

IDENTIFIKASI MORFOLOGI DAN MOLEKULER *Culicoides* spp. PADA PETERNAKAN AYAM PETELUR KOMERSIAL BERBEDA WILAYAH TOPOGRAFI

Kartika Yuga Wulandari
15/388347/PKH/00546

INTISARI

Culicoides spp. merupakan vektor utama diptera yang paling fokus dipelajari, salah satunya merupakan vektor dari Leucocytozoon yang menyebabkan Leucocytozoonosis. Seratus spesies *Culicoides* spp. tercatat di Indonesia yang tersebar pada 19 daerah provinsi dan menunjukkan adanya keragaman spesies pada masing-masing wilayah. Tujuan penelitian untuk mengidentifikasi keragaman spesies dan variasi genetik *Culicoides* spp. di peternakan ayam petelur komersial pada wilayah dengan topografi yang berbeda. Sampel diperoleh dari peternakan ayam petelur komersial di Kecamatan Sentolo, Kabupaten Kulon Progo (\pm 78 mdpl); Kecamatan Pakem, Kabupaten Sleman (\pm 371 mdpl); Kecamatan Cangkringan, Kabupaten Sleman (\pm 745 mdpl). Koleksi sampel menggunakan perangkat serangga berupa perangkat lampu *New Jersey Standard* tipe #2858 selama 12 jam dimulai dari jam 18.00 WIB hingga jam 06.00 WIB. Identifikasi spesies secara morfologi dengan pengamatan mikroskopik menggunakan mikroskop *dissect* dan diklasifikasikan berdasarkan kunci identifikasi dari With dan Hubbert. Identifikasi molekuler dengan metode *polymerase chain reaction* (PCR) menggunakan primer universal 18S, kemudian dilanjutkan sekuensing. Hasil identifikasi morfologi dianalisis secara deskriptif sedangkan hasil identifikasi molekuler dianalisis menggunakan metode *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST) dan *software Molecular Evolutionary Genetics Analysis* (MEGA). Hasil penelitian diperoleh delapan spesies yaitu *C. arakawae*, *C. huffi*, *C. oxystoma*, *C. guttifer*, *C. sumatrae*, *C. peregrinus*, *C. palpifer*, dan *C. fulvus*. Terdapat keragaman spesies pada ketiga wilayah penelitian. *Culicoides arakawae* merupakan spesies yang dominan ditemukan di Sentolo, sedangkan di Pakem adalah *C. huffi* dan di Cangkringan adalah spesies *C. fulvus*. Hasil koleksi *Culicoides* di Sentolo paling banyak yaitu sebanyak 270 ekor. Terdapat keragaman genetik pada spesies *C. peregrinus* sebesar 0,5%, sedangkan pada spesies *C. arakawae* dan *C. huffi* di masing-masing wilayah tidak terdapat keragaman genetik atau homolog 100%. Hubungan kekerabatan *C. arakawae* lebih dekat dengan *C. peregrinus* dibandingkan dengan *C. huffi*. Jarak genetik sampel yang diteliti dengan *Culicoides* sp. A2 (GenBank LC128700.1) berkisar 4,8 - 5,8 % (homologi 94,2 - 95,2%).

Kata kunci: Identifikasi, *Culicoides* spp, gen 18S, topografi.

**MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR IDENTIFICATION OF
Culicoides spp. ON COMMERCIAL EGG – LAYING FARMS
WITH DIFFERENT TOPOGRAPHIES**

Kartika Yuga Wulandari
15/388347 / PKH / 00546

ABSTRACT

Culicoides spp. is the most studied vector, one of which is a vector of Leucocytozoon that causes Leucocytozoonosis. One hundred species of *Culicoides* spp. notes in Indonesia are scattered in 19 provinces and indicate the presence of species diversity in each region. This study aims to identify species diversity and genetic variation of *Culicoides* spp. on commercial egg - laying farms with different topographies. Midges were obtained from laying farm in Sentolo, Kulon Progo (altitude ± 78 m); Pakem, Sleman (altitude ± 371 m); Cangkringan, Sleman (altitude ± 745 m). Midges were collected by light trap (New Jersey Standard #2858) for 12 hours, from 6 p.m. to 6 a.m. Morphological identification using dissect microscope and classified by key identification of With and Hubbert. Molecular identification using the primary universal 18S, followed by sequencing. The results of morphological identification were analyzed descriptively while the result of molecular identification was analyzed using Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) and Molecular Evalutionary Genetics Analysis (MEGA) software. Eight species were found in this study, there are *C. arakawae*, *C. huffi*, *C. oxystoma*, *C. guttifer*, *C. sumatrae*, *C. peregrinus*, *C. palpifer*, and *C. fulvus*. There are species diversity in the three research areas. *Culicoides arakawae* is the dominant species found in Sentolo, while in Pakem is *C. huffi* and in Cangkringan is *C. fulvus*. Collection of *Culicoides* at Sentolo is the most found (270 midges). There is a genetic diversity in *C. peregrinus* species of 0.5%, whereas species *C. arakawae* and *C. huffi* in each region have no genetic diversity (homology 100%). Relationship of *C. arakawae* is closer to *C. peregrinus* compared with *C. huffi*. The genetic distance of the studied sample with *Culicoides* sp. A2 (GenBank LC128700.1) ranged from 4.8 to 5.8% (homology 94.2 - 95.2%).

Keywords: Identification, *Culicoides* spp, gene 18S, topography.