

ANALISIS GUT MICROBIOME *Apis nigrocincta* Smith, 1861 (HYMENOPTERA: APIDAE) LEBAH MADU ENDEMIK SULAWESI

Nur'aini
19/447360/PBI/01639

INTISARI

Lebah madu berperan penting dalam proses penyerbukan tanaman, menghasilkan madu dan produk bermanfaat lainnya bagi manusia. Kualitas madu yang dihasilkan tidak hanya dipengaruhi oleh faktor fisik dan kimia, tetapi juga dipengaruhi oleh mikrobioma yang terdapat dalam usus lebah madu. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis mikrobioma usus lebah madu endemik Sulawesi, *Apis nigrocincta*. Metode dalam penelitian ini menggunakan analisis *Next Generation Sequencing* (NGS) menggunakan amplicon gen 16S rRNA. Tahapan penelitian terdiri dari ekstraksi DNA, proses amplifikasi DNA, dan terakhir sekuensing produk PCR. Selanjutnya, dilakukan proses analisis bioinformatika menggunakan beberapa perangkat lunak untuk membandingkan sekuens yang diperoleh dengan data sekuens yang terdapat dalam *database*. Hasil penelitian menunjukkan bahwa keragaman alfa bakteri dalam usus *A. cerana* spesies lebah madu introduksi di Sulawesi yaitu nilai dominansi (D) 2,17 menunjukkan adanya spesies yang mendominasi populasi bakteri secara keseluruhan. Selanjutnya, Indeks Shannon (H') 1,22 menunjukkan keragaman yang rendah. Evennes Index (E) 0,22 menunjukkan bahwa pemerataan rendah. Sedangkan keragaman alpha bakteri dalam usus spesies *A. nigrocincta* yaitu nilai dominansi (D) 1,83 menunjukkan adanya spesies yang mendominasi populasi bakteri secara keseluruhan. Selanjutnya Indeks Shannon (H') 1,69 menunjukkan keragaman sedang. Evennes Index (E) 0,30 menunjukkan bahwa pemerataan rendah. Hasil penelitian ini diharapkan dapat digunakan sebagai dasar pengembangan industri perlebah yang berkelanjutan khususnya pada kesehatan lebah itu sendiri.

Kata Kunci: *Apis nigrocincta*, *Gut Microbiome*, *Next Generation Sequencing* (NGS), Sulawesi

ANALYSIS OF GUT MICROBIOME OF *Apis nigrocincta* Smith, 1861 (HYMENOPTERA: APIDAE) THE ENDEMIC SPECIES HONEY BEE OF SULAWESI

Nur'aini

19/447360/PBI/01639

ABSTRACT

Honey bees play an important role in the process of plant pollination, producing honey and other beneficial products for human. The quality of honey produced is not only influenced by physical and chemical factors, but is also influenced by microbiomes found in the gut of the honey bee. This study aims analyze the gut microbiomes of the endemic Sulawesi honey bee, *Apis nigrocincta*. The method in this research uses analysis Next Generation Sequencing (NGS) using 16S rRNA gene amplicon. The works consists of DNA extractions, DNA amplification processes, and finally PCR product sequencing. Furthermore, the bioinformatic analysis process using several software tools to compare sequences obtained with sequence data contained in the database had been conducted. The results showed that the alpha diversity of bacteria in the gut of *A. cerana*, an introduced species of honey bee in Sulawesi, namely the dominance value (D) 2.17, indicated that there were species that dominated the overall bacterial population. Furthermore, the Shannon Index (H') 1.22 shows low diversity. Evennes Index (E) 0.22 indicates that evennes is low. While the alpha diversity of bacteria in the gut of *A. nigrocincta* species, namely the dominance value (D) 1.83, indicates that there is a species that dominates the overall bacterial population. Furthermore, the Shannon Index (H') 1.69 shows moderate diversity. Evennes Index (E) 0.30 indicates that evennes is low. The results in this study are expected to be used as a basis for the development of sustainable beekeeping industry, especially on the health of the bees itself.

Keywords: *Apis nigrocincta*, Gut Microbiome, Next Generation Sequencing (NGS), Sulawesi