni *A. d. binghami* yang digunakan merupakan koleksi tim Prof. Dr. Rika Raffiudin dari sembilan provinsi pada delapan pulau. DNA diekstrak berdasarkan protokol *Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide* (CTAB) yang telah dimodifikasi. DNA diamplifikasi dengan PCR dan dilanjutkan proses sekuen DNA dengan gen target COI dan igs-COII. Hasil sekuen dianalisis menggunakan BLAST-N, DnaSP 5.1, Network versi 10.2.0.0, Genetyx Win versi 4.0, dan MEGA X.

Hasil sekuen gen COI, COII, dan igs berturut-turut adalah 635, 445, dan 24-25 pb. Sekuen tersebut telah didepositkan pada GenBank dengan nomor akses COI (LC830603-LC830668) dan igs-COII (LC845062-LC845127). Tiga puluh tiga, 37, dan satu mutasi insersi/delesi berturut-turut terjadi pada *A. dorsata* asal Kepulauan Indonesia berdasarkan gen COI, COII, dan igs. Variasi tersebut membentuk 14 haplotipe COI dan 15 haplotipe COII yang 13 diantaranya merupakan haplotipe baru. Haplotipe Sumatra1 merupakan haplotipe umum *A. dorsata* Indonesia yang dominan ditemukan di wilayah Paparan Sunda khususnya Sumatra. Wilayah Wallacea (Sunda Kecil dan Sulawesi) cenderung membentuk haplotipe spesifik setiap pulau sehingga jarang ditemukan haplotipe umum pada kawasan tersebut.

Subspesies endemik Sulawesi, *A. d. binghami*, menunjukkan satu haplotipe spesifik COI dan tiga pada COII dengan tingkat variasi nukleotida yang tinggi. Variasi insersi/delesi sekuen igs ditemukan pada subspesies asal Sulawesi. Variasi tersebut dapat menjadi pembeda antara *A. d. dorsata* dan *A. d. binghami*.

Variasi nukleotida juga dapat menyebabkan perubahan asam amino. Variasi yang terjadi pada haplotipe Sumatra2 menyebabkan satu-satunya perubahan asam amino gen COI *A. dorsata*. Berdasarkan gen COII, ditemukan 24 perubahan asam amino pada *A. dorsata* dan sembilan diantaranya milik subspesies *A. d. binghami*. Penelitian ini menemukan dua variasi nukleotida spesifik *A. d. binghami* yang menyebabkan perubahan asam amino. Variasi tersebut dapat menjadi penanda molekuler bagi *A. d. binghami*.

Apis dorsata asal Paparan Sunda menunjukkan keanekaragaman dan diferensiasi genetik yang lebih rendah dibandingkan lebah madu hutan lainnya asal Sunda Kecil dan Sulawesi. Hal ini ditunjukkan dari rendahnya ragam nukleotida (JT) dan haplotipe (Hd) terutama pada populasi dari Belitung dan Jawa. Menariknya, lebah asal Sumatra Selatan menunjukkan keragaman tertinggi karena dijumpai haplotipe spesifik di setiap lokasi koloni.

Analisis *fixation index* (F_{ST}) juga menunjukkan diferensiasi genetik yang rendah pada *A. dorsata* asal Paparan Sunda dibandingkan wilayah Wallacea. Beberapa populasi seperti Jambi dan Belitung bahkan menunjukkan homogenitas genetik (F_{ST} negatif). Namun, wilayah Sunda Kecil dan Sulawesi menunjukkan tingkat diferensiasi yang lebih tinggi.

Analisis *Median-Joining Network* (MJ network) dan filogenetik *Maximum Likelihood* (ML) berdasarkan gen COI, COII, dan gabungan COI-igs-COII *A. dorsata* menunjukkan hasil yang konsisten. Hasil ini mengidentifikasi tiga kelompok utama lebah madu hutan asal Indonesia berdasarkan geografinya: (a) *A. d. dorsata* Paparan Sunda (Sumatra, Belitung, Jawa, dan Lombok); (b) *A. d. dorsata* Sunda Kecil (Sumbawa, Flores, Sermata-Maluku Barat Daya); serta (c) *A. d. binghami* Sulawesi yang menempati posisi basal dari lebah madu hutan lainnya. Hal tersebut menunjukkan status evolusioner *A. d. binghami* yang lebih terpisah.

Haplotipe Sumatra1 teridentifikasi sebagai nenek moyang (haplotipe leluhur) yang menyebar ke wilayah lain. Populasi asal Sunda Kecil dan Sulawesi membentuk kelompok terpisah dari Paparan Sunda. Temuan ini memperkuat hipotesis adanya isolasi geografis, diferensiasi evolusioner, serta kemungkinan spesiasi di Kawasan Wallacea.

Penelitian ini berhasil membentuk *database* dan menunjukkan bahwa penggunaan gen COI, COII, dan igs DNA mt dapat mengungkap tiga kelompok genetik serta asal-usul nenek moyang persebaran lebah madu hutan yang ada di Indonesia. Hasil ini dapat berkontribusi pada pemahaman sistematika yang lebih akurat dan memberi dasar ilmiah bagi pengembangan strategi konservasi spesies endemik yang adaptif terhadap ekologis lokal. Penelitian selanjutnya disarankan untuk mencakup penambahan lokasi sampling dan koloni dari wilayah-wilayah lain seperti Kalimantan, Bali, Lombok, dan Maluku serta mengintegrasikan pendekatan analisis *whole genome* untuk memperoleh resolusi genetik yang lebih tinggi pada *A. dorsata* asal Kepulauan Indonesia.

Kata kunci: *Apis dorsata binghami*, Haplotipe spesifik, *Median-Joining network*, Paparan Sunda, Sunda Kecil



SUMMARY

AULIA SAVIRA. Mitochondrial DNA Variation of the Forest Honey Bee *Apis dorsata* from the Indonesian Archipelago. Supervised by RIKA RAFFIUDIN and WINDRA PRIAWANDIPUTRA

Asia possesses a complex geological and biogeographic history. The Asia evolution is shaped by tectonic plate movements, global climate change, and sea-level fluctuations. Indonesia situated at the convergence of three major tectonic plates (Eurasian, Indo-Australian, and Pacific) represents a key region in this dynamic context. Biogeographically, Indonesia is divided into three major zones: Sunda Shelf, Wallacea, and Sahul Shelf. The Wallacea region is particularly known for the high level of endemism caused by geographic isolation between the two shelves.

One species that reflects this biogeographic complexity is the forest honey bee *Apis dorsata*, which is widely distributed across Asia. This species spans from the western (Sundaland) to the eastern region (Kei Islands) of Indonesia. Two of the three subspecies of *A. dorsata* are found in Indonesia: *Apis dorsata dorsata* and *A. d. binghami*. *Apis d. dorsata* is widely distributed except in Sulawesi and *A. d. binghami* is an endemic subspecies found only in Sulawesi and adjacent islands. These subspecies can be distinguished based on morphological and genetic characteristics. Molecular studies have revealed high genetic variation, particularly in geographically isolated populations. Although four lineages of *A. dorsata* have been identified, the genetic diversity within Indonesia, especially across the Sundaland, Lesser Sunda Islands, and Sulawesi, remains unrevealed. These regions are likely to harbor specific haplotypes crucial for conservation and evolutionary studies. Therefore, this study aimed to analyze the genetic variation of *A. dorsata* from the Indonesian Archipelago using mitochondrial DNA markers *cytochrome c oxidase* subunit 1 (COI), *cytochrome c oxidase* subunit 2 (COII), and *non-coding region intergenic spacer* (igs) COI/COII

A total of 31 colonies of *A. d. dorsata* and two colonies of *A. d. binghami* collected from nine provinces across eight islands were included in this study. These samples are collections of Prof. Dr. Rika Raffiudin. DNA extraction using a modified Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide (CTAB) protocol. The DNA was amplified for COI and igs-regions and followed by sequencing. Sequences data were analyzed using BLAST-N, DnaSP 5.1, network versi 10.2.0.0, Genetyx Win versi 4.0, and MEGA X.

The sequence length for COI, COII, and igs were 635 bp, 445 bp, and 24-25 bp, respectively. These sequences have been deposited in GenBank under the accession numbers COI (LC830603-LC830668) and igs-COII (LC845062-LC845127). In total, 33 variations of COI, 37 of COII, and one insertion-deletion mutation in igs were identified in the *A. dorsata* population across the Indonesian Archipelago. These variations resulted in 14 new COI haplotypes and 15 COII haplotypes, 13 of which are newly reported. The Sumatral haplotype emerged as the common haplotype of *A. dorsata* from Indonesia and is predominantly found in the Sundaland region, especially Sumatra. In contrast, the Wallacea (Lesser Sunda and Sulawesi) forest honey bee exhibited island-specific haplotypes with few shared haplotypes across regions. Endemic Sulawesi subspecies *A. d. binghami*

@Hak Cipta milik IPB University

IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

displayed one COI-specific haplotype and three COII-specific haplotypes characterized by high nucleotide variation. The only insertion-deletion variations in the igs region were also observed in this subspecies, offering a potential marker to distinguish *A. d. dorsata* and *A. d. binghami*.

Nucleotide variation also caused amino acid alteration. One amino acid change was observed in the COI gene of *A. dorsata* from the Sumatra2 haplotype. In the COII gene, 24 amino acid mutations were identified, nine of which were exclusive to *A. d. binghami*. This study found two specific nucleotide variants in *A. d. binghami* that included amino acid changes, suggesting their potential as molecular markers for this subspecies.

Apis dorsata from Sundaland exhibits a lower level of genetic diversity and differentiation compared to those from the Lesser Sunda and Sulawesi. This was reflected in nucleotide (JI) and haplotype (Hd) diversity, especially in *A. dorsata* from Belitung and Java. Interestingly, honey bees from South Sumatra displayed the highest diversity, driven by the presence of a specific haplotype in each colony location.

The fixation index (F_{ST}) value supported the low genetic differentiation among *A. dorsata* from Sundaland. The fixation index (F_{ST}) value showed Jambi and Belitung have genetic homogeneity (negative F_{ST} value). In contrast, forest honey bees from the Lesser Sunda and Sulawesi exhibited significantly higher levels of genetic differentiation.

Median-Joining network (MJ network) and Maximum Likelihood (ML) phylogenetic analysis based on COI, COII, and concatenated COI-igs-COII sequences yield consistent results. These analyses delineated three major genetic groups of *A. dorsata* in Indonesia based on geographic distribution: (a) *A. d. dorsata* Sundaland (Sumatra, Belitung, Java, and Lombok); (b) *A. d. dorsata* Lesser Sunda (Sumbawa, Flores, Sermata-Southwest Moluccas); and (c) *A. d. binghami* Sulawesi. *Apis d. binghami* formed a basal lineage of *A. dorsata* from Indonesia indicating a more divergent evolutionary trajectory. The Sumatra1 haplotype was identified as the ancestral haplotype. The forest honey bees from the Lesser Sunda and Sulawesi also formed distinct clusters and were clearly separated from those of Sundaland. These findings support hypotheses of geographic isolation, evolutionary divergence, and potential speciation in Wallacea.

This study successfully constructed a genetic database and demonstrated the utility of COI, COI, and igs of mitochondrial DNA markers in uncovering three major genetic groups and inferring the ancestral origin and distribution of *A. dorsata* from the Indonesian Archipelago. The findings contribute to a more accurate understanding the systematics of this species and provide a scientific foundation to developing conservation strategies for endemic species adapting to local ecological pressures. Future research is encouraged to expand the sampling scope, including additional colonies from another region, such as Kalimantan, Bali, Lombok, and the Moluccas, and to construct the whole genome of *A. dorsata* for higher resolution insight.

Keywords: *Apis dorsata binghami*, Lesser Sunda, Median-Joining network, Specific haplotype, Sundaland

VARIASI DNA MITOKONDRIA LEBAH MADU HUTAN *Apis dorsata* ASAL KEPULAUAN INDONESIA

AULIA SAVIRA

Tesis
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Magister pada
Program Studi Biosains Hewan

**PROGRAM STUDI BIOSAINS HEWAN
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2025**



@Hak cipta milik IPB University

IPB University

Tim Penguji pada Ujian Tesis: Dr. Sih Kahono, M.Sc



IPB University
— Bogor Indonesia —

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

Judul Tesis : Variasi DNA Mitokondria Lebah Madu Hutan *Apis dorsata* Asal Kepulauan Indonesia
Nama : Aulia Savira
NIM : G3502231017

Disetujui oleh

Pembimbing 1:
Prof. Dr. Rika Raffiudin, M.Si



Pembimbing 2:
Windra Priawandiputra, Ph.D



Diketahui oleh

Ketua Program Studi:
Prof. Dr. Tri Atmowidi, M.Si
NIP 196708271993031003



Dekan Fakultas/Sekolah:
Dr. Berry Juliandi, M.Si
NIP 197807232007011001



Tanggal Ujian: 13 Juni 2025

Tanggal Lulus:



PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah SWT atas segala karunia-Nya sehingga karya ilmiah ini berhasil diselesaikan. Penelitian yang dilaksanakan sejak bulan Agustus 2023 hingga April 2024 menghasilkan tesis dengan judul Variasi DNA Mitokondria Lebah Madu Hutan *Apis dorsata* Asal Kepulauan Indonesia”.

Dengan rasa hormat dan segala kerendahan hati, penulis mengucapkan terima kasih kepada:

1. Prof. Dr. Rika Raffiudin, M.Si selaku ketua komisi pembimbing yang telah memberikan bimbingan, arahan, nasihat, motivasi, serta pengetahuan dan pengalaman tentang lebah hutan.
2. Windra Priawandiputra, Ph.D. selaku anggota komisi pembimbing yang telah membimbing dan memberikan banyak saran untuk penelitian ini.
3. Popi Asri Kurniatin, S.Si, Apt., M.Si dari Departemen Biokimia, Institut Pertanian Bogor selaku moderator seminar atas masukan dan arahnya.
4. Dr. Sih Kahono, M.Sc, selaku penguji luar komisi yang memberikan masukan dan arahan pada saat ujian Tesis.
5. Keluarga penulis Ayahanda Muhammad Su’aibun dan Ibunda Elvira yang telah membesarkan, mendidik hingga saat ini serta atas doa dan cinta kasihnya yang telah diberikan. Adik saya, Muhammad Irsyad Hanafi, Ahmad Muchsin Firdaus, dan Adzkia Savira Nurrohmah serta keluarga besar AZRA yang selalu memberikan doa, nasihat, dukungan, dan motivasi sehingga penulis tidak pernah berputus asa dan bekerja keras dalam menyelesaikan Tesis ini.
6. Seluruh tim koleksi lebah *A. dorsata* Prof. Rika Raffiudin karena atas bantuannya penulis bisa mendapatkan sampel penelitian ini
7. Bapak Adi Surahman, Ibu Tini Wahyuni, Ibu Maysyaroh Yasyri, dan Ibu Inaz Irinawati selaku teknisi di Laboratorium.
8. Seluruh anggota “Rika and Research Student” terutama Tiara Sayusti, M.Si.; Nurul Insani Shullia, M.Si.; Fikri Irsyad Muhammad, M.Si.; Astuti Latif, M.Si.; Juniarto Gautama Simanjuntak, M.Si.; Nadira Madani Hamzah, M.Si.; Tazkiana Nurul Fathiya Sofandi, S.Si. yang telah banyak membantu dan memberikan ilmu kepada penulis.
9. Para sahabat, Marchika Rimadhanti Irmanda Rani, S.Si.; Dheana Puspa Dewi, S.Si.; Timotius B. Wicaksana C., S.TPn.; Rizka Nurhasanah, S.Si.; Bifta Desfiana Safitri, S.KM.; Mark Lee; dan Haechan Lee yang selalu mendukung, memberikan semangat, doa, kasih sayang, serta menemani selama berlangsungnya penelitian ini.

Semoga karya ilmiah ini bermanfaat bagi pihak yang membutuhkan dan bagi kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, Juni 2025

Aulia Savira

DAFTAR ISI

DAFTAR TABEL	xii
DAFTAR GAMBAR	xiii
DAFTAR LAMPIRAN	xiii
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	3
1.3 Tujuan	3
1.4 Manfaat	3
II TINJAUAN PUSTAKA	4
2.1 Kepulauan Indonesia: Paparan Sunda dan Daerah Wallacea	4
2.2 Lebah Madu Hutan <i>Apis</i>	5
2.3 Profil DNA Mitokondria	8
III METODE	11
3.1 Waktu dan Tempat Penelitian	11
3.2 Alat dan Bahan	11
3.3 Prosedur Kerja	17
3.4 Analisis data	18
IV HASIL	19
4.1 Sekuensing DNA dan Analisis Homologi <i>A. dorsata</i> Menggunakan BLAST-N Berdasarkan Gen COI, COII, dan igs	19
4.2 Variasi Nukleotida, Haplotipe, dan Asam Amino Putatif <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia Berdasarkan Gen COI, COII, dan igs	20
4.3 Keanekaragaman Genetik <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia Berdasarkan Gen COI, COII, dan igs	43
4.4 Median-Joining Network, Jarak Genetik, Hubungan Filogenetik <i>Apis dorsata</i> asal Indonesia Berdasarkan Gen COI, COII, dan igs	48
V PEMBAHASAN	57
5.1 Tiga Kelompok Utama <i>Apis dorsata</i> Asal Kepulauan Indonesia Berdasarkan Gen COI dan COII	57
5.2 Diferensiasi Genetik yang Tinggi pada <i>Apis dorsata</i> asal Sunda Kecil	57
5.3 <i>Apis dorsata binghami</i> Endemik Sulawesi: Subspesies yang Berbeda atau Spesies Baru yang Potensial?	58



5.4	Median-Joining network Mengungkap <i>A. d. dorsata</i> asal Paparan Sunda sebagai Nenek Moyang Lebah Madu Hutan Asal Kepulauan Indonesia	60
VI	SIMPULAN DAN SARAN	62
5.1	Simpulan	62
5.2	Saran	62
	DAFTAR PUSTAKA	63
	LAMPIRAN	68
	RIWAYAT HIDUP	87

DAFTAR TABEL

1	Koleksi <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia	13
2	Daftar primer untuk amplifikasi gen COI, igs COI/COII, dan gen COII dan posisi berdasarkan <i>A. dorsata</i> (AP018369.1)	17
3a	Empat belas haplotipe gen COI <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia hasil dari 33 variasi nukleotida	22
3b	Empat belas haplotipe gen COI <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia berdasarkan kode sampel	23
4a	Lima belas haplotipe gen COII <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia hasil dari 37 variasi nukleotida	24
4b	Lima belas haplotipe gen COII <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia berdasarkan kode sampel	25
5	Inseri delesi basa ke-15 pada <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia berdasarkan igs	26
6	Variasi asam amino putatif pada gen COI <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia	33
7	Variasi asam amino putatif pada gen COII <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia	34
8	Lima puluh tiga variasi nukleotida pada <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia dan Asia berdasarkan gen COI	35
9	Enam puluh empat variasi nukleotida pada <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia dan Asia berdasarkan gen COII	37
10	Tujuh puluh tiga variasi nukleotida pada <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia dan Asia berdasarkan gabungan COI-igs-COII	38
11	Satu inseri delesi pada <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia dan Asia berdasarkan sekuen igs	39
12	Satu variasi asam amino pada <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia dan Asia berdasarkan gen COI	40
13	Dua puluh empat variasi asam amino pada <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia dan Asia berdasarkan gen COII	41
14	Diferensiasi genetik Fixation index value (F_{ST}) <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia pada gen COI (diagonal atas) dan COII (diagonal bawah) berdasarkan kategori pulau	46
15	Diferensiasi genetik Fixation index value (F_{ST}) <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia pada gen COI (diagonal atas) dan COII (diagonal bawah) berdasarkan kategori pulau	47
16	Jarak genetik berdasarkan gen COI <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia	50
17	Jarak genetik berdasarkan gen COII <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia	51
18	Jarak genetik berdasarkan gabungan sekuen COI-igs-COII <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia	53

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
- b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.

2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

DAFTAR GAMBAR

1	Distribusi <i>Apis dorsata</i>	6
2	Morfologi <i>Apis dorsata</i> di Indonesia	6
3	Sarang <i>Apis dorsata</i>	7
4	Agregasi koloni <i>Apis dorsata</i> pada <i>Gluta rengas</i> di Kapuas Hulu, Kalimantan Barat	8
5	Whole mitokondria <i>Apis dorsata</i> (Takahashi <i>et al.</i> 2017)	10
6	Peta lokasi pengambilan sampel <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia	12
7	Skema posisi primer DNA mitokondria berdasarkan <i>A. dorsata</i> asal Bangkok, Thailand AP018369.1 (Takahashi <i>et al.</i> 2017)	18
8	Amplikon gen COI 664 pb (1-8) dan igs-COII 635 pb (9-14) <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia	19
9	Persebaran haplotipe <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia berdasarkan gen COI, COII, dan sekuen igs	30
10	Laju mutasi substitusi transisi dan transversi pada setiap kodon gen COI, COII, dan sekuen igs <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia	31
11	Keanekaragaman genetik gen COI dan COII <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia berdasarkan kategori pulau	44
12	Keanekaragaman genetik gen COI dan COII <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia berdasarkan kategori provinsi	45
13	Median-Joining network <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia berdasarkan (a) gen COI; (b) gen COII; (c) gabungan sekuen COI-igs-COII	49
14	Pohon filogenetik <i>Maximum Likelihood</i> lebah madu hutan asal Kepulauan Indonesia dan Asia berdasarkan gen COI	54
15	Pohon filogenetik <i>Maximum Likelihood</i> lebah madu hutan asal Kepulauan Indonesia dan Asia berdasarkan gen COII	55
16	Pohon filogenetik <i>Maximum Likelihood</i> lebah madu hutan asal Kepulauan Indonesia dan Asia berdasarkan gabungan sekuen COI-igs-COII	56

DAFTAR LAMPIRAN

1	Lampiran 1 Contoh kromatogram dengan <i>single peak</i> untuk dilanjutkan proses analisis bioinformatika	69
2	Lampiran 2 Data ingroup dan outgroup <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia berdasarkan tiga sekuen DNA mitokondria	70
3	Lampiran 3 Hasil analisis BLAST-N tiga teratas pada gen COI <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia	75
4	Lampiran 4 Hasil analisis BLAST-N tiga teratas pada gen igs-COII <i>Apis dorsata</i> asal Kepulauan Indonesia	81