

## ABSTRACT

**Background:** Leptospirosis is a common zoonotic disease worldwide. Genotyping of the causative organisms provides important insight into diseases transmission and informs preventive strategies and vaccine development. Multilocus sequence typing (MLST) is the most widespread genotyping methodology for pathogenic *Leptospira*.

**Objective:** To find the genetic variation of *Leptospira* in Demak and Jakarta using phylogenetic analysis, to elucidate variation of pathogenic *Leptospira* circulate in Demak and Jakarta using MLST method.

**Methods:** This is an observational study. 108 samples were taken from Demak and Jakarta. Genetic variation was detected by phylogenetic analysis and MLST method. Analysis genetic variation was performed using MEGA 7 and SEAVIEW4 software.

**Result:** From 108 samples we analyzed, 3 samples was positive in six different gene and we analyzed with MLST method and found samples from Demak related to *L. interrogans* and *L. kirschneri* meanwhile sample from Jakarta founded to be in different clusters with *leptospira* isolates but related to *Leptospira interrogans* with LipL32 gene.

**Conclusion:** There were several genetic variation of pathogenic *leptospira* circulates in Demak and Jakarta which was corresponds to *L. interrogans*, *L. kirschneri* and *L. borgpetersenii*.

**Keywords:** *Leptospira*, Genetic variations, Phylogenetic, MLST

## INTISARI

**Latar belakang:** Leptospirosis adalah penyakit zoonosis yang penyebarannya luas diseluruh dunia. Mengetahui eanekaragaman genotipe pada Leptospirosis dapat membantu dalam pencegahan penyakit, dan pengembangan vaksin. Metode Multilocus sequence typing (MLST) adalah metode yang paling luas penggunaannya untuk mengetahui leptospira patogen.

**Tujuan:** Untuk mengetahui variasi genetik Leptospira di Demak dan Jakarta menggunakan analisis filogenetik, untuk menjelaskan variasi patogen Leptospira yang beredar di Demak dan Jakarta menggunakan metode MLST.

**Metode:** Penelitian observasional. 108 sampel diambil dari Demak dan Jakarta. Variasi genetik dideteksi dengan analisis filogenetik dan metode MLST. Analisis variasi genetik dilakukan dengan menggunakan aplikasi MEGA 7 dan SEAVIEW4.

**Hasil:** Dari 108 sampel yang telah di analisis, 3 sampel positif dalam enam gen yang berbeda dan dengan metode MLST kami menemukan sampel dari Demak memiliki kekerabatan dengan *L. interrogans* dan *L. kirschneri* sementara itu sampel dari Jakarta ditemukan dalam kelompok berbeda dengan isolat *leptospira* tetapi terkait dengan *Leptospira interrogans* dengan gen *LipL32*.

**Kesimpulan:** Ada beberapa variasi genetik dari leptospira patogen yang bersirkulasi di Demak dan Jakarta yang memiliki kekerabatan yang dekat dengan *L. interrogans*, *L. kirschneri* dan *L. borgpetersenii*.

**Kata kunci:** Leptospira, Variasi genetik, Filogenetik, MLST