

Analisis Filogenetik *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae)

INTISARI

Latar belakang: *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* merupakan vektor yang kompeten terhadap beberapa penyakit tropis manusia, sehingga berdampak besar bagi kesehatan manusia. Sejarah evolusi *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* cukup rumit dan nyamuk *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* sudah mengalami perpindahan antar negara hingga antar benua. Analisis filogenetik digunakan untuk mengklasifikasikan secara taksonomi suatu spesies berdasarkan sejarah evolusi. Keragaman genetik suatu spesies dapat dinilai melalui salah satunya melalui analisis haplotipe. Gen *cox1* banyak digunakan untuk merekonstruksi filogenetik pada evolusi tingkat spesies. Susunan asam amino dari protein yang disandi oleh gen *cox1* bersifat stabil dan dapat digunakan sebagai penanda analisis filogenetik. Studi filogenetik serta keragaman genetik diharapkan dapat bermanfaat bagi strategi pengendalian vektor.

Tujuan: Menentukan analisis filogenetik nyamuk *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* berdasarkan sekuen gen *cox1* dan menentukan keragaman genetik *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* berdasarkan sekuen gen *cox1*.

Metode: Pengambilan data penelitian menggunakan data sekunder sekuen gen *cox1* *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* dari database GenBank tanpa batasan waktu pengambilan sampel dan lokasi sampel. Rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan *maximum-likelihood* (ML), *general time reversible model* *gamma distributed*, *bootstrap* 500 ulangan. Keragaman genetik dinilai berdasarkan jumlah haplotipe dan nilai keragaman haplotipe (Hd).

Hasil: Data sampel dari GenBank yang dikumpulkan sejumlah 641 sekuen untuk *Aedes aegypti* dan 1470 *Aedes albopictus*. Analisis filogenetik *Aedes aegypti* menunjukkan gambaran monofiletik dan berasal dari *maternal lineage* yang sama. *Aedes aegypti* terpisah menjadi 2 klaster utama. Analisis filogenetik *Aedes albopictus* berasal dari *maternal lineage* yang sama, membentuk kelompok monofiletik, dan terdiri menjadi 3 klaster utama. Analisis keragaman genetik menunjukkan kelompok haplotipe *Aedes aegypti* terdiri 74 haplotipe dengan nilai keragaman haplotipe sebesar 0,9030. Pada *Aedes albopictus* terdiri atas 77 kelompok haplotipe dengan nilai keragaman haplotipe sebesar 0,6504.

Kesimpulan: Analisis pohon filogenetik gen *cox1* *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* menunjukkan berasal *maternal lineage* dan berasal dari kelompok monofiletik yang sama. Terdapat keragaman genetik yang tinggi pada gen *cox1* pada *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* berdasarkan dari jumlah haplotipe dan nilai keragaman haplotipe yang ditemukan.

Kata Kunci : *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus*, *cox1*, *coi*, filogenetik, haplotipe

Phylogenetic Analysis of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae)

ABSTRACT

Background: *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* are competent vectors for several human tropical diseases, thus having a major impact on human health. The evolutionary history of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* is quite complicated and *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* have experienced migration between countries and between continents. Phylogenetic analysis is used to taxonomically classify a species based on its evolutionary history. The genetic diversity of a species can be assessed through haplotype analysis. The *cox1* gene is widely used to reconstruct phylogenetics at the species level of evolution. The amino acid sequence of the protein encoded by the *cox1* gene is stable and can be used as a marker for phylogenetic analysis. Phylogenetic studies and genetic diversity are expected to be useful for vector control strategies.

Objective: Determine the phylogenetic analysis of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* mosquitoes based on the *cox1* gene sequence and determine the genetic diversity of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* based on the *cox1* gene sequence.

Method: The research data were collected using secondary data from the *cox1* *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* gene sequences from the GenBank database without any time limit for sampling and sample location. Phylogenetic tree reconstruction using maximum-likelihood (ML), general time reversible distributed gamma model, bootstrap 500 replications. Genetic diversity was assessed based on the number of haplotypes and the value of haplotype diversity (Hd).

Results: Sample data from GenBank are 641 sequences for *Aedes aegypti* and 1470 *Aedes albopictus*. Phylogenetic analysis of *Aedes aegypti* shows a monophyletic picture and originates from the same maternal lineage. *Aedes aegypti* is separated into 2 main clusters. Phylogenetic analysis *Aedes albopictus* originates from the same maternal lineage, forms a monophyletic group, and consists of 3 main clusters. Genetic diversity analysis showed that the *Aedes aegypti* haplotype group consisted of 74 haplotypes with a haplotype diversity value of 0.9030. In *Aedes albopictus*, there were 77 haplotype groups with a haplotype diversity value of 0.6504.

Conclusion: Analysis of the phylogenetic tree of the *cox1* genes of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* showed that they originate from the maternal lineage and come from the same monophyletic group. There is high genetic diversity in the *cox1* gene in *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* based on the number of haplotypes and the haplotype diversity values found.

Keywords: *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus*, *coi*, *cox1*, phylogenetic, haplotype