

PERGURUAN TINGGI NEGERI WILAYAH BARAT (BKS PTN-B) BADAN KERJASAMA BIDANG ILMU MIPA

Dra. Hasmiwati, M.Kes

Sebagai PEMAKALAH

PADA KEGIATAN
SEMINAR DAN RAPAT TAHUNAN BIDANG ILMU MIPA

“PERAN MIPA DALAM PENGEMBANGAN SUMBER DAYA MANUSIA DAN SUMBER DAYA ALAM”

FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM UNIVERSITAS NEGERI MEDAN
HOTEL MADANI – MEDAN, 11 s.d. 12 MEI 2012

Medan, 12 Mei 2012

BKS PTN BARAT
KOORDINATOR BIDANG ILMU MIPA,

Prof. Dr. H. Emriadi, M. S.

NIP. 19620409 198703 1 003

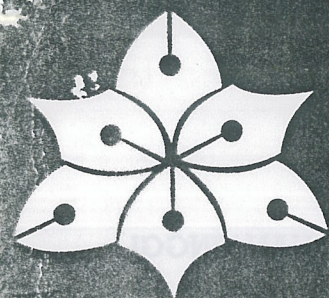
KETUA PELAKSANA,

Drs. Pasar Maulim Silitonga, M. S.

NIP. 19590907 198503 1 003



2012



**BKS PTN-BWIPA
2012**

mti

Prosiding

**BIDANG
BIOLOGI**

SEMINAR & RAPAT TAHUNAN

BKS-PTN B Tahun 2012

BIDANG ILMU MIPA

**Badan Kerjasama Perguruan Tinggi Negeri
Wilayah Barat**

Tema :

*Peran MIPA dalam Pengembangan
SDM dan SDA*

Hotel Madani Medan

11 - 12 Mei 2012



**Penyelenggara
FMIPA
UNIVERSITAS
NEGERI MEDAN**



Jl. Willem Iskandar, Psr V Medan 20221

Telp. (061) 6625970 Medan

www.semirataunimed.com Email: semiratabks2012@yahoo.co.id

SUSUNAN PANITIA
SEMINAR DAN RAPAT TAHUNAN BADAN KERJASAMA PERGURUAN TINGGI
NEGERI WILAYAH BARAT (SEMIRATA BKS-PTN B)
BIDANG MIPA TAHUN 2012

Pelindung

Prof. Dr. Ibnu Hadjar, M.Si (Rektor Unimed)
Gatot Pujo Nugroho, ST (Plt. Gubernur Sumatera Utara)
Drs. Rahudman Harahap, MM (Walikota Medan)

Penasehat

Prof. Dr. Emriadi (Ketua BKS-PTN B)
Prof. Dr. Khairil Ansari, M.Si (PR I Unimed)
Drs. Khairul Azmi, M.Pd (PR II Unimed)
Prof. Dr. Biner Ambarita, M.Pd (PR III Unimed)
Prof. Dr. Berlin Sibarani, M.Pd (PR IV Unimed)

Penanggung jawab

Prof. Drs. Motlan, M.Sc, P.hD (Dekan FMIPA Unimed)

Pengarah

Prof. Drs. Manihar Situmorang, M.Sc, P.hD
Drs. Asrin Lubis, M.Pd
Drs. Eidi Sihombing, MS

Ketua: Drs. P. Maulim Silitonga, MS

Ketua 1 : Dr. Marham Sitorus, M.Si

Ketua 2 : Dr. Edi Syahputra, M.Pd

Sekretaris : Alkhafi Maas Siregar, S.Si.,M.Si

Wakil Sekretaris : Juniastel Rajagukguk, S.Si.,M.Si

Bendahara : Dra. Martina Restuati, M.Si

Wakil Bendahara : Dra. Ani Sutiani, M.Si

Koordinator Sekretariat: Drs. M. Yusuf Nasution. MS

Koordinator Makalah/Prosiding :Prof. Dr. Herbert Sipahutar, M.Sc

Koordinator Persidangan : Dr. Nurdin Bukit, M.Si

Koordinator Penerima Tamu : Dra. Nerli Khaerani, M.Si

Koordinator Acara/Protokoler: Dra. Melva Silitonga, M.Si

Koordinator Informasi/Humas/Dokumentasi: Drs. Eddyanto,Ph.D

Koordinator Transportasi, Akomodasi & Rekreasi: Drs. Rahmat Nauli, M.Si

Koordinator Dana : Purwanto, S.Si.,M.Pd

Koordinator Perlengkapan : Yon Rinaldi, S.E.,M.Si

DAFTAR ISI

		Halaman
	Kata Pengantar Editor	
	Kata Sambutan Ketua Panitia	
	Kata Sambutan Ketua BKS-PTN B Bidang MIPA	
	Kata Sambutan Rektor Universitas Negeri Medan	
	DAFTAR ISI	
Abdul Rahman Singkam	Taksonomi <i>Kryptopterus</i> dan <i>Ompok</i> berdasarkan penanda gen <i>cyt b</i> DNA mitokondria	1 - 6
Alimin Mahyudin	Pengaruh Penambahan Serat Pinang Terhadap Sifat Mekanik Pada Gypsum Berserat Alami	7 - 18
Armein Lusi Zeswita	Pola penyebaran Populasi Pensi (<i>corbicula Sumatrana</i>) Pada Dua Danau Di Kabupaten Solok Sumatra Barat	19 - 23
Depitra Wiyaguna	Analisa Histologi Ginjal dan Insang Ikan Sapu-sapu (<i>Hypostomus plecostomus</i> Linn.) Pada Sungai Yang Terkena Limbah Pabrik Karet Di Banuaran, Padang	24 - 30
Diana Vivanti	identifikasi dan keanekaragaman tumbuhan epifit vaskular pada pohon inang di jalur hijau tepi jalan raya bogor, jawa barat	31 - 36
Edi Rudi	Karang Indikator Resiliensi Di Perairan Laut Natuna Bagian Selatan Di perairan laut natuna bagian selatan	37 - 43
Effendi Parlindungan Sagala	Indeks keanekaragaman dan indeks saprobik plankton dalam menilai kualitas rawa gambut, dan danau teloko di kecamatan kayuagung, kabupaten ogan komering ilir (OKI), provinsi sumatera selatan	44 - 50
Efrizal	Pengaruh Kombinasi dan Level Pakan Alami Yang Berbeda Terhadap Kelangsungan Hidup dan Perkembangan Larva Rajungan, <i>Portunus pelagicus</i> (Linnaeus, 1758) Secara Terkontrol.	51 - 59
Eka Putri Azrai	Struktur Vegetasi di hutan kota srengseng jakarta barat	60 - 63
Elsa Yuniarti	Kecenderungan pola pewarisan hipertensi pada etnis minangkabau berdasarkan Analysis Pedigree	64 - 69
Endri Junaidi	evaluasi komunitas plankton di sungai borang sekitar lokasi kegiatan pltgu Palembang Timur di kecamatan banyuasin I kabupaten banyuasin sumatera selatan	70 - 76
Erismar Amri	Pengaruh Konsentrasi Ragi Tapai Terhadap Kadar Glukosa dan Bioetanol Pada Fermentasi Umbi Kentang Udara (<i>Dioscorea bulbifera</i> L.)	77 - 81
Erwin Nofyan	pengaruh insektisida profenofos terhadap produksi dan viabilitas kokon cacing tanah <i>pontoscolex corethrus</i> fr. mull	82 - 85
Fahma Wijayanti	biodiversitas dan pola pemilihan sarang kelelawar penghuni gua: studi kasus di gua-gua kawasan karst gombang kabupaten kebumen jawa tengah	86 - 93

Fauziah	Pengaruh Ekstrak N-Heksan Daun Nimba (<i>Azadirachta Indica</i> A.Juss) Terhadap Kadar Sgot Dan Sgpt Tikus (<i>Rattus Novergicus</i>) Jantan	94	-	99
Fauziyah Harahap	Induksi Pertumbuhan Nanas (<i>Ananas Comosus</i> L) In Vitro Asal Pangaribuan Dengan Pemberian Zat Pengatur Tumbuh Kinetin	100	-	107
Gustina Indriati	Pengaruh air rebusan cacing tanah <i>Lumbricus rubellus</i> terhadap pertumbuhan bakteri <i>Escheria coli</i>	108	-	113
Hanifa Marisa	minnieroot (<i>Ruellia turberosa</i>) Ripe Fruit Exploding During A minutes in the water	114	-	116
Hanifa Marisa	minnieroot (<i>Ruellia turberosa</i>) Ripe Fruit Exploding During A minutes in the water	117	-	119
Hanum Isfaeni	Studi Kelimpahan Bintang Bulu Seribu <i>Acanthaster planci</i> (L.) di Pulau Bira Kepulauan Seribu Jakarta	120	-	124
Harlis	Anti_Bacterial Activity Test Galanga Rhizome Extract (<i>Alpiniagalanga linn</i>) On Growth Of <i>Staphylococcus</i> auaerus	125	-	130
Hasmiwati	Variabilitas Genetik <i>Aedes aegypti</i> di Daerah Endemik Demam Berdarah Dengue (DBD) Kota Padang Berdasarkan Primer Sitokrom Oksidasi I (COI) Mitokondria DNA.	131	-	136
Iqbar	Pemanfaatan tumbuhan Sebagai obat herbal oleh masyarakat Di kawasan ekosistem seulawah, aceh	137	-	148
Irdawati	Isolasi Bakteri Termofilik Penghasil Amilase dari Sumber Air Panas Rimbo Panti Pasaman	149	-	154
Irwandi Ansori	Keanekaragaman nimfa odonata (dragonflies) di beberapa persawahan sekitar bandung jawa barat	155	-	162
Izmiarti	Distribusi Pensi <i>Corbicula Moltkiana Prime</i> (Pelecypoda) Di Zona Litoral Danau Maninjau Sumatera Barat	163	-	170
Jarulis	Komposisi aves di lahan calon perkebunan kelapa sawit Pt. Mukomuko agro sejahtera dan daerah sekitarnya, Kabupaten mukomuko provinsi bengkulu	171	-	180
Kasrina	Studi Etnobotani Tumbuhan Obat Tradisional dalam Naskah KA GA NGA Suku Serawai di Propinsi Bengkulu	181	-	188
Khairijon	Struktur komunitas vegetasi mangrove Di muara sungai dumai, riau	189	-	194
Linda Advinda	penyimpanan bakteri pseudomonad fluoresen isolat cas.3 pada berbagai bahan pembawa	195	-	200

VARIABILITAS GENETIK *Aedes aegypti* DI DAERAH ENDEMIK DEMAM BERDARAH DENGUE (DBD) KOTA PADANG BERDASARKAN PRIMER SITOKROM OKSIDASI I (COI) MITOKONDRIA DNA.

Hasmiwati¹, Dahelmi² dan Djong Hon Tjong²

¹Bagian Parasitologi, Fakultas Kedokteran Universitas Andalas, Padang
e-mail: hasmiwati65@gmail.com

²Jurusan Biologi, FMIPA Universitas Andalas, Padang

Abstrak

Variasi genetik nyamuk *Aedes aegypti*(L) dari daerah geografi berbeda menunjukkan kerentanan yang berbeda terhadap infeksi virus dengue dan berhubungan dengan kompetensi vektorialnya. Tujuan penelitian ini adalah mengetahui keragaman/variabilitas genetik *Aedes aegypti* yang berperan sebagai vektor di daerah Endemik DBD kota Padang dengan berdasarkan primer gen sitokrom oksidase I (COI) mitokondria DNA. Metode yang digunakan adalah Polimerase Chain Reaction (PCR) menggunakan primer COI. CI-J-195MTD10 (5' TTGATTTTTTGGTCATCCAGAAGT3') dan 12-N-3014 MTD-12 (5' TCCAATGCAATAATCTGCCATATTA 3'). Pengambilan sampel dilakukan pada 4 lokasi daerah endemik DBD di kota Padang. Di laboratorium dilanjutkan dengan pemeliharaan nyamuk, isolasi DNA, amplifikasi dan sekuensing kemudian dianalisis dengan program Clustal X untuk alignment dan dilanjutkan analisis maximum parsimony, maximum likelihood dan distance tree dengan program Phylip versi 3,68. Hasil alignment 4 sekuen sampel *Aedes aegypti* dari kota Padang dibandingkan dengan 17 sekuen *Aedes aegypti* dari genBank dan 1 out group memperlihatkan dari jumlah 527 site dengan 433 monomorfik site dan 94 polimorfik site, variabel tunggal 37 dan parsimony informatif 37 site. Hasil pohon filogenetik memperlihatkan 3 haploptip dengan 2 cluster dengan 3 subcluster. Hal ini menunjukkan bahwa *Aedes aegypti* yang ada di kota Padang terdiri dari 2 strain yaitu *Aedes aegypti aegypti* dan *Aedes aegypti ferrousus* dan berhubungan dengan tingginya kasus DBD di kota Padang.

Kata Kunci : Variabilitas, *Aedes aegypti*, Sitokrom Oksidasi I, PCR

Abstract

Genetic variation of *Aedes aegypti* (L) from geographical different regions showed different susceptibility to dengue virus infection and is associated with vectorial competence. The aim of this study was to determine the genetic diversity / variability of *Aedes aegypti* which acts as vector in endemic regions of DHF in Padang based on cytochrome oxidation I (COI) gene primer, DNA mitochondria. We used Polymerase Chain Reaction (PCR) methode with COI as a primer. CI-J-195MTD10 (5TTGATTTTTTGGTCATCCAGAAGT3) and 12-N-3014 MTD-12 (5 'TCCAATGCAATAATCTGCCATATTA 3') in this study. Samples were collected from four locations DHF endemic regions in Padang. Futhermore, mosquitoes were reared in laboratory, continued with DNA extraction of mosquitoes, amplifying and sequencing of DNA. Data were analyzed by using Clustal X and relationship within samples were analyzed using Maximum parsimony, Maximum likelihood and Distance tree using Phylip version 3,68. Alignment results of 4 samples of *Aedes aegypti* from Padang were compared with 17 sequences of *Aedes aegypti* from GenBank. One out group showed, from total of the 527 sites, 433 with monomorphic site and 94 with polymorphic site. We found 37 single variable and 37 parsimony informative site. Phylogenetic tree results exhibited that there were 3 haploptypes with two clusters and 3 subcluster. It concluded that *Aedes aegypti* in Padang consisted of two strains of *Aedes aegypti aegypti* and *Aedes aegypti ferrousus*, these findings are related to high prevalence of DHF cases in Padang.

Keywords: Variability, *Aedes aegypti*, Cytochrome Oxidation I, PCR

PENDAHULUAN

Kasus DBD di Sumatera Barat terutama di Kota Padang terus meningkat setiap tahunnya, peningkatan tersebut tidak saja berkaitan dengan angka morbiditas maupun mortalitas, namun juga dalam hal perluasan distribusi geografis epidemik DBD, hal ini disebabkan oleh aktivitas manusia yang berhubungan juga dengan diferensiasi populasi yang rendah dengan aliran gen yang tinggi dalam suatu populasi nyamuk dan juga disebabkan terjadinya pemanasan Global (*Global warming*) yang berpengaruh terhadap kompetensi vektorial nyamuk *Aedes aegypti*.

Variabilitas genetik dapat membentuk strain baru dari nyamuk karena variabilitas genetik berkorelasi dengan adaptasi untuk lulus hidup serta kompetensi vektorial dalam penularan virus dengue. Populasi nyamuk *Ae. aegypti* yang berasal daerah geografis yang berbeda dapat berbeda di dalam perilaku menggigit, kapasitas vektorial dan ciri-ciri kepentingan epidemiologi serta kerentanannya terhadap infeksi virus dengue (Tabachnick, 1991)

Teknologi molekuler yang memiliki sensitifitas dan spesifitas yang tinggi seperti PCR yang telah dikembangkan, dapat digunakan untuk melipat gandakan fragmen DNA secara in vitro. Untuk mengetahui variabilitas genetik nyamuk, perlu dilakukan sekuensing dari hasil penggandaan fragmen DNA tersebut. Dari fragmen-fragmen spesifik DNA yang diamplifikasi dengan menggunakan marker genetik berdasarkan atas gen Sitokrom, Oksidasi I (COI) mtDNA (mitochondrial DNA) dapat berguna untuk mengetahui variabilitas variasi genetik populasi intraspesifik dan pemetaan genetik serta identifikasi strain nyamuk *Ae. aegypti*, hubungan populasi geografis dan arah penyebaran vektor serta membantu menganalisa resiko penularan penyakit. Beebe *et al.* (1995) menggunakan marker ini untuk mengetahui variabilitas genetik nyamuk vektor dengue *Aedes aegypti* di Australia dan implikasi untuk surveilans serta pemantauan penyebarannya. Bracco *et al.* (2007) menggunakan marker gen mtDNA ini untuk mengetahui variabilitas genetik *Ae. aegypti* di Amerika.

Berdasarkan hal tersebut telah dilakukan penelitian tentang fenomena genetik yang menyangkut variabilitas genetik nyamuk vektor DBD *Ae. aegypti* didaerah endemik DBD kota Padang. Hasilnya akan berguna sebagai alat surveilans, penentuan strategi pengendalian dan pengontrolan nyamuk vektor penyakit virus dan studi epidemiologi DBD terutama dalam rangka menurunkan angka morbiditas dan mortalitas penyakit DBD yang ditularkan oleh nyamuk *Ae. aegypti*.

BAHAN DAN METODE

Sampel Nyamuk *Aedes aegypti*

Sampel dari penelitian ini adalah telur nyamuk *Ae. aegypti*. Telur didapatkan dengan memasang perangkap telur (ovitrap). Lokasinya yaitu : Komplek Perumahan Belimbing Kelurahan Kuranji, Komplek SD Islam Budi Mulia Simpang Haru dan Komplek Perumahan Unand Gadut Kelurahan Bandar Buat Padang serta kampus Kedokteran Unand Jati Padang.

Isolasi DNA nyamuk *Ae. aegypti*

Telur nyamuk yang ditangkap dengan ovitrap dipelihara dilaboratorium sampai dewasa. DNA nyamuk diisolasi menurut prosedur (Hoelzel, 1994) yang telah dimodifikasi oleh Anggraini, 1998).

Amplifikasi DNA.

Amplifikasi DNA dilakukan dengan mesin PCR perkin Elmer. Primer yang digunakan CI-J-2195 MTD-10 (5' TTGATTTTTTGGTCATCCAGAAGT3') dan 12-N-3014 MTD-12(5' TCCAATGCAATAATCTGCCATATTA 3') dengan kit RTG-PCR bead (*Ready to Go- PCR bead*). Kondisi PCR yang digunakan adalah : denaturasi awal dengan suhu 94°C selama 1 menit, denaturasi dengan suhu 94°C selama 1 menit, annealing dengan suhu 55°C selama 2 menit, ekstensi dengan suhu 72°C selama 2 menit dilakukan 30 siklus dan ekstensi akhir dengan suhu 72°C selama 10 menit. Hasil amplifikasi DNA dengan dapat diidentifikasi dengan menggunakan gel elektroforesis 1,5 % pada larutan TAE 1x (Sambrook *et al.*, 1989).

Sekuensing DNA

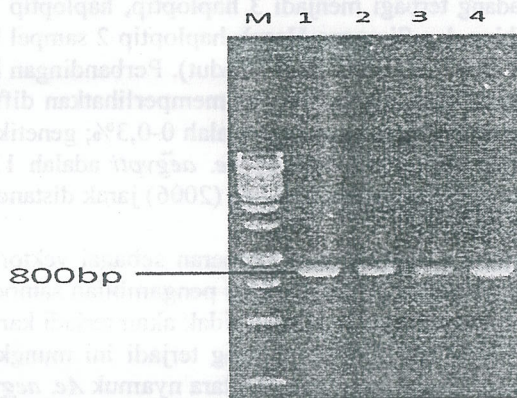
Sekuensing dilakukan menggunakan metode PCR (Sanger, *et al.*, 1985). Kegiatan ini dilakukan di Yayasan Genneka Eijkman Jakarta. Sekuensing dilakukan secara one read direction menggunakan primer COI Fw atau primer COI Rv.

Analisis Data

Alignment data sekuen dilakukan dengan program Clustal X. Hasil alignment kemudian diedit dengan program Bioedit. Selanjutnya dibuat Pohon Filogenetik. Pohon filogenetik dibuat berdasarkan sekuen DNA dengan menggunakan beberapa software yaitu: distance method, parsimony method dan likelihood method. Jarak evolusinya dihitung untuk semua pasangan taxa dan pohon filogenetik dibuat berdasarkan hubungan diantara nilai nilai jarak tersebut. Software yang digunakan adalah Philip versi 3.68 (Felsenstein, 1985) dan PAU*Ver.4.10b (Swofford, 2002)

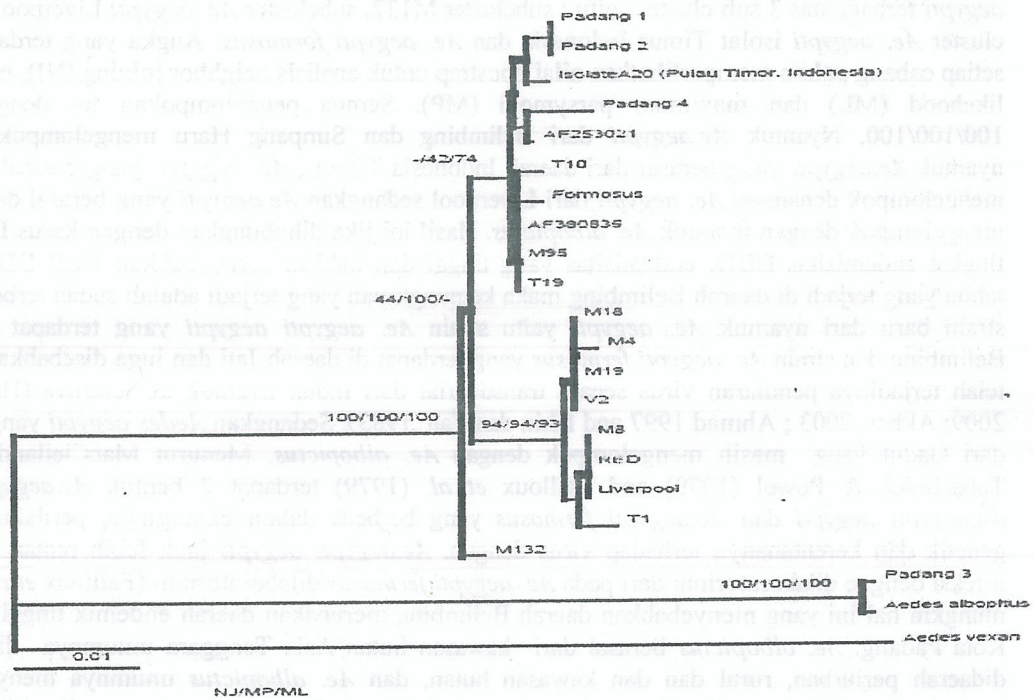
HASIL DAN PEMBAHASAN

Fragmen DNA hasil amplifikasi (Gambar 1) yang didapatkan adalah 800 bp dari 4 populasi nyamuk *Ae.aegypti* di kota Padang .



Gambar 1 : Elektforegram fragmen DNA dengan primer COI . M : Marker, 1. Sampel Belimbing, 2.sampel Simpang Haru, 3. sampel Gadut dan 4. sampel Jati.

Sekuen dari hasil sekuensing setelah dilakukan analisa dengan membandingkan dengan data GenBank didapatkan hasil berupa pohon filogenetik (Gambar 2).



Gambar 2 : Pohon filogenetik nyamuk *Ae.aegypti* kota Padang yang dibandingkan dengan data pada Gen Bank. Didasarkan analisis maximum parsimony (MP), Maximum likelihood (ML) dan neighbor joining (NJ). Padang1(Belimbing),Padang 2 (Smpg.Haru), Padang 3 (Gadut) dan Padang 4 (Jati).

Hasil alignment 4 sekuen sampel nyamuk *Ae. aegypti* yang berasal dari 4 lokasi kota Padang dan 17 sekuen yang ada pada Genbank. Panjang sekuen sekuen yang dianalisis adalah 527 bp terdiri dari 433 monomorfik site dan 94 polimorfik site, variabel tunggal 37, parsimoni informatif 57. Ke 4 sampel yang berasal dari kota Padang terbagi menjadi 3 haploptip, haploptip 1 sampel Padang 1 dan Padang 2 *Ae. aegypti* (Belimbing dan Simpang Haru), haploptip 2 sampel Padang 4 *Ae. aegypti* (Jati) dan haploptip 3 sampel Padang 3 *Ae. albopictus* (Gadut). Perbandingan haploptip 1 dan 2 dan haploptip 3 nilai sekuen divergennya adalah 0,76% ini memperlihatkan differensiasi intrapopulasi. Nilai genetik distance dibandingkan dengan outgrup adalah 0-0,3%; genetik distance tertinggi yaitu 10,4 – 11,73%. Jarak distance *Ae. albopictus* dan *Ae. aegypti* adalah 11,1%, ini memperlihatkan diferensiasi yang tinggi, menurut Kartavtsev and Lee (2006) jarak distance dengan nilai 9,66 % merupakan differensiasi tingkat spesies.

Dari hasil dapat diihat bahwa nyamuk *Ae. aegypti* yang berperan sebagai vektor DBD di Kota Padang sudah terjadi variasi/diversitas genetik. Dari ke 4 lokasi pengambilan sampel di kota Padang ini, pertukaran populasi secara alami nyamuk *Aedes aegypti* tidak akan terjadi karena jarak terbang nyamuk *Aedes sp* tidak melebihi 500 meter, fenomena yang terjadi ini mungkin sudah terjadi spesiasi antar spesies nyamuk *Ae. aegypti* secara simpatrik diantara nyamuk *Ae. aegypti* yang ada di kota Padang. Menurut teori simpatrik, proses divergensi terjadi tanpa pemisahan geografis dari populasi. Tahap pertama adalah karena seleksi alam menyukai evolusi dua bentuk didalam kawasan kontiniu suatu spesies. Jika kekuatan seleksi alam cukup besar, dua bentuk berevolusi dalam kontek *inbreeding* (Ridley (,1991). untuk membuktikannya penelitian dengan jumlah sampel yang besar perlu dilakukan.

Berdasarkan pohon filogenetik (Gambar 2) *Ae. aegypti* yang terdapat pada 4 lokasi di kota Padang terdapat 2 cluster *Aedes sp* yaitu : cluster Padang1 (Belimbing), Padang 2 (Simpang Haru) dan Padang 4 (Jati) *Aedes aegypti* dan cluster sampel Padang 3 (Gadut) *Ae. albopictus*. Cluster *Ae. aegypti* terbagi atas 3 sub cluster yaitu : subcluster M132, subcluster *Ae. aegypti* Liverpool dan sub cluster *Ae. aegypti* isolat Timur Indonesia dan *Ae. aegypti formosus*. Angka yang terdapat pada setiap cabang pohon memperlihatkan nilai bootstrap untuk analisis neighbor joining (NJ), maximum likelihood (ML) dan maximum parsimony (MP). Semua pengelompokan ini dengan nilai 100/100/100. Nyamuk *Ae. aegypti* dari Belimbing dan Simpang Haru mengelompok dengan nyamuk *Ae. aegypti* yang berasal dari daerah Indonesia Timur, *Ae. aegypti* yang berasal dari Jati mengelompok dengan *Ae. aegypti* dari Liverpool sedangkan *Ae. aegypti* yang berasal dari Gadut mengelompok dengan nyamuk *Ae. albopictus*. Hasil ini jika dihubungkan dengan kasus DBD dan tingkat endemisitas DBD, endemisitas yang tinggi dan bahkan menyebabkan KLB DBD setiap tahun yang terjadi di daerah Belimbing maka kemungkinan yang terjadi adalah sudah terbentuknya strain baru dari nyamuk *Ae. aegypti* yaitu strain *Ae. aegypti aegypti* yang terdapat di daerah Belimbing dan strain *Ae. aegypti formosus* yang terdapat di daerah Jati dan juga disebabkan karena telah terjadinya penularan virus secara transovarial dari induk nyamuk ke telurnya (Hasmiwat, 2009; Akbar, 2003 ; Ahmad 1997 and Khin dan Tan ,1983). Sedangkan *Aedes aegypti* yang berasal dari Gadut yang masih mengelompok dengan *Ae. albopictus*. Menurut MacClelland (1974), Tabachnick & Powel (1979) and Failloux *et al.* (1979) terdapat 2 bentuk *Ae. aegypti* yaitu *Ae. aegypti aegypti* dan *Ae. aegypti formosus* yang berbeda dalam ekologi, perilaku, variasi genetik dan kerentanannya terhadap virus dengue. *Ae. aegypti aegypti* jauh lebih rentan terhadap infeksi dengue dilaboratorium dari pada *Ae. aegypti formosus* dilaboratorium (Failloux *et al.*, 2002), mungkin hal ini yang menyebabkan daerah Belimbing merupakan daerah endemik tinggi DBD di Kota Padang. *Ae. albopictus* berasal dari kawasan hutan Asia Tenggara umumnya ditemukan di daerah periurban, rural dan kawasan hutan, dan *Ae. albopictus* umumnya menyebabkan kasus-kasus DBD sporadis (Ibanez-Bernal *et al.* 1997). Jadi *Ae. aegypti* yang diambil sebagai sampel yang berasal dari lokasi Gadut mungkin *Aedes sp* yang sedang berdeferensiasi, yang disebabkan oleh beberapa faktor seperti : tekanan selektif akibat pemberantasan nyamuk dengan insektisida, ekologi vektor, perilaku makan dll, namun hal ini perlu dilakukan penelitian lebih lanjut.

KESIMPULAN

Dari hasil penelitian ini dapat diambil kesimpulan :

1. Berdasarkan urutan DNA gen Cytokrom Oksidase I (COI) mitokondria DNA, *Ae. aegypti* dari 4 lokasi kota Padang telah terjadi diversitas genetik dengan membentuk 3 haplotip dengan 2 cluster.
2. Sudah terjadi variabilitas genetik dengan terbentuknya 2 strain *Ae. aegypti* yaitu *Ae. aegypti aegypti* dan *Ae. aegypti ferrosus*.
3. Strain *Ae. aegypti* yang berbeda menyebabkan kasus DBD yang berbeda. Strain *Ae. aegypti aegypti* lebih rentan terhadap infeksi virus dengue dan menyebabkan endemisitas yang tinggi.

Ucapan Terima Kasih

Penelitian ini dibiayai oleh Dirjen DIKTI (DP2M) melalui skim Penelitian Hibah Bersaing dengan nomor kontrak : 005/H.16/PL/PHB/III/2010. Ucapan terima kasih yang tak terhingga juga disampaikan kepada Bapak Jamsari beserta pegawai Lab Bioteknologi Agroekotek Fak. Pertanian Unand. Semua staf Laboratorium Biomedik FK Unand dan Bapak Tjong Hong Djong serta para Jumentik di daerah endemik DBD Kota Padang.

DAFTAR PUSTAKA

- Ahmad, R., Ismail, A., Saat, Z., Lim, H. 1997. Detection of dengue virus from field *Ae. aegypti* And *Ae. albopictus* adult and larvae. Southeast Asian. J. Trop. Med. Public Health (28):138-142.
- Akbar, M. R., Agoes, Tj. Djatie, S. Kodyat. 2008. PCR Detection of Dengue Transovarial Transmissibility in *Aedes aegypti* in Bandung Indonesia. Proc. ASEA Cong. Trop. Med. Parasito 3 : 84-9.
- Anggraini, E. 1998. Tingkat Keanekaragaman Genetik nyamuk *Aedes aegypti* dari Kotamadya Bandung Dengan Menggunakan Metoda Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) PCR. Tesis S2 Institut Teknologi Bandung.
- Beebe, N.W., Peter I.W., Andrew van den Hurk, Scoot A.R. and Robert D.C. 2005. Genetic Diversity of the dengue vector *Aedes aegypti* in Australia and implication for future surveillance and mainland incursion monitoring. CDI vol. 29 NO : 3 : 299-304.
- Bracco, J. E., Margareth L.C., Ricardo Laurenc-de-Oliveira, and Maria A. M.C.S. 2007. Genetic Variability of *Aedes aegypti* in the Americas using a mitochondrial gene : evidence of multiple introductions. Mem. Inst Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Vol 102 (5), August 2007 : 573-580
- Failloux, a. B., Vazeille, M and Rodhain, F. 2002. Geographic genetic variation in populations of the dengue virus vector *Aedes aegypti*. Journal of molecular Evolution 55, 653-663.
- Felsenstein J. 1985. Confidence limits on Phylogenies : An Approach using the bootstrap. Evolution 39 : 783-791.
- Hasmiwati, Dahelmi dan Nurhayati. 2009. Diversitas Genetik Virus Dengue dan Nyamuk Vektor di daerah endemik DBD di kota Padang dengan metode PCR. Lap. Penelitian Hibah Bersaing, Tahun I. Tahun 2009.
- Hoelzel, A.R. 1994. Molecular Genetic Analysis of Population, A Practical Approach. JRL. Press, Oxford University Press. Oxford.
- Ibanez-Bernal, S., Briseno, B., Mutebi, J. P., Argot, E., Rodriguez, G., Martinez-Campos, C., Paz, R., de la Fuente-San Roman, P., Tapia, Conyer, R. & Flliser, A. 1997. First record in America of *Aedes albopictus* naturally infected with dengue virus during 1995 outbreak at Reynosa, Mexico. Medical and veterinary Entomology 11, 305-309.
- Kartavtsev, Y.P. & J. S. Lee. 2006. Analysis of Nucleotide Diversity at the Cytochrome b and Cytochrome Oxidase I Genes at the population, Species, and Genus Levels. Russian Journal of Genetics. Vol 42 No 4. Pp : 341-362.

- Khiñ , M. M. and Than, K.A. 1983. Transovarial transmission of dengue-2 virus by *Ae. Aegypti* in nature. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 32 : 590-594
- MacClelland, G. A. H. 1974. A worldwide survey of variation in scale pattern of the abdominal tergum *Aedes aegypti* (L.) (Diptera : Culicidae). *Transactions*
- Mousson, L.,C. Dauga, T. Garrigues, F. Schaffner, M. Vazeille and Anna-Bella Failloux. 2005. Phylogeography of *Aedes (Stegomyia) aegypti* (L.) and *Aedes (Stegomyia) albopictus* (Skuse) (Diptera : Culicidae) based mitochondria DNA variation. *Genet. Res.Comb.* 86, pp : 1-11.
- Ridley, M. 1991. *Masalah-Masalah Evolusi (Terjemahan)*. Diterjemahkan oleh A.F. Syaifudin. Penerbit Universitas Indonesia.
- Sambrook, J., Fritsclly, EF. And Maniatis, T. 1989. *Molecular Cloning, Laboratory Manual*. Second Edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press. New York,
- Swofford, D.L. 2002. *PAUP *: Phylogenetik analysis using parsimony (*and other Methods)*. Beta version 4.0b10. Sinauer, Sunderland.
- Tabachnicck, W. J. & Powel, J. R. 1979. A word –wide survey of genetic variation in Yellow fever mosquito, *Aedes aegypti*. *Genetical Research* 34, 215-229.
- Tabachnick, W.J. 1991. Evolutionary genetics and arthropod born disease. The yellow fever mosquito. *Am entomol* 37: 14-23.