

ABSTRAK

KAJIAN CAPLAK KERAS PADA ULAR SANCA BATIK BERDASARKAN SEKUEN DNA MITOKONDRIA GEN 16 rRNA

Raffiqa Nur Aisyah

16/398233/KH/09004

Ular Sanca Batik merupakan jenis ular yang karena memiliki nilai konservasi, nilai ekologi dan mendukung kegiatan ekonomi. Ular tersebut sering terinfeksi caplak keras sehingga merusak kulit dan berakibat menurunkan nilai jual dan dapat menularkan agen penyakit baik ke manusia maupun hewan lainnya. Banyak jenis caplak keras yang belum teridentifikasi berparasit pada ular di wilayah Daerah Istimewa Yogyakarta. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengidentifikasi caplak keras yang menginfeksi ular sanca batik di Daerah Istimewa Yogyakarta. Analisis molekuler dilakukan untuk mendukung keakuratan dari pemeriksaan caplak keras secara morfologi. Identifikasi molekuler dilakukan dengan marka DNA mitokondria gen 16S *rRNA*. Analisis hasil sekuensing di bandingkan dengan data lain dari *GenBank*. Sampel caplak yang digunakan berasal dari ular yang diambil dari daerah Berbah dan Bantul, Daerah Istimewa Yogyakarta. Sampel caplak diisolasi DNANYA dengan menggunakan QIAGEN Kit DNeasy® Blood & Tissue(50). Amplifikasi DNA dilakukan menggunakan teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR) menggunakan primer BOO16PIESF1 dan BOO16PIESR1. Hasil dari proses PCR yaitu produk ampikon berukuran 450 bp. Sampel kemudian di sekuensing untuk menentukan runutan nukleotida. Analisis data dilakukan dengan perangkat lunak MEGA 7.0. Jarak genetik berdasarkan sekuen nukleotida ditentukan dengan metode Kimura 2-parameter. Hasil yang didapatkan yaitu jarak genetik interspesies terkecil yaitu 0% dan jarak terbesar 22,8%. Konstruksi pohon filogenetik berdasarkan sekuen gen 16S rRNA menggunakan metode *Neighbour-Joining* dengan nilai *bootstrap* 1000. Sampel caplak ular yang digunakan dalam penelitian ini memiliki kedekatan genetik dengan *Amblyomma varanense* isolat Thailand.

Kata kunci : Caplak keras, ular sanca batik, DNA mitokondria, nukleotida, sekuensing

ABSTRACT

STUDY OF HARD TICKS INFESTING RETICULATED PHYTHON BASED ON MITOCHONDIAL DNA SEQUENCE GENE 16S rRNA

Raffiqa Nur Aisya

16/398233/KH/09004

Reticulated Python is one of snake species that has conservation value, ecological value and supports economic activities. The snake is often infested with hard ticks that can damage the skin that can decrease its value and can transmit diseases to humans and other animals. Many species of hard ticks that have not been identified have infested on snakes in the Special Region of Yogyakarta. The aim of this study was to identify hard ticks species that infested Reticulated Python in the Special Region of Yogyakarta. Molecular analysis is carried out to support the accuracy of morphological examination of hard ticks. Molecular identification was carried out based on mitochondrial DNA marker 16S rRNA genes. Analysis of sequencing results compared with other data from GenBank. The tick samples used came from snakes taken from the Berbah and Bantul regions, the Special Region of Yogyakarta. The sample of the tick was isolated with DNA using the QIAGEN Kit DNeasy Blood & Tissue (50). DNA amplification was carried out using the Polymerase Chain Reaction (PCR) technique using primers BOO16PIESF1 and BOO16PIESR1. The results of the PCR process are 450 bp amplicon products. The sample is then sequenced to determine the nucleotide sequence. Data analysis was performed with MEGA 7.0 software. Genetic distance based on nucleotide sequences was determined by the Kimura 2-parameter method. The results obtained are the smallest interspecies genetic distance of 0% and the largest distance of 22,8%. Phylogenetic tree construction based on 16S rRNA gene sequences using the Neighbor-Joining method with a bootstrap value of 1000. The snake tick samples used in this study have similar molecular features to *Amblyomma varanense* isolates from Thailand.

Keyword: Hard ticks, Reticulated python, mitochondrial DNA , nucleotide, sequencing