

ABSTRAK

IDENTIFIKASI MORFOLOGI DAN MOLEKULER CAPLAK ANJING *Rhipicephalus sanguineus* BERDASARKAN SEKUEN DNA MITOKONDRIA GEN 16S rRNA

Adi Nur Rohman

22/497950/KH/11288

Caplak keras (*Ixodidae*) merupakan ektoparasit yang sering menginfestasi anjing dan berperan sebagai vektor berbagai agen penyakit yang berdampak pada kesehatan hewan maupun manusia. Spesies caplak yang umum ditemukan adalah *Rhipicephalus sanguineus* yang memiliki distribusi luas di daerah tropis dan subtropis. Identifikasi caplak secara konvensional berdasarkan morfologi memiliki keterbatasan akibat kemiripan karakter antar spesies, sehingga diperlukan pendekatan molekuler yang lebih akurat. Salah satunya metode yang dapat digunakan adalah identifikasi secara molekuler dengan marka DNA mitokondria gen 16S rRNA. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi caplak anjing asal Sleman, Daerah Istimewa Yogyakarta secara morfologi dan molekuler berdasarkan gen 16S rRNA serta menganalisis hubungan kekerabatan dengan isolat berbagai negara lain. Sampel caplak diperoleh dari daerah Sleman, Daerah Istimewa Yogyakarta. Isolasi DNA caplak dilakukan menggunakan *Thermo Scientific GeneJET Genomic DNA Purification Kit*. Hasil isolasi DNA kemudian diamplifikasi menggunakan teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan primer 16S+1 dan 16S-1. Hasil amplifikasi berupa ampikon berukuran 455 bp. Sampel kemudian dilakukan sekuensing di LPPT UGM. Analisis sekuens dilakukan dengan *software Molecular Evolutionary Genetic Analysis* (MEGA) versi 12. Hasil analisis meliputi jumlah perbedaan nukleotida, komposisi nukleotida, rasio transisi terhadap transversi, penentuan jarak genetik, dan rekonstruksi pohon filogenetik. Analisis berdasarkan jarak genetik dengan metode Kimura 2-parameter mendapatkan hasil 0,01 terhadap isolat *R. sanguineus* Taiwan. Konstruksi pohon filogenetik berdasarkan gen 16S rRNA menggunakan metode *Neighbour-Joining* memiliki kedekatan genetik dengan *R. sanguineus* Taiwan dengan nilai bootstrap 100, yang mengindikasikan kedekatan genetik yang tinggi. Hasil penelitian ini dapat disimpulkan bahwa isolat caplak asal Sleman teridentifikasi sebagai *Rhipicephalus sanguineus* dan memiliki kedekatan genetik dengan isolat asal Taiwan.

Kata kunci: *Rhipicephalus sanguineus*, *Polymerase Chain Reaction*, 16S rRNA, analisis filogenetik, *Neighbour-Joining*

ABSTRACT

MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR IDENTIFICATION OF THE DOG TICK *Rhipicephalus sanguineus* BASED ON MITOCHONDRIAL DNA 16S rRNA GENE SEQUENCES

Adi Nur Rohman

22/497950/KH/11288

Hard ticks (*Ixodidae*) are ectoparasites that commonly infest dogs and act as vectors for various pathogens affecting both animal and human health. One of the most commonly found tick species is *Rhipicephalus sanguineus*, which has a wide distribution in tropical and subtropical regions. Conventional tick identification based on morphological characteristics has limitations due to similarities among species; therefore, a more accurate molecular approach is required. One molecular method that can be used is identification based on the mitochondrial DNA marker of the 16S rRNA gene. This study aimed to identify dog ticks collected from Sleman, Special Region of Yogyakarta, based on morphological and molecular characteristics using the 16S rRNA gene and to analyze their phylogenetic relationship with isolates from various countries. Tick samples were collected from Sleman, Special Region of Yogyakarta. DNA isolation was performed using the Thermo Scientific GeneJET Genomic DNA Purification Kit. The isolated DNA was amplified using the Polymerase Chain Reaction (PCR) technique with 16S+1 and 16S-1 primers, resulting in an amplicon size of 455 bp. The samples were subsequently sequenced at the Integrated Research and Testing Laboratory (LPPT), Universitas Gadjah Mada. Sequence analysis was conducted using MEGA version 12. The analyses included nucleotide differences, nucleotide composition, transition/transversion ratio, genetic distance estimation, and phylogenetic tree reconstruction. Genetic distance analysis using the Kimura 2-parameter method showed a value of 0.01 compared to the Taiwan isolate of *Rhipicephalus sanguineus*. Phylogenetic tree reconstruction based on the 16S rRNA gene using the Neighbour-Joining method demonstrated a close genetic relationship with the Taiwan isolate, supported by a bootstrap value of 100, indicating a high level of genetic similarity. It can be concluded that the tick isolate from Sleman was identified as *Rhipicephalus sanguineus* and showed close genetic relatedness to the Taiwan isolate.

Key words: *Rhipicephalus sanguineus*, Polymerase Chain Reaction, 16S rRNA, phylogenetic analysis, Neighbour-Joining