UNIVERSITAS
GADJAH MADA
**Analisis Keanekaragaman Genetik Ulat Sutera Liar Antheraea dari Tanaman Kersen (Muntingia calabura,
1753) di Daerah Istimewa Yogyakarta Berdasarkan Gen Cytochrome Oxidase I (COI)**
Adi Citra Prima Pranata, Sukirno, S.Si., M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

ANALISIS KEANEKARAGAMAN GENETIK ULAT SUTERA LIAR *Antheraea* DARI TANAMAN KERSEN (*Muntingia calabura* Linnaeus, 1753) DI DAERAH ISTIMEWA YOGYAKARTA BERDASARKAN GEN *CYTOCHROME OXIDASE I* (COI)

Adi Citra Prima Pranata

22/492603/BI/10925

Dosen Pembimbing

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

INTISARI

Indonesia menyediakan berbagai wilayah yang cocok dijadikan sebagai habitat bagi ulat sutera liar *Antheraea* (Hübner, 1819), dengan kondisi iklim yang tropis dan didukung oleh tersedianya hutan heterogen yang lembab, seperti di Daerah Istimewa Yogyakarta (DIY). Penelitian mengenai kelimpahan dan keragaman ulat sutera liar genus ini di DIY belum pernah dilakukan. Hal ini penting dilakukan sebagai pengembangan *database* gen COI yang lebih komprehensif sehingga mampu menjadi landasan bagi upaya konservasi *Antheraea*. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik *Antheraea* di DIY dengan gen COI. Penelitian ini menggunakan metode PCR dengan primer universal gen COI melalui tahapan sampling, ekstraksi DNA, uji kuantitas dan kemurnian DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis, *gel documentation* dan sekuensing. Hasil penelitian ini kemudian dianalisis dengan program GeneStudio, BLAST, MESQUITE, MEGA, dan DnaSP. Berdasarkan hasil penelitian, sampling *Antheraea* ditemukan pada pohon *Muntingia calabura* yang terletak di berbagai titik di DIY dalam kisaran elevasi 20-450 mdpl. *Antheraea* yang teridentifikasi di DIY adalah spesies *Antheraea jana*. Tidak ditemukan adanya keanegaraman genetik pada data sampel di DIY, yaitu hanya terdapat 1 *haplotype* dari panjang fragmen 558 bp dengan 0 situs variabel dan *parsimony*. Nilai keragaman *haplotype* adalah 0,000 dan keragaman nukelotida adalah 0,000. Jarak genetik antar sampel sebesar 0,00. Semua hasil ini memperkuat jika sampel yang diambil bersifat identik secara genetik. Analisis filogenetik menunjukkan *Antheraea jana* dari DIY serta *Antheraea* yang berasal dari Sumatera Barat, Jawa Barat, dan Jawa Timur berada dalam satu *clade* yang sama dengan nilai 1000 *bootstrap* tetapi berpisah dengan *Antheraea jana* dari NTB dan Bali. Penelitian ini diharapkan dapat dijadikan dasar bagi pengembangan *database* gen COI yang dapat berguna sebagai landasan konservasi ulat sutera liar *Antheraea* di Indonesia, khususnya Daerah Istimewa Yogyakarta.

Kata Kunci: *Antheraea*; gen COI; keragaman genetik

Analisis Keanekaragaman Genetik Ulat Sutera Liar Antheraea dari Tanaman Kersen (Muntingia calabura,
1753) di Daerah Istimewa Yogyakarta Berdasarkan Gen Cytochrome Oxidase I (COI)
Adi Citra Prima Pranata, Sukirno, S.Si., M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

GENETIC DIVERSITY ANALYSIS OF WILD SILKWORM *Antheraea* FROM KERSEN PLANTS (*Muntingia calabura* Linnaeus, 1753) IN THE SPECIAL REGION OF YOGYAKARTA BASED ON THE *CYTOCHROME OXIDASE I* (COI) GENE

Adi Citra Prima Pranata

22/492603/BI/10925

Supervisor

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

ABSTRACT

Indonesia provides various regions suitable as habitats for wild silkworms of the genus *Antheraea* (Hübner, 1819), with a tropical climate and supported by the availability of humid heterogeneous forests, such as in the Special Region of Yogyakarta (DIY). Studies regarding the genetic diversity of wild silkworms in DIY have never been conducted. Research related to the genetic diversity of wild silkworms using a more comprehensive COI gene approach is expected to serve as a basis for conservation efforts of *Antheraea*. Therefore, this study aimed to determine the genetic diversity of wild silkworms in DIY using the COI gene. This research employed the PCR method with universal COI gene primers through several stages, including sampling, DNA extraction, DNA quality and quantity testing, DNA amplification, electrophoresis, gel documentation, and sequencing. The obtained data were then analyzed using the programs GeneStudio, BLAST, MEGA, and DnaSP. The results showed that the sampled Antheraea can be found *in Muntingia calabura* tree around DIY between elevation range from 20 to 450 meters above sea level. Furthermore, the Antheraea species identified in DIY was *Antheraea jana*. However, no genetic diversity was found in the sampled population in DIY, indicated by the presence of only one haplotype along the 558 bp fragment with 0 variable sites and 0 parsimony-informative sites. Subsequently, the haplotype diversity and nucleotide diversity values were both 0.000. The genetic distance among samples was 0.00. All these results shows that the samples have similar genetic identity. Phylogenetic analysis indicated that *Antheraea jana* from DIY formed a *clade* with *Antheraea jana* from Sumatra Barat, Java Barat, and Java Timur within the same species branch with a bootstrap value of 100 and formed a different *clade* withe the same species from NTB and Bali. This study is expected to contribute as foundational data for the development of a COI gene database related to wild silkworm conservation of *Antheraea* in Indonesia, particularly in the Special Region of Yogyakarta.

Keywords: *Antheraea*; COI gene; genetic diversity