

Kajian Morfologi dan Molekuler Isolat *Eimeria* spp. pada Kambing di Jawa

Dias Aprita Dewi
22/499887/SKH/00143

INTISARI

Eimeria spp. merupakan salah satu protozoa pada saluran pencernaan yang menginfeksi kambing. Tujuan penelitian ini adalah mengetahui morfologi spesies *Eimeria* spp. yang menginfeksi serta mengidentifikasi sekuen nukleotida penyusun 18S rDNA *Eimeria* spp. yang ditemukan dan hubungan filogenetiknya berdasarkan pemeriksaan molekuler. Sebanyak 289 sampel feses kambing diperoleh dari 17 lokasi yang tersebar di Jawa Tengah, D.I. Yogyakarta, Jawa Timur, Jawa Barat dan Banten. Penelitian ini terbagi menjadi tiga tahap, pertama pengambilan sampel feses, pemeriksaan kualitatif dengan metode flotase gula jenuh dan kuantitatif dengan metode Gordon-Whitlock, perhitungan prevalensi dan analisis faktor risiko dengan *Chi Square*, serta pengamatan histopatologi jaringan usus yang terinfeksi. Tahap kedua adalah identifikasi morfologi diawali dengan purifikasi, pengamatan oosista *Eimeria* spp. dengan SEM serta identifikasi morfologi oosista bersporulasi dengan mikroskop cahaya dan penghitungan *Shape Index* (SI). Tahap ketiga adalah identifikasi molekuler dengan ekstraksi DNA, dilanjutkan amplifikasi DNA dengan PCR menggunakan primer gen 18S rDNA, sekuensing hasil PCR, analisis homologi dengan nBLAST, dan analisis filogenetik dengan program MEGA 11.0.10 metode *Maximum Likelihood*. Hasil flotasi gula jenuh menunjukkan terdapat *Eimeria* spp. pada sampel feses dan berdasarkan perhitungan dengan metode Gordon-Whitlock, jumlah oosista per gram feses (OPG) pada sampel yang terinfeksi berkisar antara 50 hingga 42.500. Prevalensi infeksi secara keseluruhan mencapai 92,73% (268/289) dengan prevalensi di Jawa Tengah 90,9% (170/187), D.I. Yogyakarta 89,5% (17/19), Jawa Timur 96,7% (29/30), Jawa Barat 97,4% (37/38), dan Banten 100% (15/15). Faktor risiko yang berhubungan signifikan dengan infeksi *Eimeria* spp. meliputi umur, instalasi lantai kandang, tipe kandang dan kebersihan kandang. Hasil pemeriksaan histopatologi menunjukkan adanya makrogamet dewasa, oosista yang belum bersporulasi, infiltrasi sel radang eosinofil dan sel radang mononuklear fokal pada tunika submukosa. Hasil identifikasi morfologi berdasarkan karakteristik oosista menunjukkan adanya infeksi *Eimeria christenseni*, *E. arloingi*, dan *E. hirci*. Temuan ini diperkuat dengan hasil identifikasi molekuler yang menunjukkan sekuen 18S rDNA berada pada 630 bp dan memiliki kedekatan filogenetik dengan spesies *E. christenseni*, *E. arloingi*, dan *E. hirci* yang membentuk klad tersendiri berdasarkan pohon filogenetik. Hasil penelitian dapat disimpulkan bahwa kambing dari beberapa daerah di Jawa terinfeksi *Eimeria* spp., dengan spesies yang teridentifikasi melalui analisis morfologi dan molekuler meliputi *E. christenseni*, *E. arloingi*, dan *E. hirci*

Kata Kunci : *Eimeria* spp., kambing, morfologi, molekuler, 18S rDNA

Morphological and Molecular Study of *Eimeria* spp. Isolates in Goats from Java

Dias Aprita Dewi
22/499887/SKH/00143

ABSTRACT

Eimeria spp. are protozoan parasites of the gastrointestinal tract that infect goats. This study aimed to identify the morphological characteristics of the infecting *Eimeria* spp. and analyze the 18S rDNA gene sequences to determine the phylogenetic relationships based on molecular data. A total of 289 fecal samples were collected from 17 locations across Central Java, D.I. Yogyakarta, East Java, West Java, and Banten. The study consisted of three stages: (1) fecal examination using qualitative (saturated sugar flotation) and quantitative (Gordon-Whitlock) methods, prevalence and risk factor analysis using Chi-square tests, and histopathological analysis of infected intestinal tissues; (2) morphological identification through oocyst purification, scanning electron microscopy (SEM), light microscopy, and Shape Index (SI) calculation; and (3) molecular identification involving DNA extraction, PCR amplification of the 18S rDNA gene, sequencing, nBLAST homology analysis, and phylogenetic tree construction using MEGA 11.0.10 with the Maximum Likelihood method. The results showed that *Eimeria* spp. were present in the samples using the sugar flotation method. Quantitative analysis using the Gordon-Whitlock method showed that oocyst counts per gram of feces (OPG) ranged from 50 to 42.500. The overall prevalence of *Eimeria* spp. infection was 92,73% (268/289), with prevalence rates of 90,9% in Central Java (170/187), 89,5% in Yogyakarta (17/19), 96,7% in East Java (29/30), 97,4% in West Java (37/38), and 100% in Banten (15/15). Significant risk factors included age, type of flooring, housing system, and hygiene of the enclosure. Histopathological findings revealed mature macrogametes, unsporulated oocysts, eosinophilic infiltration, and focal mononuclear inflammatory cells in the tunica submucosa. Morphological identification based on oocyst characteristics indicated infection by *Eimeria christenseni*, *E. arloingi*, and *E. hirci*. These findings were further supported by molecular identification, which showed that the 18S rDNA sequences ranged from 630 bp and exhibited close phylogenetic relationships with *E. christenseni*, *E. arloingi*, and *E. hirci*, forming a distinct clade in the phylogenetic tree. Based on the results of the study, it can be concluded that goats from several regions in Java were infected with *Eimeria* spp. *Eimeria christenseni*, *E. arloingi*, and *E. hirci* were identified through morphological and molecular analyses.

Keywords: *Eimeria* spp., goats, morphology, molecular, 18S rDNA