

## **ANALISIS MOLEKULER ULAT SUTERA LIAR *Samia* sp. Boisid. DI YOGYAKARTA DENGAN DNA BARCODING MENGUNAKAN MARKER GEN *CO1***

----- Salva Nabila ----

---- 21/474311/BI/10707 ----

Dosen Pembimbing: Sukirno, S.Si., M.Sc, Ph.D.

### **INTISARI**

Indonesia merupakan salah satu negara yang potensial dalam bidang penghasil sutera. *Samia* sp. (Lepidoptera: Saturniidae) merupakan serangga penghasil sutra komersial yang berasal dari India, Cina dan Jepang. Identifikasi spesies dan hubungan evolusi di antara spesies *Samia* sp. ini sangat penting bagi masyarakat untuk pemanfaatan, konservasi dan pengelolaan. Identifikasi spesies *Samia* berdasarkan morfologi masih menjadi tantangan bahkan bagi para ahli taksonomi. Oleh karena itu, spesies *Samia* sp. membutuhkan lebih banyak bukti dari studi molekuler. Penelitian ini bertujuan untuk mengkarakterisasi polimorfisme larva ulat sutera eri dengan menggunakan metode molekuler gen mitokondria dan gen ribosom, serta mempelajari efektifitas marker gen *CO1* dalam analisis molekuler larva *Samia* sp. Sampel larva ulat sutera eri dengan fenotip yang berbeda akan diekstrak dengan menggunakan DNA extraction kit dan kemudian diamplifikasi dengan menggunakan gen *cytochrome oxidase I*. Produk amplifikasi kemudian akan disekuensing dengan menggunakan metode Sanger dua arah untuk kemudian dikonstruksi hubungan kekerabatannya dengan *phylogenetic tree*. Hasil penelitian menunjukkan bahwa spesies *Samia* yang dibudidayakan di Yogyakarta adalah *Samia ricini*, sebagaimana dikonfirmasi melalui analisis *genetic distance* dan pohon filogeni. Selain itu, marker gen *CO1* terbukti efektif dalam membedakan spesies serta mengidentifikasi variasi genetik dalam populasi *Samia ricini*. Temuan ini memberikan kontribusi penting bagi studi genetika molekuler dan upaya konservasi ulat sutera liar di Indonesia.

**KATA KUNCI:** *Cytochrome oxidase I*, DNA Barcoding, *Samia ricini*.

## **MOLECULAR ANALYSIS OF WILD SILKWORM *Samia* sp. Boisd. IN YOGYAKARTA WITH DNA BARCODING USING *CO1* GENE MARKERS**

----- Salva Nabila ----

---- 21/474311/BI/10707 ----

Supervisor: Sukirno, S.Si., M.Sc, Ph.D.

### **ABSTRACT**

Indonesia is one of the potential countries in the silk producing sector. *Samia* sp. (Lepidoptera: Saturniidae) are commercial silk producing insects originating from India, China and Japan. Species identification and evolutionary relationships among *Samia* sp. This is very important for society for utilization, conservation and management. Identification of *Samia* species based on morphology is still a challenge even for taxonomists. Therefore, the species *Samia* sp. requires more evidence from molecular studies. This study aims to characterize the polymorphism of Eri silkworm larvae using molecular methods of mitochondrial genes and ribosomal genes, as well as studying the effectiveness of the *CO1* gene marker in molecular analysis of *Samia* sp larvae. Eri silkworm larvae samples with different phenotypes will be extracted using a DNA extraction kit and then amplified using the *cytochrome oxidase I gene*. The amplification products will then be sequenced using the two-way Sanger method to then construct their relationships with a *phylogenetic tree*. The research results indicate that the species of *Samia* cultivated in Yogyakarta is *Samia ricini*, as confirmed through *genetic distance* analysis and *phylogenetic tree* reconstruction. Additionally, the *CO1* gene marker has proven effective in distinguishing species and identifying genetic variation within the *Samia ricini* population. These findings provide significant contributions to molecular genetics studies and conservation efforts for wild silkworms in Indonesia.

**KEYWORDS:** *Cytochrome oxidase I*, *DNA Barcoding*, *Samia ricini*