



UNIVERSITAS
GADJAH MADA

Deteksi Mutasi F1534C pada *Aedes albopictus* Dewasa dengan Metode Direct PCR
Rachma Widya Pangesti, Prof. dr. Tri Baskoro Tunggul Satoto, MSc., Ph.D; dr. Alfin Harjuno Dwiputro, M.Sc
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari <http://etd.repository.ugm.ac.id/>

**PDETEKSI MUTASI F1534C PADA *AEDES ALBOPICTUS*
DEWASA DENGAN METODE *DIRECT* PCR**

SKRIPSI SARJANA

Diajukan kepada Dewan Penguji sebagai Pemenuhan Sebagian Persyaratan Gelar
Sarjana Kedokteran di Fakultas Kedokteran, Kesehatan Masyarakat, dan
Keperawatan Universitas Gadjah Mada



Disusun oleh:

RACHMA WIDYA PANGESTI

22/497658/KU/24052

**PROGRAM STUDI KEDOKTERAN
FAKULTAS KEDOKTERAN, KESEHATAN MASYARAKAT,
DAN KEPERAWATAN
UNIVERSITAS GADJAH MADA
YOGYAKARTA**

2026



HALAMAN PENGESAHAN

HALAMAN PENGESAHAN

DETEKSI MUTASI F1534C PADA *AEDES ALBOPICTUS* DEWASA DENGAN METODE *DIRECT* PCR

SKRIPSI

Untuk Memenuhi Sebagai Syarat Memperoleh Derajat Sarjana Kedokteran
Fakultas Kedokteran, Kesehatan Masyarakat, dan Keperawatan
Universitas Gadjah Mada
Disusun Oleh:

RACHMA WIDYA PANGESTI
22/497658/KU/24052

Telah diuji dan disetujui pada tanggal 27 Februari 2026

Tim Penguji Skripsi

Pembimbing Materi

Pembimbing Metodologi

Dosen Pakar

Prof. dr. Tri Baskoro Tunggul
Satoto, MSc., Ph.D

dr. Alfin Harjuno Dwiputro,
M.Sc

dr. Yogik Onky Silvana Wijaya,
Ph.D.

NIP: 195804121986011001

NIP: 111199709202408101

NIP: 111199007202201101

Mengetahui,

Ketua Program Studi Kedokteran

Fakultas Kedokteran, Kesehatan Masyarakat, dan Keperawatan

Universitas Gadjah Mada

Prof. dr. Eggi Arguni, M.Sc., Ph.D., Sp.A(K)
NIP 197404122008012010



HALAMAN PERNYATAAN

Saya yang bertanda tangan di bawah ini :

Nama : Rachma Widya Pangesti

NIM : 22/497658/KU/24052

Tahun terdaftar : 2022

Program studi : Kedokteran

Fakultas : Kedokteran, Kesehatan Masyarakat, dan Keperawatan

menyatakan bahwa dalam skripsi ini tidak terdapat karya yang pernah diajukan untuk memperoleh gelar kesarjanaan di perguruan tinggi, dan sebagaimana penulis tidak terdapat karya atau pendapat yang pernah ditulis atau diterbitkan oleh orang lain, kecuali yang secara tertulis dicau dalam naskah ini dan disebutkan dalam daftar pustaka.

Dengan demikian saya menyatakan bahwa dokumen ilmiah ini bebas dari unsur-unsur plagiasi dan apabila dokumen ilmiah skripsi ini di kemudian hari terbukti merupakan plagiasi dari hasil karya penulis lain dan/atau dengan sengaja mengajukan karya atau pendapat hasil karya penulis, maka penulis bersedia menerima sanksi akademik dan/atau sanksi hukum yang berlaku.

Yogyakarta, 27 Febuari 2026

Penulis,



Rachma Widya Pangesti
22/497658/KU/24052



PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Tuhan Yang Maha Esa yang telah memberikan karunia kesehatan, akal, dan kesempatan kepada penulis untuk dapat menyelesaikan dengan lancar skripsi yang berjudul “Deteksi Mutasi F1534C pada *Aedes albopictus* Dewasa dengan Metode *Direct PCR*”

Dalam penulisan skripsi ini penulis banyak mendapatkan dukungan dan saran dari berbagai pihak selama proses penyusunan skripsi. Oleh karena itu, penulis ingin mengucapkan terima kasih kepada:

1. Prof. dr. Tri Baskoro Tunggal Satoto, MSc., Ph.D, selaku dosen pembimbing materi atas kesediannya dalam membimbing, memberikan arahan, serta saran selama proses penyusunan skripsi.
2. dr. Alfin Harjuno Dwiputro, M.Sc, selaku dosen pembimbing metodologi atas kesediannya dalam membimbing, memberikan arahan, serta saran selama proses penyusunan skripsi.
3. dr. Yogik Onky Silvana Wijaya, Ph.D., selaku dosen penguji telah meluangkan waktu dan memberikan kritik dan saran terhadap skripsi penulis.
4. Muhammad Faizal Dian Febriantoro, suami tercinta, yang selalu memberikan dukungan, semangat, dan cinta tanpa henti, sehingga saya dapat menyelesaikan skripsi ini dengan penuh ketekunan.
5. Fara Naya Avicenna, anak saya tercinta, yang selalu menjadi sumber kebahagiaan dan motivasi dalam setiap langkah saya.
6. Orang Tua Saya Bapak, Bunda, Abah, Umi, yang telah memberikan doa, kasih sayang, dan dukungan sepanjang perjalanan hidup saya, sehingga saya bisa sampai pada titik ini.
7. Yusuf, Haris, Hanun, Reza, Hana, Najid, adik-adik terkasih, yang selalu memberikan dukungan dan semangat dalam menjalani hari-hari penuh tantangan.



8. Sahabat seperjuangan saya Zanedta, Hijry, Lucy, Vinda, Odivici, Dara Sekar, Andini, Alifia Zahra, Yemima, Rahma Indah, yang selalu memberikan semangat, dukungan, dan kebersamaan sepanjang perjalanan penulisan skripsi ini, serta selalu ada untuk memberikan bantuan dan keceriaan dalam setiap langkah akademik saya.
9. Staf-staf Departemen Parasitologi FK-KMK UGM, yang telah memberikan dukungan, fasilitas, dan bantuan dalam proses penelitian dan penyusunan skripsi ini.

Penulis menyadari bahwa skripsi ini tidak luput dari kesalahan dan kekurangan. Penulis memohon maaf apabila terdapat kesalahan dalam skripsi ini. Penulis berharap kepada semua pihak agar dapat memberikan kritik dan saran yang membangun guna membantu penulis untuk membuat karya yang lebih baik ke depannya. Akhir kata penulis berharap skripsi ini dapat bermanfaat dan menjadi sumber informasi kepada pembaca.



DAFTAR ISI

HALAMAN JUDUL	i
HALAMAN PENGESAHAN	ii
HALAMAN PERNYATAAN.....	iii
PRAKATA	iv
DAFTAR ISI.....	vi
DAFTAR TABEL.....	vii
DAFTAR GAMBAR.....	viii
ABSTRAK	ix
ABSTRACT	x
BAB I PENDAHULUAN.....	1
A. Latar Belakang.....	1
B. Rumusan Masalah.....	3
C. Tujuan Penelitian	3
D. Manfaat Penelitian	3
E. Keabsahan Penelitian.....	5
BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....	6
A. Tinjauan Pustaka.....	6
B. Kerangka Teori	17
C. Kerangka Konsep.....	18
BAB III METODE PENELITIAN	20
A. Rancangan Penelitian.....	20
B. Lokasi dan Waktu Penelitian	20
D. Variabel Penelitian.....	22
E. Instrumen Penelitan	22
F. Prosedur Penelitian	23
G. Analisis Data.....	25
H. Definisi Operasional Variabel	26
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN.....	27
A. Hasil Penelitian	27
B. Pembahasan	33
C. Keterbatasan Penelitian.....	36
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN	38
A. Kesimpulan	38
B. Saran	38
DAFTAR PUSTAKA	39



DAFTAR TABEL

Tabel 3. 1 Operasional Variabel.....	26
Tabel 3. 2 Jadwal Penelitian.....	Error! Bookmark not defined.
Tabel 4.1 Frekuensi Genotipe dan Frekuensi Alel Mutasi F1534C pada Nyamuk <i>Aedes albopictus</i> Dewasa Kolonisasi Laboratorium Departemen Parasitologi FK-KMK UGM dari Sleman.	27



DAFTAR GAMBAR

Gambar 2. 1 <i>Aedes albopictus</i>	6
Gambar 2. 2 Siklus Hidup <i>Aedes albopictus</i>	7
Gambar 2. 3 Skema topologi VGSC dan lokasi mutasi kdr (termasuk F1534C) pada nyamuk <i>Ae. Albopictus</i>	11
Gambar 2. 4 Kerangka Teori.....	17
Gambar 2. 5 Kerangka Konsep	18
Gambar 3. 1 Persiapan Sampel Nyamuk.....	23
Gambar 3. 2 Rumus Frekuensi genotipe dan alel mutasi F1534C.....	25
Gambar 4. 1 Elektroforesis Gel Agarosa Amplifikasi PCR (Sleman - S1-S15)...	30
Gambar 4. 2 Elektroforesis Gel Agarosa Amplifikasi PCR (Sleman – S15-S28)	30
Gambar 4. 3 Elektroforesis Gel Agarosa Amplifikasi PCR.....	31
Gambar 4. 4 Elektroforesis Gel Agarosa Amplifikasi PCR.....	31



ABSTRAK

Latar Belakang : *Aedes albopictus* merupakan salah satu vektor berbagai penyakit pada manusia. Pengendalian populasi *Aedes albopictus* menjadi tantangan tersendiri karena banyaknya laporan resistensi terhadap insektisida, khususnya golongan piretroid. Piretroid sendiri merupakan insektisida yang bekerja dengan mengganggu *voltage-gated sodium channel* (VGSC) pada sistem syaraf serangga. Salah satu jenis mutasi pada gen VGSC yang kerap ditemukan pada populasi nyamuk ini adalah mutasi F1534C. Saat ini, deteksi mutasi F1534C umumnya melibatkan pemeliharaan nyamuk, isolasi DNA, dan PCR. Penelitian ini menguji penggunaan metode *direct PCR* dengan sampel berupa serangga kering pada *genomic filter paper* tanpa adanya isolasi DNA.

Tujuan : Penelitian ini menilai kemampuan metode *direct PCR* dalam mendeteksi mutasi F1534C pada gen VGSC pada jaringan nyamuk *Aedes albopictus*.

Metode : Penelitian ini adalah deskriptif analitik dengan sampel berupa 60 ekor nyamuk *Aedes albopictus* dewasa yang berasal dari Kabupaten Sleman dan Kabupaten Klaten yang dikolonisasi di Insektarium Departemen Parasitologi FK-KMK UGM. Sampel terdiri atas 30 ekor nyamuk asal Sleman dan 30 ekor nyamuk asal Klaten. Sebanyak 58 sampel dianalisis menggunakan metode *direct PCR* dengan kertas saring genomik sebagai sumber template DNA, sedangkan 2 sampel dianalisis menggunakan PCR konvensional dengan ekstraksi DNA sebagai kontrol positif untuk verifikasi hasil deteksi mutasi F1534C.

Hasil : Analisis genotipe menunjukkan adanya mutasi kdr F1534C pada populasi *Aedes albopictus* yang diteliti. Hasil penelitian Lokasi Sleman menunjukkan bahwa populasi *Aedes albopictus* didominasi oleh genotipe wild-type (FF) dengan frekuensi 93%, sedangkan genotipe heterozigot (FC) ditemukan pada 7% sampel, dan tidak ditemukan mutan homozygot (CC). Frekuensi alel wild-type F mencapai 97%, sementara alel mutan C hanya 3%. Di koleksi nyamuk Klaten, hasil penelitian menunjukkan bahwa frekuensi genotipe *wild-type* (FF) sebesar 43%, genotipe heterozigot (FC) 53%, dan mutan homozygot (CC) 3%. Frekuensi alel *wild-type* F adalah 70%, sementara alel mutan C mencapai 30%.

Kesimpulan : Analisis *direct PCR* pada *Aedes albopictus* dewasa berhasil mengidentifikasi mutasi kdr F1534C pada populasi yang diteliti, sehingga memenuhi tujuan surveilans resistansi.

Kata Kunci : F1534C, *Aedes albopictus*, *direct PCR*, *knockdown resistance* (kdr), Insektisida piretroid.



ABSTRACT

Background: *Aedes albopictus* is one of the vectors of various human diseases. Control of the *Aedes albopictus* population remains a considerable challenge due to numerous reports of insecticide resistance, particularly to pyrethroids. Pyrethroids are insecticides that act by disrupting voltage-gated sodium channels (VGSCs) in the insect nervous system. One type of mutation in the VGSC gene that is frequently detected in mosquito populations is the F1534C mutation. Currently, detection of the F1534C mutation generally involves mosquito rearing, DNA isolation, and PCR. This study examined the use of a direct PCR method using dried insect samples on genomic filter paper without DNA isolation.

Objective: This study aimed to assess the ability of the direct PCR method to detect the F1534C mutation in the VGSC gene in *Aedes albopictus* tissues.

Methods: This research is a descriptive analytical study with samples consisting of 60 adult *Aedes albopictus* mosquitoes originating from Sleman Regency and Klaten Regency that were colonized in the Insectarium of the Department of Parasitology, Faculty of Medicine, Public Health, and Nursing, Gadjah Mada University. The samples comprised 30 mosquitoes from Sleman and 30 mosquitoes from Klaten. A total of 58 samples were analyzed using the direct PCR method with genomic filter paper as the DNA template source, whereas 2 samples were analyzed using conventional PCR with DNA extraction as positive controls to verify the detection of the F1534C mutation.

Results: Genotype analysis demonstrated the presence of the kdr F1534C mutation in the studied *Aedes albopictus* population. The results from the Sleman location indicated that the population of *Aedes albopictus* was predominantly composed of the wild-type genotype (FF) with a frequency of 93%, while the heterozygous genotype (FC) was found in 7% of the samples, and no homozygous mutant (CC) was observed. The frequency of the wild-type allele F was 97%, while the mutant allele C was only 3%. In the Klaten mosquito collection, the study showed that the frequency of the wild-type genotype (FF) was 43%, the heterozygous genotype (FC) was 53%, and the homozygous mutant (CC) was 3%. The frequency of the wild-type allele F was 70%, while the mutant allele C reached 30%.

Conclusion: Direct PCR analysis in adult *Aedes albopictus* successfully identified the kdr F1534C mutation in the studied populations, thereby fulfilling the objective of resistance surveillance.

Keywords: F1534C; *Aedes albopictus*; direct PCR; knockdown resistance (kdr); pyrethroid insecticides.

BAB I

PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Aedes albopictus merupakan salah satu vektor penting yang berperan dalam transmisi penyakit menular berbasis vektor seperti demam berdarah dengue (DBD), chikungunya, dan Zika. Nyamuk ini telah menunjukkan kemampuan adaptasi ekologis yang luas, termasuk kolonisasi daerah periurban dan rural, menjadikannya tantangan besar dalam strategi pengendalian vektor di berbagai wilayah tropis, termasuk Indonesia (Gloria-Soria et al., 2021). Keberhasilan pengendalian vektor sangat bergantung pada efektivitas penggunaan insektisida, khususnya golongan *pyrethroid* yang secara luas diterapkan dalam program pengasapan dan perlindungan rumah tangga. Namun, resistensi insektisida yang berkembang akibat tekanan selektif berkepanjangan menyebabkan efektivitas intervensi ini menurun, dan mendesak perlunya pendekatan baru dalam surveilans molekular (Delrieu et al., 2023).

Mutasi pada gen *Voltage-Gated Sodium Channel* (VGSC), khususnya mutasi F1534C, telah diidentifikasi sebagai salah satu penanda molekular utama resistensi *knockdown* (kdr) terhadap *pyrethroid* tipe I seperti permethrin. Mutasi ini mengubah residu fenilalanin menjadi sistein pada posisi 1534, menyebabkan penurunan afinitas insektisida terhadap kanal natrium saraf nyamuk, dan secara fenotipik meningkatkan ketahanan nyamuk terhadap insektisida (Ma et al., 2024). Studi terkini pada populasi *Aedes albopictus* menunjukkan distribusi alel mutan F1534C dalam penelitian di India, sekitar 12,5% individu heterozigot (F/C) dan 6% homo-zigot mutan (C/C), sedangkan sisanya (sekitar 81%) masih homo-zigot liar (F/F) (Modak et al., 2022). Data tersebut mengindikasikan bahwa mutasi F1534C sudah terdeteksi pada populasi *wild-type Aedes albopictus*, dan kemungkinan prevalensi ini bervariasi antar lokasi. Oleh karena itu, keberadaan F1534C dalam populasi lokal perlu dipantau secara rutin karena potensi besar

memengaruhi keberhasilan program pengendalian berbasis insektisida.

Surveilans molekular terhadap mutasi kdr umumnya dilakukan dengan metode konvensional seperti PCR berbasis DNA isolat, yang memerlukan prosedur ekstraksi genomik yang relatif kompleks dan memakan waktu. Prosedur ini tidak hanya meningkatkan kebutuhan logistik dan biaya, tetapi juga membuka celah kesalahan manusia (*human error*) dalam proses pemrosesan sampel. Oleh karena itu, pendekatan alternatif berbasis *direct PCR* mulai dikembangkan untuk memangkas tahapan analisis dan meningkatkan efisiensi deteksi mutasi, terutama di wilayah dengan keterbatasan laboratorium molekular. Metode ini memungkinkan amplifikasi DNA langsung dari jaringan serangga tanpa melalui ekstraksi DNA, dengan waktu dan biaya yang lebih efisien (Asif et al., 2021)

Teknik *Allele Specific PCR* (AS-PCR) yang dikombinasikan dengan pendekatan *direct PCR* memungkinkan deteksi mutasi spesifik seperti F1534C secara cepat, presisi, dan hemat sumber daya. Inovasi ini dinilai sangat potensial dalam menunjang kebutuhan surveilans genetik yang terstandar dan mudah diaplikasikan di lapangan. Hasil studi eksperimental sebelumnya menunjukkan bahwa metode ini mampu mengidentifikasi genotipe mutan dengan akurasi yang sebanding dengan metode berbasis ekstraksi DNA, sekaligus mengurangi risiko kontaminasi silang (Asif et al., 2021). Dalam konteks Indonesia, yang memiliki tantangan geografis dan infrastruktur, pengembangan *direct PCR* sebagai alat surveilans sangat relevan dalam meningkatkan respons cepat terhadap resistensi vektor.

Urgensi untuk mendeteksi mutasi F1534C dengan metode yang cepat dan efisien sangat berkaitan dengan upaya pelibatan kebijakan berbasis bukti dalam pengendalian vektor. Deteksi molekular secara *real-time* memungkinkan penyesuaian strategi intervensi insektisida di berbagai daerah endemis secara lebih adaptif. Selain itu, keberhasilan integrasi *direct PCR* dalam pemantauan resistensi di lapangan dapat mendorong lahirnya sistem surveilans molekular yang bersifat komunitas, yang memperkuat sistem kesehatan berbasis masyarakat dan pemetaan genetik vektor secara luas