

ABSTRAK

IDENTIFIKASI MOLEKULAR CAPLAK KERAS PADA ULAR SANCA BATIK BERDASARKAN GEN 18S RIBOSOM RNA

Oleh

Melanie Ayu

19/442211/KH/10135

Ular Sanca Batik merupakan salah satu jenis ular yang tersebar luas di Indonesia dan memiliki nilai konservasi, ekologi, maupun ekonomi. Ular tersebut sering terinfestasi caplak keras yang dapat merusak kulit dan menurunkan nilai jual ekonomi serta menularkan agen penyakit kepada lingkungannya. Beberapa caplak keras yang menginfeksi ular di wilayah Kabupaten Bantul, Daerah Istimewa Yogyakarta dan Kabupaten Magelang, Jawa Tengah belum dapat teridentifikasi. Tujuan penelitian ini adalah mengidentifikasikan caplak keras pada ular sanca batik secara morfologi dan molekuler serta menganalisa hubungan kekerabatan dengan spesies lain khususnya pada wilayah Bantul dan Magelang. Identifikasi molekuler dilakukan dengan marka DNA ribosom gen 18s rRNA. Analisa hasil sekuensing dibandingkan dengan data lain dari *GenBank*. DNA sampel caplak Bantul dan Magelang diisolasi dengan menggunakan *gSYNCTM DNA Extraction Kit*. Amplifikasi DNA dilakukan dengan menggunakan Teknik *Polymerase Chain Reaction (PCR)* menggunakan primer 18S-FCP dan 18S-RCP. Hasil dari proses PCR yaitu produk amplikon berukuran 800 bp. Hasil PCR kemudian di sekuensing untuk menentukan urutan basa nukleotida menggunakan bantuan perangkat lunak MEGA 11.0. Penentuan jarak genetik berdasarkan sekuen nukleotida menggunakan bantuan metode Kimura 2-parameter dengan hasil yang didapatkan berupa 0,000% dan 0,049% sebagai jarak genetik terkecil dan terbesar. Konstruksi pohon filogenetik berdasarkan sekuen gen 18S rRNA menggunakan bantuan metode *Neighbour-Joining* dengan nilai *bootstrap* 1000. Sampel ular yang digunakan dalam penelitian ini memiliki kedekatan genetik dengan *Amblyomma varanense*.

Kata kunci : Caplak keras, ular sanca batik, DNA ribosom, nukleotida, sekuensing

ABSTRACT

IDENTIFICATION MOLECULAR OF HARD TICKS IN RETICULATED PYTHONS BASED ON RIBOSOMAL RNA 18S GENE

By

Melanie Ayu

19/442211/KH/10135

Reticulated python is one type of snake that is widespread in Indonesia and it has conservational, ecological, and economical values. The snake is often infested with hard ticks which can damage the skin, reduce economic selling value and transmit diseases to the environment. Several hard ticks that infect snakes in the Bantul Regency, Yogyakarta Special Region and Magelang Regency, Central Java have not been identified. The purpose of this study is to identify hard tick in reticulated pythons morphologically and molecularly. In order to analyze kinship relationships with other species, especially in the Bantul and Magelang regions. Molecular identification is carried out with ribosomal DNA markers of the 18s rRNA gene. Analysis of sequencing results is compared with other data from GenBank. The DNA of the tick samples from Bantul and Magelang was isolated using the gSYNCTM DNA Extraction Kit. DNA amplification is performed using Polymerase Chain Reaction (PCR) Techniques using 18S-FCP and 18S-RCP primers. The result of the PCR process is an amplicon product measuring 800 bp. The result of the PCR are sequenced to determine the sequence of nucleotide bases by using the help of MEGA 11.0 software. The determination of genetic distance based on nucleotide sequences using the help of the 2-parameter Kimura method with the results obtained in the form of 0.000% and 0.049% as the smallest and largest genetic gap. The construction of phylogenetic trees based on 18S rRNA gene sequences by using the help of the Neighbour-Joining method with a bootstrap value of 1000. The samples of the snake are used in this study had genetic affinity to *Amblyomma varanense*.

Keywords: Hard tick, reticulated python, DNA ribosomal, nucleotide, sequencing