UNIVERSITAS
GADJAH MADA
DNA BARCODING ULAT SUTERA EMAS Cricula trifenstrata Helfer, 1837 DI DAERAH ISTIMEWAYOGYAKARTA
BERDASARKAN PENANDA MOLEKULER 16S rRNA DAN CYTOCHROME b (CyB)
Afifah Rahmanisya, Sukirno, S.Si., M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

DNA BARCODING ULAT SUTERA EMAS *Cricula trifenstrata* Helfer, 1837 DI DAERAH ISTIMEWAYOGYAKARTA BERDASARKAN PENANDA MOLEKULER 16S *rRNA* DAN *CYTOCHROME b* (CyB)

Afifah Rahmanisya
(24/537481/PBI/02023)

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

INTISARI

Cricula trifenestrata merupakan ulat sutera liar dari famili Saturniidae yang menghasilkan kokon berwarna keemasan dan memiliki potensi sebagai sumber serat alami alternatif. Identifikasi spesies ini secara morfologis masih memiliki keterbatasan, terutama pada fase larva, pupa, atau spesimen dengan kondisi tidak utuh, sehingga diperlukan pendekatan molekuler melalui DNA barcoding. Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi spesies *Cricula* dan menganalisis diversitas genetiknya di D.I. Yogyakarta, Jawa Tengah, dan Jawa Barat berdasarkan penanda molekuler 16S rRNA dan *Cytochrome b* (CyB). Sampel dianalisis melalui ekstraksi DNA, amplifikasi PCR, sekuensing, BLAST, analisis haplotipe, rekonstruksi pohon filogenetik, *Principal Component Analysis* (PCA), serta estimasi *nucleotide diversity* (π), *haplotype diversity* (Hd), dan *polymorphic sites* (S). Hasil BLAST menunjukkan bahwa sebagian besar sampel teridentifikasi sebagai *Cricula trifenestrata*, sedangkan beberapa sampel lain terdeteksi sebagai taksa non-*Cricula* yang kemungkinan merupakan sampel non-target. Marker CyB memberikan hasil identifikasi lebih kuat dengan similaritas 95,13%–97,62% dan query cover 90%–100%, sedangkan 16S rRNA menunjukkan similaritas 90,58%–96,86% dengan query cover 60%–99%. Analisis haplotipe, filogenetik, dan PCA menunjukkan bahwa sampel dari D.I. Yogyakarta dan Jawa Tengah cenderung membentuk kelompok utama yang relatif homogen, sementara sampel Jawa Barat memperlihatkan variasi intraspesifik. Nilai π, Hd, dan S pada CyB masing-masing sebesar 0,11628; 0,61404; dan 339, sedangkan pada 16S rRNA sebesar 0,00032; 0,24167; dan 1. Hasil ini menunjukkan bahwa CyB lebih informatif dibandingkan 16S rRNA dalam mengungkap variasi genetik *C. trifenestrata*.

.

Kata kunci: *Cricula trifenestrata*, *DNA barcoding*, 16S rRNA, *Cytochrome b*, diversitas genetik, *nucleotide diversity*, *haplotype diversity*, *polymorphic sites* (S), dan *Principal Component Analysis.*

DNA BARCODING ULAT SUTERA EMAS Cricula trifenstrata Helfer, 1837 DI DAERAH ISTIMEWAYOGYAKARTA
BERDASARKAN PENANDA MOLEKULER 16S rRNA DAN CYTOCHROME b (CyB)
Afifah Rahmanisya, Sukirno, S.Si., M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

DNA BARCODING OF THE GOLDEN SILKWORM *Cricula trifenestrata* Helfer, 1837 IN SPECIAL REGION OF YOGYAKARTA BASED ON 16S *rRNA* AND *CYTOCHROME b* (CyB) MARKERS

Afifah Rahmanisya
(24/537481/PBI/02023)

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

ABSTRACT

Cricula trifenestrata is a wild silkworm of the family Saturniidae that produces golden cocoons and has potential as an alternative natural fiber source. Morphological identification of this species remains challenging, particularly for larvae, pupae, or incomplete specimens; therefore, molecular identification using DNA barcoding is required. This study aimed to identify *Cricula* species and assess their genetic diversity in the Special Region of Yogyakarta, Central Java, and West Java using mitochondrial 16S rRNA and Cytochrome b (CyB) markers. Samples were analyzed through DNA extraction, PCR amplification, sequencing, BLAST-based identification, haplotype analysis, phylogenetic tree reconstruction, Principal Component Analysis (PCA), and estimation of nucleotide diversity (π), haplotype diversity (Hd), and polymorphic sites (S). BLAST results showed that most samples were identified as *Cricula trifenestrata*, whereas several samples were assigned to non-*Cricula* taxa, indicating non-target specimens collected during field sampling. The CyB marker provided stronger identification performance, with sequence similarity of 95.13%–97.62% and query cover of 90%–100%, whereas 16S rRNA showed similarity of 90.58%–96.86% with query cover of 60%–99%. Haplotype, phylogenetic, and PCA analyses revealed that samples from Yogyakarta and Central Java formed a relatively homogeneous major group, while West Java samples showed intraspecific variation. The CyB marker showed π, Hd, and S values of 0.11628, 0.61404, and 339, respectively, whereas 16S rRNA showed values of 0.00032, 0.24167, and 1. These findings indicate that CyB is more informative than 16S rRNA for detecting genetic variation and supporting species identification in *C. trifenestrata*.

Keywords: *Cricula trifenestrata*, DNA barcoding, 16S rRNA, Cytochrome b, genetic diversity, nucleotide diversity, haplotype diversity, polymorphic sites (S), dan Principal Component Analysis.