

## Inkriminasi *Anopheles* spp. Sebagai Vektor Malaria Dengan Menggunakan Metode Nested PCR Di Kabupaten Lampung Barat, Propinsi Lampung

Agus Ari Wibowo<sup>1</sup>, Tri Baskoro Tunggul Satoto<sup>2</sup>, Sitti Rahmah Umniyati<sup>2</sup>,

<sup>1</sup>Mahasiswa program magister ilmu kedokteran tropis, fakultas kedokteran-kesehatan masyarakat dan keperawatan, Universitas Gadjah Mada, Indonesia

<sup>2</sup>Departemen parasitologi, fakultas kedokteran-kesehatan masyarakat dan keperawatan, Universitas Gadjah Mada, Indonesia

### INTISARI

**Pengantar:** Malaria telah dilaporkan di 106 negara di dunia, termasuk Indonesia. Ada 10 spesies *Anopheles* yang dicurigai sebagai vector malaria di Propinsi Lampung, dan yang telah terkonfirmasi sebagai vektor adalah *Anopheles sundaicus*. Kasus malaria di Kabupaten Lampung Barat pada tahun 2012 cukup tinggi yaitu 2.431 kasus, dan pada tahun 2016 berhasil diturunkan menjadi 7 kasus yaitu *Plasmodium falciparum* 3 kasus, *Plasmodium vivax* 2 kasus dan infeksi ganda 2 kasus, namun sampai saat ini Kabupaten Lampung Barat belum memiliki data vektor. Penelitian ini bertujuan untuk mendeteksi *Anopheles* spp. sebagai vektor malaria di Kabupaten Lampung Barat.

#### Metode:

Human landing catch digunakan untuk menangkap nyamuk di lokasi habitat hutan dekat dengan pemukiman dan hutan jauh pemukiman di Desa Kubu Perahu, Kecamatan Balik Bukit, Kabupaten Lampung Barat. Identifikasi nyamuk ditegakkan secara mikroskopis. Total DNA nyamuk diisolasi dari caput dan thorax nyamuk sesuai dengan protokol QIAamp DNA mini kit. Sepasang primer PCR, rPLU1 dan rPLU5, digunakan dalam reaksi PCR pertama, sedangkan pasangan lain (rVIV1, rVIV2, rFAL1, rFAL2, Pkr dan Pkf) digunakan dalam reaksi PCR kedua.

**Hasil:** Ada 270 *Anopheles* spp. ditangkap di lokasi pemukiman dekat hutan yaitu: *Anopheles vagus* (257 nyamuk), *Anopheles kochi* (12 nyamuk), *Anopheles maculatus* (1 nyamuk), dan hanya 1 nyamuk *Anopheles* yang ditangkap di habitat hutan yaitu *Anopheles balabacensis*. *Anopheles vagus* paling dominan ditemukan sebesar 95,1%, keragaman spesies *Anopheles* masih tergolong rendah (0,21). Hasil analisis molekuler pakan darah tidak ditemukan darah manusia, sedangkan hasil konfirmasi vektor hanya *An. balabacensis* yang menunjukkan hasil positif untuk *P. knowlesi*. Hasil analisis filogenetik sampel DNA *P. knowlesi* yang diperoleh menunjukkan tingkat kemiripan 99% dengan isolat *P. knowlesi* dari Johor yaitu: JOHOR02.018S, dan Serawak yaitu klon H033H82, dan SWK113. 2.18S.

**Kesimpulan:** Terkonfirmasi vektor alami *P. knowlesi* pada *An. balabacensis* di habitat hutan jauh pemukiman di Kabupaten Lampung Barat.

**Kata kunci:** malaria, *Plasmodium knowlesi*, *Macaca*, *Anopheles balabacensis*, Lampung Barat

## Incrimination *Anopheles* spp. As Malaria Vector Method Using Nested PCR in West Lampung, Lampung

Agus Ari Wibowo<sup>1</sup>, Tri Baskoro Tunggul Satoto<sup>2</sup>, Sitti Rahmah Umniyati<sup>2</sup>,

<sup>1</sup>Graduate student of tropical medicine, Medical school-a public health and nursing, Gadjah  
Mada University, Indonesia

<sup>2</sup>Department of parasitology, medical school-a public health and nursing, Gadjah Mada  
University, Indonesia

### Abstract

**Introduction:** Malaria has been reported in 106 countries in the world, including Lampung Province, Indonesia. There are 10 species of *Anopheles* suspected as malaria vector in Lampung Province, and the one that has been confirmed as vector is *Anopheles sundaicus*. Malaria cases in West Lampung Regency in 2012 were quite high at 2,431 cases, and in 2016 were successfully reduced to 7 cases namely *Plasmodium falciparum* 3 cases, *P. vivax* 2 cases and double infection 2 cases, but until now West Lampung Regency has not had vector data. This study aims to detect *Anopheles* spp. as malaria vector in West Lampung regency.

**Method:** Human Landing Catches were conducted in a settlement location near the forest, and in the remote forest area. Identification of species mosquitoes was performed under a stereo microscope. Total DNA was extracted according to QIAamp DNA Mini Kit protocol. Presence of *Plasmodium* spp was detected using nested PCR. A pair of PCR primers, rPLU1 and rPLU5, were used in the first PCR reaction, while other pairs (rVIV1, rVIV2, rFAL1, rFAL2, Pkr and Pkf) were used in the second PCR reaction.

**Results:** There were 270 *Anopheles* spp caught at a settlement location near the forest namely: *Anopheles vagus* (257 mosquitoes), *Anopheles kochi* (12 mosquitoes), *Anopheles maculatus* (1 mosquito), and only 1 *Anopheles* mosquito caught in a remote forest habitat namely *Anopheles balabacensis*. *Anopheles vagus* is the most dominant mosquitoes found at 95.1%, the diversity of *Anopheles* species was still relatively low (0.21). The results of molecular analysis showed that only *Anopheles balabacensis* showing a positive result for *Plasmodium knowlesi*. The phylogenetic analysis of DNA isolates showed a similarity level of 99% with *Plasmodium knowlesi* isolates from JOHOR02.018S, and *Plasmodium knowlesi* clone H033H82 isolates from Serawak, and *Plasmodium knowlesi* genome isolate SWK113.2.18S.

**Conclusion:** It is confirmed natural vector of *Plasmodium knowlesi* namely *Anopheles balabacensis* in a remote forest habitat in Western Lampung Regency.

**Keywords:** malaria, *Plasmodium knowlesi*, *Macaca*, *Anopheles balabacensis*, West Lampung