

DETEKSI MOLEKULER MIKROBIAL PATOGEN PADA MADU LEBAH MADU *Apis mellifera* LINNAEUS 1761 (HYMENOPTERA: APIDAE)

I Gusti Made Raka Alpin Aditya

Dosen Pembimbing: Drs. Hari Purwanto, M.P., Ph.D

INTISARI

Lebah madu *Apis mellifera* memainkan peran penting dalam penyerbukan tanaman global. Populasi *A. mellifera* menghadapi berbagai ancaman, salah satunya adalah entomopatogen. Patogen bertanggung jawab atas 13% dari seluruh ancaman terhadap populasi *A. mellifera*. Patogen yang umum menyerang adalah *Nosema* spp. penyebab nosemosis, *Melissococcus plutonius* penyebab *European Foulbrood* (EFB), dan *Paenibacillus larvae* penyebab *American Foulbrood* (AFB). Data terkait kehadiran dan infeksi patogen ini tidak tersedia di Indonesia. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mendeteksi entomopatogen yang menyerang *A. mellifera* menggunakan DNA yang ada dalam madu serta mempelajari pengaruh faktor lingkungan terhadap kemunculan patogen. Dalam penelitian ini, kami mengekstraksi 30 sampel madu yang berasal dari Jawa, Bali dan Sumatera. DNA madu diamplifikasi dengan metode PCR konvensional untuk mendeteksi patogen *N. apis*, *N. ceranae*, *M. plutonius*, dan *P. larvae*. Hasil penelitian menunjukkan bahwa patogen *N. ceranae* memiliki prevalensi sebesar 20%, *M. plutonius* untuk pertama kalinya terdeteksi di Indonesia dengan prevalensi sebesar 3,33%. Sedangkan *N. apis* dan *P. larvae* belum berhasil terdeteksi. Hasil ini menunjukkan bahwa madu dapat digunakan dalam deteksi patogen secara molekuler. Hasil analisis faktor lingkungan menunjukkan bahwa presipitasi memiliki korelasi yang signifikan terhadap kemunculan *N. ceranae* dan *M. plutonius* meskipun perlu dilakukan penelusuran lebih dalam lagi untuk mempelajari bagaimana pengaruhnya.

Kata Kunci: *Apis mellifera*, *foulbrood*, madu, *Nosema*, PCR

**MOLECULAR DETECTION OF MICROBIAL PATHOGEN FROM
WESTERN HONEYBEE *Apis mellifera* LINNAEUS 1761
(HYMENOPTERA: APIDAE) HONEY**

I Gusti Made Raka Alpin Aditya

Supervisor: Drs. Hari Purwanto, M.P., Ph.D

ABSTRACT

Honeybee Apis mellifera play an important role in global pollination of plants. The population of *A. mellifera* faces various threats, one of which is diseases caused by several species of pathogen. The pathogen is responsible for 13% of the entire threat to the population of *A. mellifera*. Commonly infecting pathogens are *Nosema* spp. cause of nosemosis, *Melissococcus plutonius* causes of European Foulbrood (EFB), and *Paenibacillus larvae* causes of American Foulbrood (AFB). Data related to the presence and prevalence of these pathogens are not available in Indonesia. Therefore, this study aimed to detect entomopathogens that infect *A. mellifera* using DNA present in honey as well as study the influence of environmental factors on the emergence of pathogens. In this study, DNA were extracted from 30 honey samples from Java, Bali and Sumatra. Extracted DNA were amplified by conventional PCR methods to detect the presence of *N. apis*, *N. ceranae*, *M. plutonius*, and *P. larvae*. The results showed that *N. ceranae* had a prevalence of 20%, *M. plutonius* for the first time was detected in Indonesia with a prevalence of 3.33%. Meanwhile, *N. apis* and *P. larvae* have not been successfully detected. These results also showed that honey can be used in the molecular detection of honeybees pathogens. The results of the environmental factors analysis indicated that precipitation has a significant correlation to the prevalence of *N. ceranae* and *M. plutonius* although it is still necessary to explore more thoroughly to confirm the correlation of precipitation to the prevalence of honeybee pathogen in particular of *N. ceranae* and *M. plutonius*.

Keywords: *Apis mellifera*, foulbrood, honey, *Nosema*, Polymerase Chain Reaction