

IDENTIFIKASI TUNGAU (MACRONYSSIDAE : *OPHIONYSSUS*) PADA ULAR SECARA MORFOLOGI DAN MOLEKULER

Laily Zuhdiana Aslihah
15/388348/PKH/00547

INTISARI

Ular cukup sering dilalulintaskan sebagai hewan hidup maupun dalam bentuk kulit. *Ophionyssus natricis* lebih dikenal dengan nama *snake mite* merupakan vektor beberapa patogen penting pada ular dan memiliki distribusi luas. Deteksi dan identifikasi awal tungau sangat penting untuk menentukan tindakan pencegahan dan penanganan penyakit yang lebih dini serta mencegah penularannya. Penelitian ini bertujuan mengetahui morfologi, ultrastruktur dan variasi genetik tungau dari 4 famili ular (Pythonidae, Boidae, Colubridae, Elaphidae). Sampel tungau diambil dari 17 ekor ular yang berasal dari Malang dan Yogyakarta. Semua sampel tungau diidentifikasi secara konvensional menggunakan mikroskop cahaya dan beberapa sampel dengan *Scanning Electrone Microscopy* (SEM) untuk mengamati ultrastruktur permukaan tubuh tungau. Identifikasi molekuler dengan metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) menggunakan primer 28S domain 1 - 3 (43F 5' GCT GCG AGT GAA CTG GAA TCA AGC CT-3' ; 929R 5'-AGG TCA CCA TCT TTC GGG TC-3'). Sekuensing dilakukan terhadap 6 sampel tungau. Hasil identifikasi morfologi menggunakan kunci identifikasi menunjukkan tungau yang diteliti adalah *Ophionyssus natricis*. Pemeriksaan ultrastruktur menunjukkan plat anal tungau asal Malang memiliki 4 *setae* dan tungau asal Yogyakarta 3 *setae*. Analisis filogenetika berdasarkan metode *Neighbor-Joining* dan *Maximum Parsimony* menunjukkan 4 sampel tungau adalah *O. natricis* dan 2 sampel tungau bukan *O. natricis*. Penelitian ini menunjukkan terdapat keberagaman tungau *Ophionyssus* yang menginfestasi ular dan juga berpotensi sebagai vektor.

Kata kunci : tungau, ular, SEM, molekuler, 28S

MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR IDENTIFICATION OF ACARI (MACRONYSSIDAE: *OPHIONYSSUS*) PARASITIC ON SNAKES

Laily Zuhdiana Aslihah
15/388348/PKH/00547

ABSTRACT

Animal trade has reached worldwide proportions and involves a variety of animals such as snakes, incorporates the transmission of many zoonotic diseases and vectors. *Ophionyssus natricis* known snake mite is the most widespread mite-pest of captive reptiles and vector of some important pathogens in snakes. Early detection and identification of mites is essential to determine early prevention and treatment of the disease and prevent transmission. This study aims to determine the morphology, ultrastructure and genetic variation of mites from 4 families of snakes (Pythonidae, Boidae, Colubridae, Elaphidae). Mite samples were taken from 17 snakes from Malang and Yogyakarta. All samples of mites are identified by a light microscope. Scanning Electrone Microscopy (SEM) observe surface ultrastructures of some mites. Molecular identification by Polymerase Chain Reaction (PCR) method using primary 28S domains 1-3 (43F 5'-GCT GCG AGT GAA CTG GAA TCA AGC CT-3'; 929R 5'-AGG TCA CCA TCT TTC GGG TC-3'). Sequencing was conducted on 6 samples of mites. The results of morphological identification followed the keys indicate the mites studied are *Ophionyssus natricis*. Ultrastructure examination showed anal plate of mites from Malang have 4 setae and mites from Yogyakarta have 3 setae. Phylogenetic analysis based on Neighbor-Joining and Maximum Parsimony methods showed 4 samples of mites were *O. natricis* and 2 samples of mites instead of *O. natricis*. The result of this study showed a diversity of *Ophionyssus* that infest snakes and also potentially as vectors.

Keywords: mites, snakes, SEM, molecular, 28S rDNA