

IDENTIFIKASI MORFOLOGI DAN MOLEKULER AMPHISTOMES PADA GAJAH SUMATERA (*Elephas maximus sumatranus*) DI TAMAN NASIONAL WAY KAMBAS

Lintang Winantya Firdausy
16/407467/PKH/00605

INTISARI

Amphistomes merupakan sebutan trematoda yang berasal dari *superfamily* Paramphistomoidea. Parasit ini memiliki distribusi penyebaran yang luas dan mampu menginfeksi berbagai jenis vertebrata. Kejadian amphistomiasis di Indonesia sering terjadi, baik pada ternak maupun satwa liar, seperti Gajah Sumatera, tetapi jenis spesifik *amphistomes* yang menginfeksi, sangat jarang dilaporkan. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui morfologi, ultrastruktur, dan data sekuen molekul DNA *amphistomes* yang menginfeksi Gajah Sumatera. Sampel yang digunakan berupa *amphistomes* yang berasal dari Gajah Sumatera yang berada di kawasan ERU Tegal Yoso (*amphistome* T), ERU Margahayu (*amphistome* M), dan ERU Bungur (*amphistome* B). Metode yang digunakan dalam penelitian ini yaitu pengecatan menggunakan *Semichon's carmine* untuk identifikasi morfologi, *scanning electron microscope* (SEM) untuk melihat ultrastruktur *amphistomes*, serta *Polymerase Chain Reaction* (PCR) menggunakan primer *Internal Transcribed Spacer 2* (ITS2) GA1 (5'-AGA ACA TCG ACA TCT TGA AC-3') dan BD2 (5'-TAT GCT TAA ATT CAG CGG GT-3') untuk identifikasi molekuler. Hasil pengecatan diidentifikasi menggunakan kunci identifikasi trematoda dan hasil sekuen nukleotida diolah lebih lanjut menggunakan *software* MEGA dan BLAST. Hasil identifikasi morfologi menunjukkan bahwa ada dua jenis *amphistomes*, salah satu diduga berasal dari genus *Pfenderius* sp., yaitu *amphistome* T, sedangkan *amphistomes* M dan B berasal dari *superfamily* Paramphistomoidea. Hasil pemeriksaan ultrastruktur sampel *amphistomes* T, M, dan B tidak menunjukkan adanya bagian spesifik yang hanya dimiliki oleh spesies tertentu, sehingga pemeriksaan menggunakan SEM kurang mendukung proses identifikasi. Analisis hasil sekuen didapatkan 317 nukleotida dengan perbedaan antara *amphistome* M dengan B sebanyak 0 nukleotida dan *amphistome* T dengan M maupun B sebanyak 44 nukleotida. *Amphistome* T memiliki kekerabatan terdekat dengan *Paramphistomidae* sp. (MF678652) dan *Paramphistomum cervi* (KU365321) dengan jarak genetik 14,6%, sedangkan *amphistome* M dan B memiliki kekerabatan terdekat dengan *Gastrodiscoides hominis* (KT777941) dengan jarak genetik sebesar 2,3%

Kata kunci: *amphistomes*, Gajah Sumatera, morfologi, SEM, ITS-2

**MORPHOLOGY AND MOLECULAR IDENTIFICATION OF
AMPHISTOMES FROM SUMATRAN ELEPHANT (*Elephas maximus
sumatranus*) IN WAY KAMBAS NATIONAL PARK**

**Lintang Winantya Firdausy
16/407467/PKH/00605**

ABSTRACT

Amphistomes is a members of the Platyhelminthes. Based on their body shape are classified into the superfamily of Paramphistomoidea. This parasite has a wide distribution and capable to infecting various of vertebrates. The occurrence of amphistomiasis in Indonesia are common both in livestock and some endemic wildlife, such as Sumatran elephants, but the specific species that caused amphistomiasis are rarely report. The aim of this study is to identify the amphistomes from Sumatran elephant using the morphology, ultrastructure, and sequence data of amphistomes DNA. Amphistomes were collected from Sumatran elephants that lived in ERU Tegal Yoso (amphistome T), ERU Margahayu (amphistome M), and ERU Bungur (amphistome B). The methods used in this research were staining for morphological identification using Semichon's camine method, scanning electron microscope (SEM) to see ultrastructure amphistomes, and Polymerase Chain Reaction (PCR) using Transcribed Spacer 2 (ITS2) GA1 (5'-AGA ACA TCG) ACA TCT TGA AC-3') and BD2 (5'-TAT GCT TAA ATT CAG CGG GT-3') for molecular identification. Morphological identification were identified using trematode key identification and the sequences of nucleotide data were analyzed using MEGA and BLAST. The results of morphological identification showed that there were two types of amphistomes. Amphistome T was allegedly originated from the genus of *Pfenderius* sp., while amphistomes M and B were from the superfamily of Paramphistomoidea. Ultrastructure examination results of amphistomes T, M, and B did not show any specific parts that only certain species have, so examination using SEM did not support the identification process. Sequent analysis result obtained 317 nucleotides. The number of difference between amphistomes M and B was 0 nucleotide, while amphistome T with amphistomes M and B were 44 nucleotides. The closest genetic relation of amphistome T was Paramphistomidae sp. (MF678652) and Paramphistomum cervi (KU365321) with genetic distance 14.6%, while amphistome M and B had closest genetic relation with Gastrodiscoides hominis (KT777941) (genetic distance 2.3%).

Keyword: amphistomes, Sumatran Elephant, morphology, ITS-2, SEM