

Profil Darah dan Analisis Karakteristik Molekuler *Babesia* sp. pada Anjing yang Mengalami Babesiosis di Yogyakarta

Nabilah Putroe Agung

20/471398/PKH/00746

INTISARI

Babesiosis merupakan salah satu penyakit yang ditransmisikan oleh vektor caplak *Rhipicephalus sanguineus*. Babesiosis disebabkan oleh *Babesia* sp. yang terdistribusi di dalam sirkulasi darah. Pada pemeriksaan darah perubahan yang paling umum terjadi adalah anemia dan trombositopenia. Penelitian ini bertujuan untuk melihat perubahan profil darah pada anjing yang mengalami babesiosis dan melihat karakteristik molekuler dari *Babesia* sp.. Penelitian ini menggunakan 50 sampel darah berdasarkan pemilihan terhadap anjing yang sedang terinfeksi caplak atau pernah terinfeksi caplak dan parasit darah sebelumnya, serta memiliki gejala klinis yang menunjukkan babesiosis. Sampel darah digunakan untuk pemeriksaan mikroskopis ulas darah tipis, pemeriksaan profil darah rutin, dan pemeriksaan *Polymerase Chain Reaction* (PCR). Pemeriksaan PCR menggunakan primer berdasarkan sekuen *conserve region* dari empat jenis *Babesia* sp. yang meliputi gen 18S rRNA, daerah ITS1, gen 5.8S rRNA, daerah ITS2, dan gen 28S rRNA dengan sekuen *forward* (5'-AGTCGTAACAAGGTTTCCGT-3') dan sekuen *reverse* (5'-GTGTTGGTTACGTTCCGGAGG-3'). Hasil pemeriksaan profil darah pada anjing yang terinfeksi *Babesia* sp. adalah anemia normositik normokromik, leukopenia, neutropenia, eosinopenia dan trombositopenia. Hasil pemeriksaan PCR menunjukkan 4 sampel yang positif terinfeksi oleh *Babesia* sp. atau 8% (4/50) pada 422bp. Hasil sekuensing dianalisis menggunakan *Basic Local Aligment Search Tool* (BLAST) dan *software Molecular Evolutionary Genetics Analysis X* (MEGA X), menunjukkan bahwa sampel *Babesia* sp. Sleman, *Babesia* sp. Kota, *Babesia* sp. Ngaglik, dan *Babesia* sp. Depok identik 100% dengan sekuen *Babesia canis vogeli* (MH882485.1, MK881126.1, MN067712.1) yang terdapat pada *GeneBank*. Hasil analisis menunjukkan bahwa tidak terdapat keragaman genetik pada keempat sampel tersebut, serta hubungan filogenetiknya homolog dengan *Babesia canis vogeli* yang berasal dari China dan India.

Kata kunci: Babesiosis, PCR, *conserve region*, filogenetik

**Blood Profile and Analysis of Molecular Characteristics
Babesia sp. in Dog with Babesiosis in Yogyakarta**

Nabilah Putroe Agung
20/471398/PKH/00746

ABSTRACT

Babesiosis is a disease that is transmitted by tick vector *Rhipicephalus sanguines*. Babesiosis caused by *Babesia* sp. distributed in the blood circulation. On blood examination the most common changes are anemia and thrombocytopenia. This study aims to see changes in the blood profile of dogs with babesiosis and the molecular characteristics of *Babesia* sp.. This study used 50 blood samples based on the selection of dogs infected with ticks or had been infected with ticks and blood parasites before and had clinical symptoms indicating babesiosis. Blood samples were used for microscopic, routine blood profile, and Polymerase Chain Reaction (PCR) examinations. PCR examination using primers based on sequence conserve regions of four types of *Babesia* sp. include 18S rRNA gene, ITS1 region, 5.8S rRNA gene, ITS2 region, and 28S rRNA gene. with sequence forward (5'-AGTCGTAACAAGGTTTCCGT-3') and sequence reverse (5'-GTGTTGGTTACGTTTCGGAGG-3'). The results of examination of blood profiles in dogs infected with *Babesia* sp. are normochromic normocytic anemia, leukopenia, neutropenia, eosinopenia and thrombocytopenia. The results of the PCR examination showed that 4 samples were positively infected by *Babesia* sp. or 8% (4/50) at 422bp. The results of the analysis using the Basic Local Alignment SearchTool (BLAST) and Molecular Evolutionary Genetics Analysis X (MEGA X) software, showed that the *Babesia* sp. Sleman, *Babesia* sp. Kota, *Babesia* sp. Ngaglik, and *Babesia* sp. Depok was 100% identical to the *Babesia canis vogeli* sequence (MH882485.1, MK881126.1, MN067712.1) found in GeneBank. The results of the analysis showed that there was no genetic diversity in the four samples, and the phylogenetic relationship was homologous with *Babesia canis vogeli* from China and India.

Keywords: Babesiosis, PCR, conserve region, phylogenetic