

DISERTASI

**FAUNA NYAMUK SULAWESI SELATAN DAN SULAWESI BARAT:
KONFIRMASI DAN KEBERAGAMAN SPESIES, INTERAKSI
VEKTOR–HOST, DAN RISIKO PENULARAN PENYAKIT**

Mosquito Fauna of South and West Sulawesi:
Species Confirmation and Diversity, Vector-Host Interactions and The
Risk of Diseases Transmission

**NUR RAHMA
C013181049**



**PROGRAM STUDI DOKTOR ILMU KEDOKTERAN
FAKULTAS KEDOKTERAN
UNIVERSITAS HASANUDDIN
MAKASSAR
2023**

DISERTASI

**FAUNA NYAMUK SULAWESI SELATAN DAN SULAWESI BARAT:
KONFIRMASI DAN KEBERAGAMAN SPESIES, INTERAKSI VEKTOR-HOST,
DAN RISIKO PENULARAN PENYAKIT**

***Mosquito Fauna of South and West Sulawesi: Species Confirmation
and Diversity, Vector-Host Interactions and The Risk
of Diseases Transmission***

Disusun dan diajukan
Oleh

Nur Rahma
C013181049

*Telah dipertahankan di hadapan Penilai Ujian yang dibentuk dalam rangka
Penyelesaian Studi Program Studi Doktor Ilmu Kedokteran
Fakultas Kedokteran Universitas Hasanuddin
pada tanggal, 24 Februari 2023
dan dinyatakan telah memenuhi syarat kelulusan*

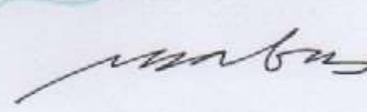
Menyetujui
Promotor,

dr. Isra Wahid, Ph.D
Nip.19681227 199802 1 001

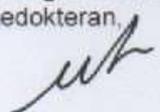
Co. Promotor

Co. Promotor


dr. Rizalinda Sjahril, M.Sc, Ph.D., Sp.MK
Nip.19690918 199603 2 001


Prof. dr. Syafruddin, Ph.D
Nip.19600516 198601 1 002

Ketua Program Studi S3
Ilmu Kedokteran,


Dr. dr. Irfan Idris, M.Kes
Nip.19671103 199802 1 001

Dekan Fakultas Kedokteran
Universitas Hasanuddin,


Prof. Dr. dr. Haerani Rasyid, M.Kes, Sp.PD-KGH, FINASIM Sp.GK
Nip.19680530 199803 2 001



KEMENTERIAN PENDIDIKAN, KEBUDAYAAN, RISET DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITAS HASANUDDIN
FAKULTAS KEDOKTERAN

Jl. Perintis Kemerdekaan Kampus Tamalanrea Km. 10 Makassar 90245
Telp. (0411) 586010, 585836, 586200 Psw. 2767 Fax. (0411) 586297

PERNYATAAN KEASLIAN DISERTASI

Saya yang bertanda tangan dibawah ini :

Nama : **Nur Rahma**
Nomor Pokok : C013181049
Program Studi : Doktor Ilmu Kedokteran
Jenjang : S3

Menyatakan dengan ini bahwa karya tulis saya berjudul : **Fauna Nyamuk Sulawesi Selatan dan Sulawesi Barat: Konfirmasi dan Keberagaman Spesies, Interaksi Vektor-Host, dan Risiko Penularan Penyakit**

Adalah karya tulis saya sendiri dan bukan merupakan pengambilan alihan tulisan orang lain, bahwa Disertasi yang saya tulis ini benar- benar merupakan hasil karya saya sendiri.
Apabila dikemudian hari terbukti bahwa sebagian atau keseluruhan Disertasi ini hasil karya orang lain, maka saya bersedia menerima sanksi atas perbuatan tersebut.

Makassar, 6 Januari 2023
Yang menyatakan,

47E06AKX312821159
Nur Rahma

DAFTAR TIM PENGUJI

Promotor : dr. Isra Wahid, Ph.D

Co-Promotor : dr. Rizalinda Sjahril, M.Sc, Ph.D, Sp.MK

Prof. dr. Syafruddin, Ph.D

Anggota : Prof. dr. David Handojo Muljono, MD, Sp.PD-FINASIM,

Prof. dr. Hasanuddin Ishak, M.Sc, Ph.D

Dr. Syahribulan, S.Si, M.Si

Dr.dr. Burhanuddin Bahar, MS

Dr. drh. Dwi Kesuma Sari

Khin Sau Myint, MD, Ph.D

KATA PENGANTAR

Segala puji dan syukur penulis panjatkan kepada Tuhan Yang Maha Esa atas segala nikmat dan karunia-Nya sehingga penelitian dengan judul “Fauna Nyamuk Sulawesi Selatan dan Sulawesi Barat: Konfirmasi dan Keberagaman Spesies, Interaksi Vektor–Host, dan Risiko Penularan Penyakit” dapat diselesaikan dengan baik. Salawat dan salam semoga senantiasa tercurahkan kepada baginda Rasulullah SAW, para sahabat dan orang-orang yang senantiasa mengajarkan kebaikan.

Penulisan disertasi ini tidaklah mungkin bisa terselesaikan tanpa izin Allah Subhana Wa Ta’ala melalui bantuan, dukungan, nasihat dari berbagai pihak.

1. Promotor, Bapak dr. Isra Wahid, atas segala ilmu, motivasi, kesabaran dan pengertian dalam membimbing penulis untuk menyelesaikan disertasi ini.
2. Ko-promotor, Ibu dr. Rizalinda Sjahril, M.Sc, Ph.D, Sp.MK dan Bapak Prof. dr. Syafruddin, Ph.D, atas segala bimbingan selama penelitian dan perbaikan penulisan.
3. Tim penguji disertasi: Bapak Prof. dr. David Handojo Muljono, MD, Sp.PD-FINASIM, Bapak Prof. dr. Hasanuddin Ishak, M.Sc, Ph.D; Ibu Dr. Syahribulan, S.Si, M.Si; Bapak Dr.dr. Burhanuddin Bahar, MS; dan Ibu Dr. drh. Dwi Kesuma Sari dan penguji eksternal Ibu Khin Sau Myint, MD, Ph.D yang telah memberikan saran konstruktif kepada penulis dalam penyelesaian studi ini.

4. Kepala Program Studi S3 Ilmu Kedokteran, Bapak Dr. dr. Irfan Idris, M.Kes.

Ucapan terima kasih yang sebesar-besarnya, rasa hormat dan penghargaan kepada orang tua dan wali tercinta Muliana, Beddu Solo dan Abd. Rasyid, serta Ibu Mertua Bahraeni B.Sc dan Amiruddin S.E. yang senantiasa mendukung dan mendokan dalam menyelesaikan studi. Kepada suami terkasih Muhammad Hijrah dan putra tercinta Ahmad Furqon Abdulllah yang selalu mendoakan dan mendukung dalam proses penyelesaian studi S3.

Terimakasih pula kepada seluruh sahabat dan rekan kerja di Laboratorium Zoonosis dan Emerging Diseases Fak. Kedokteran Unhas atas segala bantuan tenaga dan motivasi dalam setiap tahap dan proses penyelesaian studi. Tak lupa pula penulis ucapkan terima kasih kepada teman-teman seperjuangan beasiswa Program Magister menuju Doktoral untuk Sarjana Unggul (PMDSU) batch III Universitas Hasanuddin serta seluruh pihak yang tidak bisa disebutkan satu per satu. Hanya kepada Allah Subhana wa ta'ala penulis memohon doa, kebaikan dan balasan terbaik untuk semua upaya dan bantuan yang telah diberikan.

Makassar, Maret 2023

Nur Rahma

ABSTRAK

NUR RAHMA. Fauna Nyamuk Sulawesi Selatan dan Sulawesi Barat: Konfirmasi dan Keberagaman Spesies, Interaksi Vektor–Host, dan Risiko Penularan Penyakit. (Dibimbing oleh Isra Wahid, Rizalinda Sjahril, Din Syafruddin)

Penelitian ini bertujuan mengetahui keanekaragaman fauna nyamuk di Sulawesi Selatan dan Sulawesi Barat pada musim penghujan dan kemarau, ketepatan identifikasi morfologi dan molekuler, sifat nyamuk dan interaksinya dengan host, risiko penularan penyakit dan pengaruh perubahan iklim terhadap penularan penyakit.

Penelitian ini menggunakan metode survei dengan tiga metode penangkapan yaitu *Human Landing Collection*, *Animal Barrier Screen* dan Kelambu *Trap*. Nyamuk diidentifikasi secara morfologi dan pemeriksaan arbovirus menggunakan primer Alfavirus, Flavivirus dan Bunyavirus. Identifikasi molekuler dilakukan untuk membandingkan hasil identifikasi morfologi.

Hasil penelitian menunjukkan nyamuk paling banyak di Toraja Utara (n=6370, 36.39%), namun jumlah spesies paling banyak di Pasangkayu (34 spesies dari 8 genus). Perbedaan topografi dan iklim mempengaruhi jenis dan kelimpahan nyamuk baik pada musim penghujan maupun kemarau. Identifikasi morfologi dan molekuler dibutuhkan untuk mengetahui jenis nyamuk secara akurat. Identifikasi molekuler sangat akurat dibanding identifikasi morfologi, namun identifikasi morfologi tetap dibutuhkan sebagai basis informasi. Nyamuk yang berperan sebagai vektor umumnya bersifat zoo-antropofilik, hanya *Cx. quinquefasciatus* yang ditemukan bersifat antropofilik. *Cx. tritaenhyorinchus* (n=8931, 51.01%) merupakan spesies nyamuk yang paling melimpah di semua lokasi penelitian. Arbovirus yang dideteksi ialah Bunyamweravirus pada nyamuk *Cx. tritaenhyorinchus* (rasio infeksi 0.22%) yang berasal dari Maros. Hewan ternak dapat berperan sebagai penarik (Maros, HR=77.5) ataupun penghalang masuknya nyamuk ke pemukiman (Toraja Utara, HR=5 dan Pasangkayu, HR=13.3). Jarak ternak yang dekat dengan pemukiman di Maros menyebabkan risiko penularan penyakit di wilayah ini lebih tinggi (RFst=4555.39) dibanding Toraja Utara (RFst=242.47) dan Pasangkayu (RFst=542.44). Penelitian ini diharapkan menjadi informasi baru dalam program pencegahan dan pengendalian penyakit tular vektor nyamuk.

Kata kunci: Vektor nyamuk, identifikasi, keberadaan ternak, zoo-antropofilik, Arbovirus.



ABSTRACT

NUR RAHMA. Mosquito Fauna of South and West Sulawesi: Species Confirmation and Diversity, Vector-Host Interactions and The Risk of Diseases Transmission (Supervised by Isra Wahid, Rizalinda Sjahril, Din Syafruddin)

This study aimed to identify mosquito species in South and West Sulawesi during wet and dry seasons, relevance of morphological and molecular identification, character of mosquito and interactions with the host, risk of transmission diseases and impact of climate change on disease transmission.

This study used survey with three catching methods, specifically Human Landing Collection, Animal Barrier Screen and Kelambu Trap. Mosquitoes were identified morphologically and arboviruses detection using Alphavirus, Flavivirus and Bunyavirus primers. Molecular identification was performed to compare with morphological results. The results showed that the most mosquitoes were found in Northern Toraja (n=6370, 36.39%), but the highest number of species were found in Pasangkayu (34 species from 9 genera). Differences in topography and climate affect to the species and abundance of mosquitoes in wet and dry seasons. Morphological and molecular identification is necessary for the precise mosquitoes species. Molecular identification is more precise than morphology identification but still needs morphological as baseline information. Characteristic of mosquitoes that act as vectors are generally zoo-anthropophilic, only *Cx. quinqifasciatus* is a anthrophilic species. *Cx. tritaenhyorinchus* (n=8931, 51.01%) was the most abundant mosquito in all study sites. Arbovirus was detected is Bunyamweravirus in *Cx. tritaenhyorinchus* (infection rate 0.22%) from Maros. Livestocks can act as attractants (Maros, HR=77.5) or barriers (Northern Toraja, HR=5) and Pasangkayu (HR=13.3) to mosquito entry the settlements. The distance near of livestock and settlements in Maros made the higher risk of disease transmission in this area (RFst=4555.39) than in Northern Toraja (RFst=242.47) and Pasangkayu (RFst=542.44). This research is expected to become new information in preventing and controlling mosquito-borne diseases program.

Key words: Mosquito vector, identification, livestock, zoo-anthropophilic, Arboviruses



DAFTAR ISI

HALAMAN JUDUL	i
HALAMAN PENGESAHAN	ii
PERNYATAAN KEASLIAN DISERTASI	iii
DAFTAR TIM PENGUJI	iv
KATA PENGANTAR	v
ABSTRAK	vii
ABSTRACT	viii
DAFTAR ISI	ix
DAFTAR TABEL	xi
DAFTAR GAMBAR	xii
DAFTAR LAMPIRAN	xiv
DAFTAR SINGKATAN	xv
BAB I	1
PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	6
1.3 Tujuan	6
1.4 Manfaat Penelitian	8
BAB II	9
2.1 Metode Survei Nyamuk	9
2.2 Nyamuk	14
2.3 Identifikasi Morfologi dan Molekuler	22
2.4 Nyamuk sebagai vektor dan patogen yang ditularkan	32
2.5 Kerangka Teori	53
2.6 Kerangka Konsep	54
BAB III	55
3.1 Rancangan Penelitian	55
3.2 Waktu dan Lokasi Penelitian	55
3.3 Metode Pengumpulan Nyamuk	62
3.4 Metode Identifikasi Nyamuk Secara Morfologi	66
3.5 Metode Identifikasi Nyamuk Secara Molekuler	70
3.6 Metode Deteksi Arbovirus	72
3.7 Sekuensing dan Analisis Pohon Filogenetik	76
3.8 Teknik Analisis	77
3.9 Alur Penelitian	79
BAB IV	80
4.1 Kekayaan Fauna Nyamuk	80

4.2	Konfirmasi molekuler hasil identifikasi morfologis	85
4.3	Potensi Penularan Penyakit	95
4.4	Faktor Risiko Spesies dan Faktor Risiko Area	106
4.5	Hasil Pemeriksaan Arbovirus	111
BAB V		114
5.1	Keanekaragaman Fauna Nyamuk	114
5.2	Perbandingan Identifikasi Morfologi dan Molekuler	129
5.3	Interaksi Vektor Nyamuk dengan Host	139
5.4	Potensi Penularan Penyakit	143
5.5	Pengaruh Perubahan Iklim	156
5.6	Keterbatasan Penelitian	167
5.7	Kebaruan Penelitian / Novelty	167
BAB VI	PENUTUP	169
6.1	Kesimpulan	169
6.2	Saran	171
DAFTAR PUSTAKA		173
LAMPIRAN		189

DAFTAR TABEL

1. Beberapa contoh penanda molekuler tingkat spesies	31
2. Jenis genera nyamuk yang berperan sebagai vektor	33
3. Potensi vektor penyakit arbovirus, malaria, filariasis	33
4. Spesies <i>Anopheles</i> vektor malaria di Indonesia	37
5. Perbedaan vektor nyamuk dan daerah infeksi filaria	38
6. Susunan basa primer deteksi CO1 dan ITS2	71
7. Susunan basa primer deteksi arbovirus	74
8. Susunan basa primer Chikungunya	76
9. Perolehan nyamuk pada musim penghujan dan kemarau	81
10. Perolehan nyamuk tiap musim di setiap lokasi	81
11. Indeks keanekaragaman semua lokasi	82
12. Daftar spesies nyamuk dari ketiga lokasi	83
13. Hasil perbandingan identifikasi morfologi dengan analisis BLAST dan BOLD	86
14. Hasil konfirmasi identifikasi morfologi secara molekuler	88
15. Daftar nyamuk yang terdapat di ketiga daerah penelitian y	96
16. Jumlah tangkapan nyamuk pada setiap daerah penelitian	98
17. Daftar nyamuk di Maros yang berpotensi vektor	100
18. Daftar nyamuk di Toraja Utara yang berpotensi vektor	101
19. Daftar nyamuk di Pasangkayu yang berpotensi vektor	102
20. Daftar nyamuk di Maros yang tidak terkonfirmasi vektor	103
21. Daftar nyamuk di Toraja Utara yang tidak terkonfirmasi vektor	103
22. Daftar nyamuk di Toraja Utara yang tidak terkonfirmasi vektor	103
23. Total dan persentasi nyamuk perolehan metode HLC	105
24. Nilai HR setiap spesies pada semua lokasi	106
25. Faktor Risiko setiap wilayah	108
26. Hasil pemeriksaan arbovirus	111
27. Hasil pemeriksaan WGS	113

DAFTAR GAMBAR

1. Volunter yang sedang melakukan penangkapan dengan metode umpan badan	10
2. Animal Baited Trap	11
3. Light Trap	12
4. Volunter menangkap nyamuk menggunakan sweep net	12
5. Kelambu Trap	13
6. Human Decoy Trap	14
7. Siklus hidup nyamuk <i>Aedes sp</i> , <i>Culex sp</i> , <i>Anopheles sp</i> .	18
8. <i>Aedes aegypti</i>	23
9. Nyamuk <i>Anopheles sp</i>	24
10. <i>Culex sp</i>	24
11. Komposisi genom dan struktur virion alfavirus.	41
12. Komposisi genom dan struktur virion flavivirus	44
13. Komposisi genom dan struktur virion bunyavirus	47
14. Representasi diagram genom nairovirus	48
15. Representasi diagram genom phlebovirus	49
16. Representasi diagram genom orthobunyavirus	49
17. Kerangka Teori	53
18. Kerangka Konsep	54
19. Peta lokasi penelitian	56
20. Lokasi pengambilan sampel di Maros	58
21. Lokasi pengambilan sampel di Toraja Utara	60
22. Lokasi pengambilan sampel di Pasangkayu	62
23. Lokasi HLC, ABS dan KT di Maros	64
24. Lokasi HLC, ABS dan KT di Toraja Utara	65
25. Lokasi HLC, ABS dan KT di Pasangkayu	66
26. Kepala nyamuk dewasa	67
27. Dada nyamuk dewasa	67
28. Sayap nyamuk dewasa	68
29. Perut nyamuk dewasa	69
30. Kaki nyamuk dewasa	69

31. Alur Penelitian	79
32. Jumlah tangkapan nyamuk di semua lokasi	80
33. Jumlah genus nyamuk di semua lokasi	80
34. Jumlah spesies nyamuk di semua lokasi	81
35. Nyamuk yang paling melimpah di Maros	84
36. Nyamuk yang paling melimpah di Toraja Utara	84
37. Nyamuk yang paling melimpah di Pasangkayu	85
38. Pohon filogenetik genus <i>Aedes</i>	90
39. Pohon filogenetik genus <i>Anopheles</i>	92
40. Pohon filogenetik genus <i>Armigeres</i>	92
41. Pohon filogenetik genus <i>Culex</i>	94
42. Pohon filogenetik genus <i>Mansonia</i>	94
43. Pohon filogenetik genus <i>Mimomya</i>	94
44. Pohon filogenetik genus <i>Uranotaenia</i>	95
45. Nilai HR pada semua lokasi	105
46. RFsp tertinggi di Maros	107
47. RFsp tertinggi di Toraja Utara	107
48. RFsp tertinggi di Pasangkayu	108
49. Pohon filogenetik virus bunyamwera	112

DAFTAR LAMPIRAN

1. Hasil tangkapan nyamuk di Maros	189
2. Hasil tangkapan nyamuk di Toraja Utara	190
3. Hasil tangkapan nyamuk di Pasangkayu	191
4. Perolehan nyamuk setiap metode tangkap	192
5. Hasil PCR primer CO1	194
6. Hasil PCR Primer ITS 2	196
7. Tabel foto spesies nyamuk <i>Aedes</i> dan ciri khasnya	198
8. Tabel foto spesies nyamuk <i>Anopheles</i> dan ciri khasnya	199
9. Tabel foto spesies nyamuk <i>Armigeres</i> dan ciri khasnya	201
10. Tabel foto spesies nyamuk <i>Culex</i> dan ciri khasnya	202
11. Tabel foto spesies nyamuk <i>Lutzia, Mansonia, Uranotaenia</i>	204
12. Data dinas kesehatan Maros, Toraja Utara dan Pasangkayu	205
13. Data iklim lokasi pengambilan sampel	205
14. Nilai RFsp nyamuk Maros	206
15. Nilai RFsp nyamuk Toraja Utara	207
16. Nilai RFsp nyamuk Pasangkayu	208
17. hasil elektroforesis sampel positif Bunyavirus	209
18. Jumlah dan proporsi nyamuk setiap lokasi	210
19. Jumlah dan proporsi nyamuk setiap lokasi musim penghujan	211
20. Jumlah dan proporsi nyamuk setiap lokasi musim kemarau	212
21. RFsp dan patogen yang dapat ditularkan	213

DAFTAR SINGKATAN

ABS	= <i>Animal Barrier Screen</i> , perangkat nyamuk berupa layar dengan ukuran 2 m x 15 m yang dipasang dekat ternak
CO1	= <i>Cytochrome Oxidase 1</i> , segmen dari DNA mitokondria yang terdiri atas 648bp
CCM	= <i>Community Composition Measures</i> , angka yang menunjukkan jumlah keseluruhan nyamuk, jumlah genus dan jumlah spesies yang tertangkap
HLC	= <i>Human Landing Collection</i> , penangkapan nyamuk menggunakan umpan manusia
HR	= <i>HLC Ratio per 1000</i> , perbandingan jumlah nyamuk spesies tertentu yang menggigit manusia (HLC) dengan jumlah keseluruhan (ABC, KT dan HLC) dikali 1000
Mdpl	= meter diatas permukaan laut
Indeks H'	= Indeks keanekaragaman Shannon-Wiener
Indeks D Mg	= Indeks kekayaan spesies Margalef
Indeks E	= Indeks pemerataan (Evenness)
Indeks D	= Indeks dominasi (Simpson)
ITS2	= <i>Internal Transcribed Spacer 2</i> , <i>non-coding region</i> yang berada pada <i>nuclear ribosomal DNA</i> dan berada di antara 5,8S dan 28S rRNA
KT	= <i>Kelambu Trap</i> , perangkat inovatif dari kelambu dengan ukuran 4x4x2 m, memiliki empat pintu masuk dan di setiap

sisi memiliki partisi diagonal internal yang membagi ruang di dalamnya menjadi empat ruangan berbentuk segitiga

RT-PCR = *Reverse Transcriptase – Polymerase Chain Reaction*, suatu metode pemeriksaan molekuler untuk mendeteksi RNA

PCR = *Polymerase Chain Reaction*, suatu metode pemeriksaan molekuler untuk mendeteksi DNA

RFsp = *Risk Faktor species*, risiko penularan setiap spesies nyamuk

RFst = *Risk Faktor site*, risiko penularan setiap wilayah

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Nyamuk merupakan serangga yang paling penting dalam bidang medis karena menularkan banyak penyakit yang termasuk dalam *Vektor borne diseases* atau penyakit tular vektor. Penyakit ini menyumbang sekitar 17% dari seluruh penyakit infeksi di seluruh dunia dengan angka kematian 700.000 tiap tahun (WHO 2017). Penularan penyakit terjadi saat nyamuk menghisap darah. Kemampuan menularkan berbagai macam penyakit menyebabkan nyamuk menjadi pembunuh nomor satu di dunia dengan angka kematian mencapai 725.000 tiap tahun (WHO 2016). Nyamuk di dunia dilaporkan sebanyak 3500 spesies, lebih dari 300 spesies yang berada di Asia Tenggara dan 76 diantaranya berperan sebagai vektor (WHO 2020).

Penyakit yang ditularkan nyamuk dapat disebabkan oleh patogen berupa virus, parasit dan bakteri (WHO 2020). Arbovirus (*arthropod borne viruses*) merupakan penyakit akibat infeksi virus yang ditularkan oleh vektor artropoda. Infeksi Arbovirus dapat disebabkan oleh infeksi virus dari tiga famili utama yakni famili Flavivirus, Alphavirus dan Bunyavirus (Kean *et al.* 2015). Penyakit arbovirus yang ditularkan nyamuk menyumbang jumlah kesakitan yang tinggi, misalnya penyakit dengue yang telah mengalami peningkatan hingga 30 kali lipat selama 30 tahun terakhir. Risiko penyakit

ini mencapai sekitar 40% populasi di seluruh dunia (CDC 2019). Selain arbovirus, nyamuk juga dapat menularkan penyakit yang disebabkan oleh parasit, termasuk malaria dan filariasis. Malaria menyebabkan kematian tinggi yakni sekitar 620.000 kematian pada tahun 2017 (Roth *et al.* 2018). Selain malaria, penyakit filariasis akibat infeksi cacing filaria juga sangat tinggi dan diperkirakan sekitar 36 juta orang mengalami kecacatan di 72 negara di seluruh dunia (WHO 2017).

Indonesia merupakan negara yang memiliki risiko tinggi terhadap penularan berbagai penyakit tular vektor. Penyakit arbovirus yang paling banyak dilaporkan adalah infeksi dengue dalam bentuk laporan rutin kasus DBD yang telah dilaporkan pada 449 kabupaten/kota yang tersebar di 34 provinsi dengan kematian tersebar pada 162 kabupaten/kota di 31 provinsi (Kemenkes RI 2022). Informasi kasus arbovirus lainnya masih sangat sedikit meskipun tetap ada indikasi terjadinya penularan. Kasus yang pernah dilaporkan berupa demam chikungunya sebanyak 5042 kasus di sepanjang tahun 2019 namun belum ada laporan kematian terkait virus chikungunya tersebut (Kemenkes RI 2020). Penyakit parasit yang ditularkan nyamuk di Indonesia adalah malaria dan filariasis. Kasus malaria pada tahun 2021 sebanyak 1,346,715 di seluruh Indonesia. Data ini menjadikan Indonesia menyumbang proporsi tertinggi dari kasus malaria yang dilaporkan di wilayah Asia tenggara (49,6%). Penyakit filariasis di Indonesia telah dilaporkan sebanyak 12.677 kasus klinis kronis yang tersebar di 34 provinsi yang disebabkan oleh cacing *Wuchereria bancrofti*,

Brugia malayi dan *B. timori*. Pemetaan endemisitas filariasis di Indonesia telah dilaksanakan sampai tahun 2014 dan ditetapkan 236 dari 514 kabupaten/kota di Indonesia sebagai daerah endemis filariasis (Kemenkes RI 2018)

Di Sulawesi, khususnya daerah Sulawesi Selatan dan Barat, penyakit arbovirus yang rutin dilaporkan adalah infeksi virus dengue yang di masyarakat lebih dikenal dengan penyakit DBD, sementara sangat sedikit laporan tentang penyakit virus lainnya, seperti Chikungunya, Japanese Encephalitis (JE) dan Zika. Hal ini mungkin berkaitan dengan tidak tersedianya metode diagnostik rutin di sebagian besar fasilitas pelayanan kesehatan untuk penyakit arbovirus selain dengue.

Beberapa publikasi dan laporan mengenai infeksi arbovirus di daerah Sulawesi di antaranya hasil survei dengue tahun 2007–2010 sebanyak 27.7% dari 455 pasien (Sasmono *et al.* 2015). Data dengue dan chikungunya pada sampel pasien demam tidak bergejala di Makassar masing-masing 27.7% (68/134) dan 5.97% (8/134) (Gasem *et al.* 2020). Data terbaru IgG Chikungunya di Sulawesi Selatan dan Sulawesi Barat adalah 53.9% dan 53.2%, namun uji molekuler hanya 0.66% (Jalloh *et al.* 2020). Informasi tentang JE, zika dan arbovirus yang lain belum ada laporan. Kasus malaria dilaporkan mencapai sebanyak 666 kasus di Sulawesi Selatan, sementara di Provinsi Sulawesi Barat dilaporkan sebanyak 142 kasus (Kemenkes RI 2021). Kabupaten Pasangkayu pernah menjadi daerah endemik malaria kemudian mengalami penurunan kasus dan

berhasil dieliminasi sejak tahun 2009. Akan tetapi kasus malaria *indigenous* masih terus ditemukan. Program eliminasi di Provinsi Sulawesi Selatan mencapai 75% sedangkan di Provinsi Sulawesi Barat hanya mencapai 25% (Kemenkes RI 2018).

Adanya risiko penularan penyakit tular vektor yang tinggi menyebabkan dibutuhkan informasi mengenai vektor nyamuk di daerah tersebut. Di samping informasi mengenai keragaman spesies, sebaran, dan kelimpahan nyamuk, kebiasaan menggigit, waktu aktif dan pemilihan host untuk mengisap darah juga penting untuk menganalisis tingkat risiko penularan penyakit tular vektor.

Hal utama dalam menentukan keberadaan vektor di suatu wilayah adalah metode identifikasi yang benar untuk menentukan spesies nyamuk yang terdapat di wilayah tersebut. Metode identifikasi nyamuk yang umum digunakan adalah dengan melakukan identifikasi secara morfologis menggunakan mikroskop. Namun semakin banyak data yang menunjukkan bahwa indentifikasi morfologis, terutama untuk spesies dengan kemiripan yang besar, cukup banyak mengandung kesalahan sehingga berakibat pada penentuan spesies vektor yang salah. Beberapa publikasi menunjukkan bahwa hasil identifikasi morfologis perlu dilakukan pengecekan ulang dengan melakukan konfirmasi secara molekular dengan membandingkan urutan nukleotida gen tertentu (misalnya gen *Internal Transcribed Spacer 2* (ITS-2) dan *Cytochrome Oxidase 1* (CO-1)) dengan database yang tersedia agar dapat menentukan spesies vektor secara

akurat. Data akurat tersebut akan membuat intervensi pengendalian vektor menjadi lebih tepat sasaran (Ali *et al.* 2019; Davidson, Wahid, *et al.* 2020; Syafruddin *et al.* 2020).

Selain itu, ketersediaan *host* selain manusia di suatu daerah juga berpengaruh terhadap risiko manusia tergigit nyamuk dan tertular penyakit. Hal ini dapat berupa kebiasaan menempatkan hewan ternak di sekitar pemukiman (Chala dan Hamde 2021). Sebagai contoh, di daerah Sulawesi Selatan dan Barat terdapat kebiasaan menempatkan ternak yang berbeda, ada yang meletakkan ternak sapi langsung di bawah rumah panggung atau tepat di samping rumah (Maros, Sulawesi Selatan); ada yang menempatkan ternak babi pada kandang yang terpisah dari pemukiman secara berkelompok (Toraja Utara, Sulawesi Selatan) dan ada juga yang menempatkan ternak terpisah dari rumah tapi tersebar di antara perumahan (Pasangkayu, Sulawesi Barat). Perbedaan kebiasaan ini mungkin akan memberikan tingkat risiko gigitan nyamuk yang berbeda karena keberadaan hewan ternak tersebut.

Berdasarkan latar belakang tersebut maka dilakukanlah penelitian eksploratif tentang fauna nyamuk di tiga daerah dengan budaya yang berbeda tersebut (Maros, Toraja Utara dan Pasangkayu), berkaitan dengan keragaman spesies nyamuk, ketepatan identifikasi berdasarkan diagnosis morfologis dan molekular, dan risiko penularan penyakit berdasarkan ketersediaan spesies vektor, kepadatan dan kebiasaan menggigit, serta ketersediaan *host* non-manusia di ketiga wilayah yang berbeda tersebut.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan uraian, maka dirumuskan beberapa masalah sebagai berikut:

1. Bagaimana keragaman spesies nyamuk di Maros, Toraja Utara (Sulawesi Selatan) dan Pasangkayu (Sulawesi Barat) pada musim penghujan dan kemarau?
2. Bagaimana performa identifikasi spesies nyamuk menggunakan metode morfologis dibandingkan dengan metode molekuler?
3. Bagaimana sifat vektor nyamuk dan interaksinya dengan *host* non manusia di sekitar pemukiman?
4. Bagaimana risiko penyakit tular nyamuk di ketiga daerah tersebut berdasarkan ketersediaan, kelimpahan spesies vektor dan kebiasaan menggigit spesies vektor serta ketersediaan *host* non manusia?
5. Apa jenis arbovirus yang dideteksi dari vektor nyamuk?
6. Bagaimana pengaruh perubahan iklim terhadap penularan penyakit tular vektor nyamuk?

1.3 Tujuan

1.3.1 Tujuan Umum

Penelitian ini secara umum bertujuan menentukan keberagaman fauna nyamuk di Maros, Toraja Utara (Sulawesi Selatan) dan Pasangkayu (Sulawesi Barat) yang diidentifikasi secara morfologis dan

molekular serta risiko timbulnya penyakit tular nyamuk di ketiga lokasi penelitian.

1.3.2 Tujuan Khusus

Tujuan khusus penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Diketuainya hasil analisis temuan nyamuk di ketiga daerah penelitian dan hubungannya dengan musim penghujan dan kemarau
2. Diketuainya hasil analisis konfirmasi molekular terhadap diagnosis sebelumnya secara morfologis.
3. Diketuainya hasil analisis sifat spesies nyamuk antropofilik, zoo-antropofilik dan interaksinya dengan host di ketiga daerah penelitian.
4. Diketuainya hasil perkiraan risiko penularan penyakit pada ketiga daerah penelitian berdasarkan kombinasi spesies vektor yang tersedia, kepadatan vektor, kebiasaan menggigit vektor dan keberadaan *host* non-manusia.
5. Diketuainya jenis arbovirus yang dapat dideteksi dari sampel nyamuk
6. Diketuainya hasil analisis hubungan perubahan iklim dengan potensi penularan penyakit tular vektor nyamuk.

1.4 Manfaat Penelitian

1.4.1 Manfaat Bagi Pengembangan Pengetahuan

Hasil penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi terhadap ilmu pengetahuan khususnya tentang keberadaan fauna nyamuk sebagai vektor penyakit di daerah Maros, Toraja Utara dan Pasangkayu.

1.4.2 Manfaat Bagi Masyarakat

Memberikan informasi tentang faktor penting yang berperan dalam penularan penyakit tular vektor di daerah Maros, Toraja Utara dan Pasangkayu.

1.4.3 Manfaat Bagi Institusi

1. Memberikan gambaran informasi tentang keberadaan fauna nyamuk sebagai vektor potensial penyakit sehingga upaya pemberantasan vektor dapat dilakukan secara optimal.
2. Memberikan informasi tentang faktor yang berpengaruh terhadap kejadian penyakit tular vektor sehingga dapat menyusun rencana dan strategi yang efektif dalam penanganan penyakit.

BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

Penyakit tular vektor merupakan penyakit yang bertanggung jawab terhadap sebagian besar penyakit global dan menyebabkan hingga 1,4 juta kematian setiap tahun (Lendrum *et al.* 2005). Pengendalian vektor serangga merupakan cara terbaik untuk memutuskan persebaran penyakit tular vektor. Salah satu vektor yang sangat penting dan perlu dilakukan pengendalian ialah nyamuk. Pengendalian nyamuk dapat dilakukan dengan terlebih dahulu mensurvei untuk mengetahui jenis spesies nyamuk di wilayah tersebut. Metode survei nyamuk dapat dilakukan saat nyamuk hinggap untuk menghisap darah maupun saat beristirahat.

2.1 Metode Survei Nyamuk

Penangkapan pada saat nyamuk hinggap untuk menghisap darah memerlukan umpan badan manusia. Penangkap nyamuk harus merelakan beberapa bagian tubuhnya dihinggapi nyamuk betina, lalu dengan hati-hati akan mendekatkan ujung kaca aspirator ke arah nyamuk dan menghisapnya melalui selang karet sehingga nyamuk akan terbawa ke dalam tabung kacanya. Antara tabung kaca panjang dan selang penghisap terdapat suatu penyaring sehingga nyamuk tidak akan ikut tersedot ke dalam selang karet. Selanjutnya nyamuk yang tertangkap akan dipindahkan

ke dalam *paper cup* dengan cara dihembuskan melalui kasa yang dilubangi (BBPVRP 2017).

Penangkapan pada saat nyamuk beristirahat dilakukan dengan memeriksa dinding rumah atau benda-benda lain yang mungkin dihinggapi nyamuk. Lalu dilakukan cara penangkapan dengan aspirator seperti pada saat menghisap darah. Penangkapan nyamuk dapat juga dilakukan di kandang ternak, sekitar genangan air, atau semak-semak disesuaikan dengan kebiasaan hidup tiap-tiap spesies nyamuk (BBPVRP 2017).

Metode penangkapan nyamuk yang bisa di gunakan ialah:

1. Umpan Badan (*Man landing*)

Penangkapan dengan umpan badan dilakukan dari pukul 18.00 sampai 06.00 dengan menggunakan aspirator. Lama penangkapan tiap jamnya adalah 50 menit (BBPVRP 2017).



Gambar 1 Volunter yang sedang melakukan penangkapan dengan metode umpan badan (BBPVRP, 2017)

2. Animal Baited Trap (ABT) dan Animal Barrier Screen (ABS)

Perangkap ABT dan ABS sama-sama menggunakan ternak sebagai umpan. Letak perbedaannya ialah modifikasi model perangkap yang digunakan. Penangkapan nyamuk dengan menggunakan perangkap umpan binatang di lakukan di ekosistem yang memungkinkan menggunakan ternak sebagai umpan. Perangkap ABT dipasang dengan mengikat tali yang terdapat pada ujung perangkap pada tiang. Jarak antara tanah dengan ABT kurang lebih 20 cm. Dipasang tonggak di bagian dalam ABT untuk mengikat ternak (BBPVVP 2017).

Perangkap ABS berupa layar yang dipasang sepanjang 15 meter dan lebar 1,5 meter di bentangkan menggunakan tiang. Ternak kemudian di ikat sekitar 5 meter dari layar (Davidson *et al.* 2018)



Gambar 2 Animal Baited Trap (Lab. Entomologi FK Unhas, 2018)

3. Perangkap Lampu (Light Trap).

Light trap di pasang di tiang atau digantungkan di dahan pohon pada pukul 18.00 sampai 06.00. Nyamuk yang terperangkap kemudian diambil dengan aspirator dan diidentifikasi (BBPVRP 2017).



Gambar 3 Light Trap (www.carousell.com)

4. Sweep Net

Penangkapan nyamuk dengan sweep net dilakukan dengan cara menggerakkan tanaman yang diduga sebagai tempat istirahat nyamuk. Nyamuk yang terbang kemudian di tangkap dengan menggunakan sweep net dengan cara mengarahkan mulut sweep net ke arah nyamuk. Nyamuk yang tertangkap kemudian diambil dengan menggunakan aspirator dan dimasukkan di dalam paper cup (BBPVRP 2017).



Gambar 4 Volunter menangkap nyamuk menggunakan sweep net (Lab. Entomologi FK Unhas, 2018)

5. Kelambu Trap (KT)

KT berupa perangkat jaring yang dimodifikasi berbentuk kotak berukuran 4 x 4 x 2 m (panjang x lebar x tinggi) dan dibagi sepanjang kedua sumbu menjadi empat kuadran. Perangkat ini memungkinkan vektor potensial (nyamuk) yang terbang bebas dapat dicegat dari empat arah sehingga juga dapat ditentukan pola penerbangannya. Perangkat kelambu dirancang untuk membuat nyamuk masuk ke dalam perangkat dengan mudah dan sulit untuk keluar. Nyamuk dikumpulkan dari setiap kuadran menggunakan aspirator selama 10 menit setiap jam, mulai 18: 00-06: 00 h (Davidson *et al.* 2018).

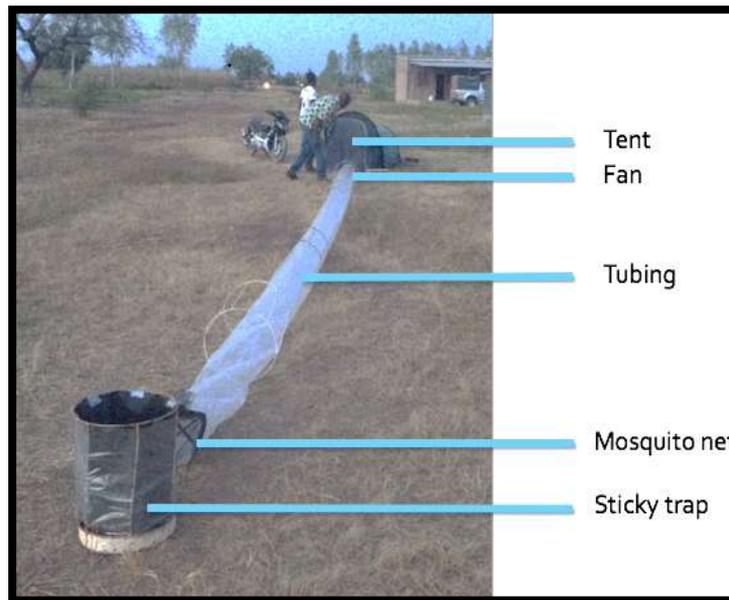


Gambar 5 Kelambu Trap (Lab. Entomologi FK Unhas, 2018)

6. Human Decoy Trap (HDT).

Metode penangkapan nyamuk secara pasif dengan memanfaatkan indera penglihatan dan pendengaran nyamuk serta ketertarikan dengan suhu ketika nyamuk terbang bebas mencari makan. Sebuah penelitian percobaan di Afrika, yakni di daerah Burkina Faso yang memiliki populasi nyamuk *Anopheles* yang tinggi menunjukkan bahwa metode HDT dapat

mengumpulkan 9x lebih banyak nyamuk daripada metode HLC dalam 17 malam penangkapan. Penelitian lainnya yakni di Kenya dengan populasi nyamuk sedang menunjukkan bahwa hasil penangkapan menggunakan HDT setara dengan HLC (Davidson *et al.* 2018).



Gambar 6 Human Decoy Trap (Davidson *et al.* 2018)

2.2 Nyamuk

2.2.1 Gambaran Umum Nyamuk

Nyamuk merupakan vektor utama dari berbagai penyakit tular. Menurut klasifikasinya nyamuk dibagi dalam dua subfamili yaitu Culicinae (terbagi menjadi 109 genus) dan Anophelinae (terbagi menjadi 3 genus). Nyamuk yang menjadi vektor utama dari subfamili Culicinae adalah *Aedes*, *Culex* dan *Mansonia*, sedangkan dari subfamili Anophelinae adalah *Anopheles* (Harbach *et al.* 2014).

Semua jenis nyamuk membutuhkan air untuk hidupnya, karena larva nyamuk melanjutkan hidupnya di air dan hanya bentuk dewasa yang hidup di darat (Sunaryo 2001). Telur nyamuk menetas dalam air dan menjadi larva. Nyamuk betina biasanya memilih jenis air tertentu untuk meletakkan telur seperti pada air bersih, air kotor, air payau atau jenis air lainnya. Bahkan ada nyamuk yang meletakkan telurnya pada axil tanaman, lubang kayu (*tree holes*), tanaman berkantung yang dapat menampung air, atau dalam wadah bekas yang menampung air hujan atau air bersih (Rattanaarithikul *et al.* 2005) .

Telur nyamuk menetas dalam air dan menjadi larva. Larva nyamuk hidup dengan memakan organisme kecil, tetapi ada juga yang bersifat sebagai predator seperti larva *Toxorhynchites sp* yang memangsa jenis larva nyamuk lain yang hidup dalam air. Kebanyakan nyamuk betina menghisap darah manusia atau hewan lain seperti kuda, sapi, babi dan burung dalam jumlah yang cukup sebelum perkembangan telurnya. Namun ada jenis nyamuk yang bersifat spesifik dan hanya menggigit manusia atau mamalia. Nyamuk jantan biasanya hidup dengan memakan cairan tumbuhan (Sembel 2009). Tingkah laku dan aktivitas nyamuk pada saat terbang dan menghisap darah berbeda-beda menurut jenisnya. Ada nyamuk yang aktif pada waktu siang hari seperti *Aedes sp.* dan aktif pada waktu malam hari seperti *Anopheles sp.* dan *Culex sp.* (Sembel 2009).

Menurut Womack (Womack 1993) klasifikasi nyamuk adalah sebagai berikut :

Kingdom : Animalia
Filum : Arthropoda
Kelas : Insecta
Ordo : Diptera
Famili : Culicidae
Sub-famili : Anophelini, Culicinae
Genus : *Anopheles*, *Culex*, *Aedes*, *Mansonia*, *Armigeres*

Nyamuk termasuk dalam kelompok serangga yang mengalami metamorfosa sempurna dengan bentuk siklus hidup berupa telur, larva, pupa dewasa (Sembel 2009).

a. Telur

Telur biasanya diletakkan di atas permukaan air satu per satu atau berkelompok. Telur-telur dari jenis *Culex sp.* diletakkan berkelompok (*raft*). Dalam satu kelompok biasa terdapat puluhan atau ratusan ribu nyamuk. Nyamuk *Anopheles sp.* dan *Aedes sp.* meletakkan telur di atas permukaan air satu persatu. Telur dapat bertahan hidup dalam waktu yang cukup lama dalam bentuk dorman. Namun bila air cukup tersedia, telur telur itu biasanya menetas 2-3 hari sesudah diletakkan (Sembel 2009).

b. Larva

Telur menetas menjadi larva. Berbeda dengan larva dari anggota Diptera yang lain seperti lalat yang larvanya tidak bertungkai, larva nyamuk memiliki kepala yang cukup besar serta toraks dan abdomen yang cukup jelas. Larva dari kebanyakan nyamuk menggantungkan diri di permukaan air. Untuk mendapatkan oksigen dan udara, larva-larva nyamuk *Culex sp.* dan *Aedes sp.* biasanya menggantungkan tubuhnya membentuk sudut terhadap permukaan air. Ada jenis larva nyamuk yang hidup dalam air dan bernapas melalui difusi kutin (*cutaneous diffusion*) seperti *Mansonia sp.* *Mansonia sp.* memiliki tabung udara yang berbentuk pendek dan runcing yang dipergunakan untuk menusuk akar tanaman air. Stadium larva memerlukan waktu kurang lebih satu minggu.

Pertumbuhan dan perkembangan larva dipengaruhi beberapa faktor, diantaranya adalah temperatur, cukup tidaknya bahan makanan, ada tidaknya pemangsa dalam air dan lain sebagainya (Soegijanto 2003). Kebanyakan larva nyamuk menyaring mikroorganisme dan partikel-partikel lainnya yang ada di dalam air. Larva biasanya melakukan pergantian kulit empat kali dan berpupasi sesudah tujuh hari.

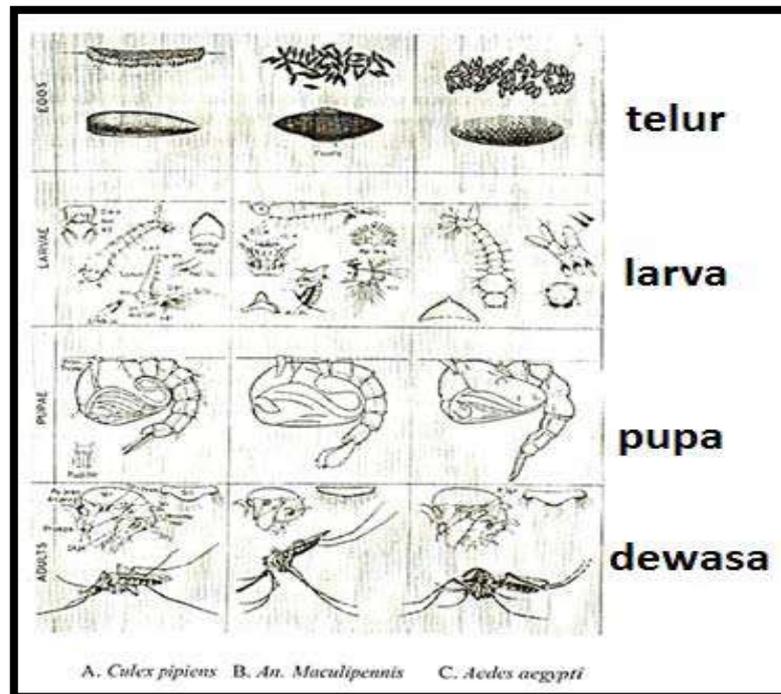
c. Pupa

Sesudah melewati pergantian kulit keempat, maka terjadi pupasi. Pupa berbentuk agak pendek, tidak makan, tetapi tetap aktif bergerak dalam air terutama bila diganggu. Mereka berenang naik turun dari bagian dasar ke permukaan air. Bila perkembangan pupa sudah

sempurna, yaitu sesudah dua atau tiga hari, maka kulit pupa akan pecah dan nyamuk dewasa keluar serta terbang (Sembel 2009).

d. Nyamuk Dewasa

Nyamuk dewasa yang baru keluar dari pupa berhenti sejenak di atas permukaan air untuk mengeringkan tubuhnya terutama sayap – sayapnya dan sesudah mampu mengembangkan sayapnya, nyamuk dewasa terbang mencari makan. Dalam keadaan istirahat, bentuk dewasa *Culex sp.* dan *Aedes sp.* hinggap dalam keadaan sejajar dengan permukaan, sedangkan *Anopheles sp.* hinggap membentuk sudut dengan permukaan (Sembel 2009).



Gambar 7 Siklus hidup nyamuk *Aedes sp*, *Culex sp*, *Anopheles sp.* (Sembel, 2009)

2.2.2 Habitat Pembiakan Nyamuk

Habitat nyamuk dapat dibagi menjadi *container habitats* dan *ground water habitats* (genangan air tanah). *Container habitat* terdiri dari wadah alami dan wadah artifisial. Genangan air tanah adalah genangan air yang terdapat tanah di dasarnya. Spesies yang memiliki habitat genangan air tanah adalah *Anopheles sp*, *Culex sp* (Qomariah, 2004).

Wadah alami banyak terdapat di area hutan atau area perkebunan. Namun wadah alami juga banyak terdapat di tempat lain, misalnya area bekas penebangan pohon, ruas - ruas bambu, area pantai dimana terdapat banyak tempurung kelapa. Spesies yang memiliki habitat wadah alami adalah *Aedes sp*, *Anopheles sp*, *Culex sp* (Rattanaarithikul *et al.* 2005).

Wadah artifisial adalah wadah terindikasi adanya aktifitas manusia atau modifikasi manusia. Habitat ini kebanyakan berada di area pemukiman. Contoh wadah artifisial yaitu barang-barang bekas, penampung air kulkas/dispenser, tempat penampungan air. Spesies yang memiliki habitat wadah artifisial adalah *Aedes sp*, *Culex sp*. Beberapa wadah artifisial memiliki ukuran dan daya tarik yang cukup besar untuk menarik spesies dan genera nyamuk yang memiliki habitat genangan air tanah (Rattanaarithikul *et al.* 2005).

Perubahan alam dapat menyebabkan perubahan habitat. Misalnya banjir dapat menyapu telur yang ada di selokan (Rattanaarithikul *et al.* 2005).

Habitat nyamuk juga dapat berbeda berdasarkan genus, diantaranya:

1. *Aedes sp*

Nyamuk *Aedes sp* aktif pada waktu siang hari. *Ae. aegypti* dan *Ae. albopictus* meletakkan telur dan berbiak pada tempat penampungan air bersih atau air hujan seperti bak mandi, tangki penampungan air, vas bunga, kaleng-kaleng, atau kantung plastik bekas, di atas lantai gedung terbuka, talang rumah, bambu pagar, ban-ban bekas, dan semua bentuk wadah yang menampung air bersih. *Ae. albopictus* meletakkan telur dan berbiak pada wadah-wadah alami seperti kulit-kulit buah misalnya kulit buah rambutan, tempurung kelapa.

Larva-larva nyamuk dapat terlihat berenang naik turun di tempat-tempat penampungan air tersebut. Kedua jenis nyamuk *Ae. albopictus* dan *Ae. aegypti* merupakan vektor utama penyakit demam berdarah (Sembel 2009).

2. *Culex sp.*

Nyamuk *Culex sp.* ada yang aktif pada waktu pagi, siang, dan ada yang aktif waktu sore atau malam. Nyamuk ini meletakkan telur dan berbiak di selokan yang berisi air bersih ataupun selokan air pembuangan domestik yang kotor (organik), serta di tempat penggenangan air domestik atau air hujan di atas permukaan tanah. Larva nyamuk *Culex sp* sering kali terlihat dalam jumlah yang sangat besar di selokan air kotor. Jenis nyamuk seperti *Cx. pipiens* dapat

menularkan penyakit filariasis (kaki gajah), ensefalitis, dan virus chikungunya (Sembel 2009).

3. *Mansonia sp.*

Nyamuk *Mansonia sp.* biasanya berbiak dalam kolam – kolam air tawar seperti kolam ikan. Larva nyamuk ini bernapas dengan mempenetrasi akar tanaman air. Nyamuk *Mansonia sp.* selain menularkan penyakit chikungunya juga dapat menularkan penyakit filariasis dan ensefalitis (Sembel 2009).

4. *Anopheles sp*

Nyamuk *Anopheles sp* dapat berbiak dalam kolam air tawar yang bersih, air kotor, air payau, maupun air yang tergenang di pinggiran laut. Nyamuk-nyamuk ini ada yang senang hidup di dalam rumah dan ada yang aktif di luar rumah. Ada yang aktif terbang pada waktu pagi, siang, sore, ataupun malam. Nyamuk *Anopheles sp.* sering disebut nyamuk malaria karena banyak dari spesies nyamuk ini menularkan malaria. Jenis nyamuk ini juga dilaporkan menularkan penyakit chikungunya. Spesies *Anopheles sp* yang berbeda sering menunjukkan tingkah laku yang berbeda dan kemampuan menularkan penyakit yang berbeda pula. Oleh sebab itu, jenis nyamuk *Anopheles sp* yang menularkan penyakit di satu daerah sering berbeda dengan *Anopheles sp* yang menularkan penyakit malaria atau chikungunya di daerah lain (Sembel 2009).

2.3 Identifikasi Morfologi dan Molekuler

Spesies nyamuk yang telah ditemukan harus dilakukan identifikasi untuk mengetahui nama spesies tersebut. Identifikasi adalah proses mengamati dan menempatkan individu-individu ke dalam takson atau unit klasifikasi yang telah ditetapkan sebelumnya melalui proses deduktif (Rosadi dan Pratomo 2014). Identifikasi adalah proses mengenali makhluk hidup yang ditemukan, baik berupa gambar maupun spesimen menggunakan buku panduan yang disebut kunci identifikasi.

2.3.1 Identifikasi Morfologi Nyamuk

1. *Aedes sp*

Nyamuk *Aedes aegypti* dan *Ae. albopictus* berwarna belang hitam putih, nyamuk *Aedes* dapat dibedakan dari jenis nyamuk umum lainnya dengan melihat ujung perut (abdomen) meruncing, dan mempunyai sersi yang melonjong, dibagian lateral dadanya terdapat rambut post-spiracural dan tidak mempunyai rambut spiracural. Tubuhnya bercorak belang hitam pada dada (toraks), perut (abdomen), dan kaki (tungkai) (Sigit dan Hadi 2006).

Corak ini merupakan sisik yang menempel di luar tubuh nyamuk, corak putih pada dorsal dada (punggung) *Ae.aegypti* berbentuk seperti siku yang berhadapan (*lyre-shaped*), sedangkan corak putih pada nyamuk *Ae. Albopictus* berbentuk lurus ditengah-tengah punggung (*median stripe*) (Sigit dan Hadi 2006).



Gambar 8 *Aedes aegypti* (Lab Entomologi FK Unhas, 2015)

2. *Anopheles sp*

Tubuh nyamuk *Anopheles* terbagi menjadi tiga bagian, yaitu kepala, dada, dan perut. Di bagian kepala terdapat sungut (*antena*). Antena pada nyamuk jantan berambut banyak, sedangkan pada nyamuk betina berambut sedikit. Di bagian kepala juga terdapat alat mulut, dengan salah satu bagian mulutnya disebut probosis. Di bagian dada terdapat satu pasang sayap. Sayap nyamuk *Anopheles* biasanya berbintik-bintik yang disebabkan oleh kelompok sisik-sisik yang warnanya berbeda. Bagian perut *Anopheles* terdiri dari 8 segmen. Segmen terakhir perut termodifikasi menjadi alat perkawinan. Saat istirahat (*hinggap*) tubuh dan proboscis membentuk satu garis lurus dan satu sudut dengan permukaan tempat istirahat (Borror 1992).



Gambar 9 Nyamuk *Anopheles sp* (Lab Entomologi FK Unhas, 2015)

3. *Culex sp*

Tubuh nyamuk *Culex* terdiri dari bagian kepala, thoraks, dan abdomen. Nyamuk berwarna hitam coklat baik tubuh maupun kakinya (Borror 1992). Nyamuk dewasa betina dapat tahan hidup selama 4-5 bulan, terutama pada periode hibernasi (musim dingin). Pada musim panas (kemarau) merupakan masa aktif dan nyamuk betina hanya hidup selama 2 minggu. Nyamuk jantan hanya hidup sekitar 1 minggu, tetapi pada kondisi optimal (cukup makan dan kelembaban), dapat hidup lebih dari 1 bulan (Novianto, 2007).



Gambar 10 *Culex sp* (Lab Entomologi FK Unhas, 2015)

2.3.2 Identifikasi Molekuler

Perkembangan teknologi molekuler yang cepat dan biaya yang relatif murah, telah menjadikan sekuen DNA sebagai pilihan data yang populer untuk menyusun filogeni. Data DNA berpotensi menyediakan karakter informatif hampir tidak terbatas dan terdapat pilihan untuk menjawab filogeni yang beragam karena gen mempunyai tingkat variabilitas yang berbeda. Sekuen molekuler menyediakan sejumlah besar informasi karakter yang tidak dapat disediakan oleh karakter morfologi (Lee, 2004). Pendekatan molekuler berguna pada kasus variasi morfologi terbatas. Bagian-bagian dari genom berevolusi pada tingkat yang berbeda, karena itu dapat digunakan untuk menjawab pertanyaan tentang evolusi pada tingkat hirarki taksonomi yang berbeda.

Smith menjelaskan kelebihan dan kelemahan data molekuler berikut ini (Smith dan Braks 1997):

- 1) Definisi karakter sederhana dan objektif, jelas petunjuknya untuk penerimaan suatu proposisi bahwa suatu karakter di antara suatu taksa adalah homolog.
- 2) Karakter informatif yang potensial secara filogenetika dapat ditemukan dalam jumlah yang banyak dari suatu genom.
- 3) Variasi gen yang sangat besar dengan fungsi berbeda, memungkinkan partisi data dan dapat digunakan secara terpisah untuk menyusun kekerabatan filogenetika.

- 4) Data molekuler dapat diperoleh untuk sebagian besar organisme yang masih ada. Evolusi sekuens yang kontinyu dari waktu ke waktu, menghasilkan overprinting dan degradasi sinyal filogenetika dari cabang-cabang dalam filogeni.
- 5) Perubahan nukleotida terjadi dengan kecepatan yang tinggi sehingga sering terjadi pembalikan. Hal tersebut mempermudah penyusunan modeling evolusi sekuens nukleotida, tetapi juga dapat meningkatkan terjadinya homoplasi.
- 6) Hanya sebagian kecil taksa yang sudah disekuensing sehingga satu spesies seringkali digunakan untuk mewakili keseluruhan kelompok besar.

Pada beberapa kasus tidak mungkin untuk membedakan antara karakter apomorfik yang variabelnya sangat tinggi di antara anggotanya, dan hal itu menunjukkan konsistensi dan stabilitas yang tinggi, juga lebih reliabel. Kelebihan lain dari analisis molekuler adalah meliputi sejumlah besar karakter yang tersedia sehingga analisisnya dapat menghasilkan resolusi yang lebih baik dari analisis morfologi. Lebih penting lagi, data molekuler memperbolehkan pemilihan di antara hipotesis atau kekerabatan dan memperkenankan penempatan taksa yang dipermasalahkan

1. DNA Barcoding

DNA barcode adalah sekuens atau urutan basa nukleotida dari DNA atau gen tertentu yang ukurannya pendek, diambil dari bagian satu atau

beberapa genom yang terstandar, digunakan untuk identifikasi dan penemuan spesies secara cepat dan praktis (Petit dan Excoffier 2009).

Sekuen yang paling banyak digunakan adalah DNA mitokondria untuk hewan dan eukariot lainnya; gen *matK* dan *rbcL* untuk tanaman darat. Contoh sekuen lain, diberikan pada bagian berikutnya dalam tulisan ini. DNA barcode dihasilkan oleh kemajuan bidang sekuensing (pengurutan DNA) dan teknologi komputasi. Urutan atau sekuen DNA tersebut digunakan sebagai sumber utama dalam pemahaman evolusi atau kekerabatan genetika. Istilah DNA barcode mengisyaratkan bahwa setiap spesies dicirikan oleh suatu sekuen atau urutan DNA unik, sehingga dapat menunjukkan variasi genetik di dalam setiap spesies, juga di antara spesies (Dasmahapatra dan Mallet 2006)

Pada akhir dekade ini, sekuen DNA yang lengkap dari berbagai genom telah diperoleh dan telah terkumpul informasi puluhan juta sekuen dari berbagai spesies pada NCBI Genbank (Kumar dan Flipski 2008). Selanjutnya Kumar dan Filipski menjelaskan analisis filogenetika molekuler, setidaknya melalui tahap berikut.

2. Pemilihan data sekuen DNA

Sekuen DNA yang akan dibandingkan adalah harus dipastikan memiliki homologi pada setiap organisme yang diteliti, juga harus memenuhi kondisi kuat memiliki orthologous, yaitu memiliki divergensi melalui spesiasi dan bukan melalui duplikasi gen. Terdapat banyak hal yang harus dipertimbangkan untuk tujuan ini. Sebagai contoh, untuk organisme

yang berkerabat jauh, sekuen asam amino lebih sering digunakan, sebab sekuen nukleotida berevolusi jauh lebih cepat dari asam amino.

Pada sisi lain, sekuen nukleotida dapat lebih informatif, karena memungkinkan adanya perbedaan yang disebabkan substitusi nukleotida yang tidak mengubah asam amino yang dikodekan (*silent substitution*) atau adanya substitusi pengganti. Untuk kajian populasi genetik intraspesifik dan antarspesies yang berkerabat dekat, DNA mitokondria sering digunakan karena bagian dari itu berevolusi lebih cepat dari gen inti sehingga dapat memberikan variasi lebih banyak untuk merekonstruksi sejarah evolusi.

3. Sequencing dan sequence alignment

Tahap berikutnya adalah sequencing atau pengurutan sekuen DNA dari gen yang telah diperoleh atau gen yang sudah tersedia, serta alignment atau penyesuaian posisi. *Sequences alignment* untuk menentukan apakah satu sekuen DNA adalah homolog dengan yang lainnya. *Alignment* yang melibatkan dua sekuen yang homolog disebut *pairwise alignment*, sedangkan yang melibatkan banyak sekuen yang homolog disebut *multiple alignment*. Keberhasilan analisis filogenetika sangat tergantung kepada akurasi proses alignment. Saat ini, banyak program komputer tersedia secara gratis di internet untuk membantu proses alignment, misalnya ClustalX.

Pada studi filogenetika molekuler, tahap ini akan menjadikan setiap basa nukleotida (A, C, T, G), menjadi site tertentu yang ekuivalen dengan karakter, seperti karakter lebar daun atau sifat permukaan batang ketika

menggunakan data morfologi. Jadi, misalnya diperoleh ukuran sekuen DNA sepanjang 600 pasang basa, maka jumlah karakter yang digunakan adalah sebanyak 600 karakter. Pada proses alignment sering ditemukan adanya gap, yang ditandai oleh garis putus-putus. Gap terjadi karena adanya insersi dan atau delesi. Pada prakteknya, gap bisa dianggap sebagai data yang hilang, walaupun pada banyak kasus gap dapat dilibatkan dalam analisis karena bisa bersifat informatif.

4. Rekonstruksi pohon filogenetik

Tahap berikutnya adalah penyusunan pohon filogenetik, yang struktur pentingnya diberikan oleh topologinya, yaitu nodus yang terhubung ke yang lainnya. Hampir semua metode rekonstruksi menghasilkan pohon filogenetik tanpa akar. Beberapa metode rekonstruksi pohon filogenetik telah tersedia, di antaranya *distance method* (DM), *likelihood method* (LM), *Bayesian method* (BM), dan *parsimony method* (PM).

Prinsip DM adalah jumlah perbedaan nukleotida antara dua sekuen DNA menunjukkan jarak evolusi yang terjadi. Jarak evolusi dihitung untuk semua pasang sekuen DNA dan sebuah pohon filogenetika direkonstruksi dari jarak atau perbedaan pasangan basa nukleotida tersebut dengan menggunakan kriteria *least square*, *minimum evolution*, *neighbor joining*, dan *distance measure*.

Prinsip LM ini adalah bahwa perubahan-perubahan di antara semua basa nukleotida adalah sebanding. Masalah serius dari metode ini adalah waktu perhitungan yang lama, walaupun telah dikembangkan algoritma

baru yang dianggap dapat mempercepat proses perhitungan. BM pada dasarnya sama dengan LM, hanya berbeda dalam penghitungan distribusi prior untuk membangun pohon filogenetika.

PM berdasar anggapan bahwa perubahan mutasional berlangsung pada semua arah di antara empat basa nukleotida atau 20 asam amino yang berbeda dan, berbeda dengan ketiga metode yang lain, hanya jumlah perubahan basa nukleotida atau asam amino yang terkecil yang dapat memberikan penjelasan yang baik mengenai keseluruhan proses evolusi yang terjadi. Topologi pohon yang dipilih sebagai yang terbaik adalah yang mengalami jumlah perubahan yang paling kecil.

Dari keempat metode di atas, PM lebih sering dipilih, antara lain karena pohon yang dibentuk lebih menggambarkan perubahan evolusioner yang terjadi setiap waktu, mengandung asumsi bahwa proses evolusi akan menempuh jalan yang paling singkat (*parsimonious*), dan perhitungan relatif lebih sederhana dan cepat dengan tingkat realibilitas yang tinggi. Penjelasan tentang perhitungan-perhitungan estimasi jarak pada berbagai model dan petunjuknya dapat ditelusuri lebih lanjut pada berbagai sumber, misalnya Saitou & Nei (Saitou dan Nei 1987), Nei & Kumar (Nei dan Kumar 2000) atau referensi lainnya.

5. Sumber data DNA barcoding

DNA barcoding adalah alat atau sarana molekuler dan bioinformatika untuk identifikasi spesies biologi. Ide dasar pemanfaatan DNA barcoding adalah bahwa melalui analisis variabilitas pada satu (atau beberapa)

penanda molekuler terstandar, memungkinkan untuk membedakan entitas biologi (sangat diharapkan merupakan tingkat taksonomi spesies) (Casiraghi *et al.* 2010).

Sumber karakter DNA yang digunakan dalam taksonomi molekuler dapat diperoleh dari inti (nDNA), kloroplas (cpDNA), dan mitokondria (mtDNA). Beragam wilayah gen telah digunakan untuk taksonomi tingkat spesies, di antaranya ditunjukkan pada Tabel 1 (Hajibabaei *et al.* 2007).

Tabel 1 Beberapa contoh penanda molekuler tingkat spesies yang digunakan dalam kajian filogenetika molekuler

Gen	Lokasi Genom	Jumlah Sekuen			
		Hewan	Tumbuhan	Protista	Jamur
COI- barcode	Mitokondria	195.777	520	1931	410
16S-rDNA	Mitokondria	41.381	221	2059	285
Cytb	Mitokondria	88.324	165	1920	1084
ITS1-rDNA	Inti	12.175	57.693	68.839	56.675
ITS2-rDNA	Inti	13.923	58.065	67.332	56.349
18S-rDNA	Inti	21.063	17.121	32.29	33.327
rbcl	Plastida	NA	30.663	37.328	NA

Sumber: (Hajibabaei *et al.* 2007).

Keterangan:

Singkatan Gen: CO1: cytochrome c oxidase I; cytb, cytochrome b; ITS, internal transcribed spacer; rbcl, Large subunit of ribulose 1.5-biphosphate carboxylase/oxygenase.

NA: *Not available* (tidak tersedia)

Metode ini didasarkan pada asumsi bahwa variasi genetik di antara spesies melebihi variasi di dalam spesies. Sebagai konsekuensinya, analisis DNA barcoding yang ideal mencerminkan distribusi variabilitas intraspesies dan interspesies yang dipisahkan oleh suatu jarak yang disebut 'DNA barcoding gap'. DNA barcoding sesuai untuk dua tujuan, yaitu untuk

identifikasi molekuler spesies yang sudah terdeskripsikan maupun untuk spesies yang belum terdeskripsikan.

Pemikiran dasar penggunaan sekuen DNA dalam studi filogenetika adalah bahwa terjadi perubahan basa nukleotida menurut waktu, sehingga dapat diperkirakan kecepatan evolusi yang terjadi dan dapat direkonstruksi hubungan evolusi antara satu kelompok organisme dengan yang lainnya (Hidayat dan Pancoro 2006).

Beberapa alasan mengapa digunakan sekuen DNA, yaitu: (1) DNA merupakan unit dasar informasi yang mengkode organisme; (2) relatif lebih mudah untuk mengekstrak dan menggabungkan informasi mengenai proses evolusi suatu kelompok organisme, sehingga mudah untuk dianalisis; (3) peristiwa evolusi secara komparatif mudah untuk dibuat model; dan (4) menghasilkan informasi yang banyak dan beragam, dengan demikian akan ada banyak bukti tentang kebenaran suatu hubungan filogenetika.

2.4 Nyamuk sebagai vektor dan patogen yang ditularkan

2.4.1 Nyamuk sebagai vektor

Diantara 44 genera nyamuk yang diketahui, hanya beberapa yang telah dikonfirmasi sebagai vektor pembawa penyakit. Tiga genus utama yang dikenal sebagai vektor penyakit adalah *Anopheles* sebagai vektor malaria, *Aedes* dan *Culex* sebagai vektor sebagian besar arbovirus. Beberapa species cacing filaria diketahui dapat ditularkan oleh species nyamuk dari ketiga genera tersebut.

Tabel 2 Jenis genera nyamuk yang berperan sebagai vektor arbovirus di Asia

Arbovirus	Vektor Utama	Reservoar Utama	Wilayah Endemik
Dengue	<i>Aedes</i>	Primata, Manusia	Afrika, Asia, Amerika Selatan., Pasifik
West Nile	<i>Culex</i>	Burung	Eropa, Amerika Utara, Afrika, Asia
Japanese Encephalitis	<i>Culex</i>	Burung, Babi	Asia
Chikungunya	<i>Aedes</i>	Primata, Kelelawar, Rodensia	Afrika, Asia
Rift Valley Fever	<i>Culex</i> dan <i>Aedes</i>	Domba, Sapi	Afrika, Asia
Sindbis	<i>Culex</i>	Burung	Eropa, Afrika, Asia

Sumber: Conway, Colpitts, and Fikrig 2015

Dari sekitar 3500 Spesies nyamuk yang ada di seluruh dunia, terdapat 52 spesies yang pernah dilaporkan menularkan baik arboviruses, maupun parasit malaria dan filaria.

Tabel 3 Potensi vektor penyakit arbovirus, malaria, filariasis tiap spesies nyamuk

No.	Spesies	Penyakit Tular Vektor		
		Arbovirus	Malaria	Filariasis
1	<i>Ae. aegypti</i>	DENV, CHIKV, ZIKV, YFV, BABV, ONNV, (Hall-Mendelin <i>et al.</i> 2016)		<i>W. bancrofti</i> (Albuquerque <i>et al.</i> 1999)
2	<i>Ae. albopictus</i>	DENV, CHIKV, ZIKV, YFV, WNV, BABV, SINBV, CVV, LACV, POTV (Weaver dan Reisen 2010) (B2P2VRP 2017)		<i>W. bancrofti</i> (Albuquerque <i>et al.</i> 1999)
3	<i>Ae. butleri</i>	JEV (Vythilingam <i>et al.</i> 1997)		
4	<i>Ae. linneatopennis</i>	MVE, JEV (Vythilingam <i>et al.</i> 1997), RVFV		
5	<i>Ae. vexans</i>	WSLBV, POTV, CHAOV, WNV (Liebert <i>et al.</i> 2004)		

		ZIKV(Gendernalik <i>et al.</i> 2017)		
6	<i>Ae. vigilax</i>	MVE, ZIKV, LNV, RRV, SASHV dan EHV (Coffey <i>et al.</i> 2014)		
7	<i>An. aconitus</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	Filariasis (B2P2VRP 2017)
8	<i>An. balabacensis</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	
9	<i>An. bancrofti</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	
10	<i>An. barbirostris</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	<i>B. malayi</i> , <i>B. timori</i> , Filariasis (B2P2VRP 2017)
11	<i>An. barbunrosus</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	
12	<i>An. cracens</i>		Plasmodium (Liew <i>et al.</i> 2021)	
13	<i>An. farauti</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	
14	<i>An. flavirostris</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	<i>W. bancrofti</i>
15	<i>An. kochi</i>	JEV (Tan <i>et al.</i> 1993).	Plasmodium (B2P2VRP 2017)	
16	<i>An. koliensis</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	
17	<i>An. letifer</i>		Plasmodium(B2P2VRP 2017)	
18	<i>An. ludlowe</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	
19	<i>An. maculatus</i>	TIBOV (Li <i>et al.</i> 2014)	Plasmodium (B2P2VRP 2017)	<i>W. bancrofti</i> Filariasis (B2P2VRP 2017)
20	<i>An. minimus</i>	AMIV (Trung <i>et al.</i> 2004)	Plasmodium (B2P2VRP 2017)	<i>W. bancrofti</i>
21	<i>An. nigerrimus</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	Filariasis (B2P2VRP 2017)
22	<i>An. punctulatus</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	
23	<i>An. peditaeniatus</i>	JEV(Mourya <i>et al.</i> 1989)		
24	<i>An. sulawesi</i>		Plasmodium (WRBU)	
25	<i>An. sinensis</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	
26	<i>An. sundaicus</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	
27	<i>An. subpictus</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	<i>W. bancrofti</i>
28	<i>An. sulawesi</i>			
29	<i>An. sundaicus</i>	SFV (Collins <i>et al.</i> 1965)	Plasmodium (B2P2VRP 2017)	

30	<i>An. tessellatus</i>	KPKV(Guzman <i>et al.</i> 2018)	Plasmodium (B2P2VRP 2017)	
31	<i>An. vagus</i>	JEV (Tan <i>et al.</i> 1993).	Plasmodium (B2P2VRP 2017)	Filariasis (B2P2VRP 2017)
32	<i>An. umbrosus</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	
33	<i>Ar. kesseli</i>			<i>B. pahangi</i> (Nurin-Zulkifli <i>et al.</i> 2010)
34	<i>Ar. subalbatus</i>	JEV, AsTV (Zhai <i>et al.</i> 2010)	<i>P. relictum</i> (Zhang <i>et al.</i> 2020)	
35	<i>Ay. catastica</i>			<i>B. pahangi</i> (Muslim <i>et al.</i> 2013) <i>W. bancrofti</i> , <i>B. malayi</i>
36	<i>Cx. bitaeniorhynchus</i>	JEV, SINV, SAGV, GETV, RVFV (Das 2013)	Plasmodium (B2P2VRP 2017)	
37	<i>Cx. fuscocephalus</i>	JEV(Vythilingam <i>et al.</i> 1997)		<i>W. bancrofti</i> (Bonne Wepster 1956)
38	<i>Cx. gelidus</i>	BFV, RRV, JEV(Vythilingam <i>et al.</i> 1997), KUNV,dan MVEV (Johnson <i>et al.</i> 2009) BATV(Nashed <i>et al.</i> 1993)		
39	<i>Cx. infula</i>	JEV (Samuel <i>et al.</i> 1998)		
40	<i>Cx. nigropunctatus</i>		Plasmodium (B2P2VRP 2017)	
41	<i>Cx. quinquefasciatus</i>	WNV dan JEV BABV, PERV, RVFV, CHIKV, WNV, MgV (Kramer <i>et al.</i> 2011),	Plasmodium (Dirjen P3L 2008) (Dirjen P3L 2008)	<i>W. bancrofti</i> , <i>B. malayi</i> (B2P2VRP 2017)
42	<i>Cx. sitiens</i>	NORCV, LNV dan RRV(Coffey <i>et al.</i> 2014), MOSV, MVEV, JEV, SEPV, SINV	Plasmodium (Dirjen P3L 2008)	<i>W. bancrofti</i> , <i>B. malayi</i> (B2P2VRP 2017)
43	<i>Cx. tritaeniorhynchus</i>	JEV WNV, GETV, RVFV, SINV, TEMV, QBV, YNCxFV, MgV, NGAV, BABV, RFV, SAGV, OYAV, AKAV, GETV, YUOV, BANV (Vythilingam <i>et al.</i> 1997),	Plasmodium (Dirjen P3L 2008)	
44	<i>Cx. vishnui</i>	JEV (Vythilingam <i>et al.</i> 1997),		
45	<i>Cx. whitmorei</i>			Filariasis (B2P2VRP 2017)
46	<i>Lz. fuscana</i>		Plasmodium (Nono 1932)	Filariasis (B2P2VRP 2017)
47	<i>Cx. annulirostris</i>			Filariasis (B2P2VRP 2017)

48	<i>Ma. bonneae</i>			Filariasis (B2P2VRP 2017)
49	<i>Ma. indiana</i>	JEV (Arunachalam et al. 2004)		Filariasis (B2P2VRP 2017)
50	<i>Ma. uniformis</i>	ZIKV, WNV(Diallo et al. 2005), RVFV, BABV, PERV		<i>B. malayi</i> (Sarataphan et al. 2002)
51	<i>Ma. dives</i>			<i>W. bancrofti</i> (Ughasi et al. 2012) dan <i>B. malayi</i> (Ramalingam et al. 1969), <i>B. patei</i> , (Laurence dan Pester 1961) <i>Setaria sp.</i> <i>Dirofilaria sp.</i>
52	<i>Uranotaenia sp.</i>	WNV(Pachler et al. 2014), NOUV(Junglen et al. 2009)	Avian malaria (Schmid et al. 2017)	Filariasis (B2P2VRP 2017)

Ket : AKAV=Akabane virus, AsTV=*Armigerese subalbatus* totivirus, AMIV=*Anopheles minimus* virus, BAV=Banna virus, BABV = Babanki virus, BATV=Batai virus, BFV=Barmah Forest virus, BWAV=Bwamba virus, CHAOV=Chaoyang virus, CHIKV=Chikungunya virus, CVV=Cache Valley virus, DENV=Dengue virus, EHV=Edge Hill virus, GETV=Getah virus, JEV=Japanese Encephalitis virus, KPKV=Kampung Karu virus, KUNV=Kunjin virus, LACV=La Crosse virus, LNV=Liao Ning virus, MgV=Mengo Virus, MOSV=Mossuril virus, MVEV=Murray Valley Encephalitis virus, NGAV=Ngari virus, NORCV=North Creek virus, NOUV=Nounane virus, ONNV=O'nyong-nyong Virus, OYAV= Oya virus, PERV= Perinet virus, POTV=Potosi virus, QBV=Quang Binh virus, RRV=Ross River virus, RVFV= Rift Valley Fever virus, SAGV = Sagiyama Virus, SASHV=Salt Ash virus, SEPV=Sepik virus, SFV=Semiliki Forest virus, SINBV=Sindbis virus, TEMV=Tembusu virus, TIBOV=Tibet Orbivirus, WNV = West Nile Virus, WSLV= Wesselsbron virus, ZIKV= Zika virus, YFV=Yellow Fever virus, YNCxFV=Yunnan Culex Flavivirus, YUOV= Yunnan Orbivirus

Di Indonesia di kenal lebih dari 20 species nyamuk *Anopheles* yang menularkan malaria yang tersebar di seluruh Indonesia., sebagaimana terlihat dalam tabel berikut.

Tabel 4 Spesies *Anopheles* vektor malaria di Indonesia

No	Wilayah Penyebaran	Spesies Nyamuk
1	D. I. Aceh	<i>An. balabacensis</i> , <i>An. sundaicus</i> , <i>An. nigerrimus</i> , <i>An. sinensis</i>
2	Sumatera Utara	<i>An. nigerrimus</i> , <i>An. sinensis</i> , <i>An. letifer</i> , <i>An. maculatus</i> , <i>An. sundaicus</i>
3	Sumatera Barat	<i>An. maculatus</i> , <i>An. sundaicus</i>
4	Riau	<i>An. letifer</i> , <i>An. maculatus</i> , <i>An. sundaicus</i>
5	Jambi	<i>An. letifer</i> , <i>An. maculatus</i> , <i>An. sundaicus</i>
6	Sumatera Selatan	<i>An. letifer</i> , <i>An. maculatus</i> , <i>An. sundaicus</i>
7	Bengkulu	<i>An. maculatus</i> , <i>An. sundaicus</i>
8	Lampung	<i>An. aconitus</i> , <i>An. maculatus</i> , <i>An. sundaicus</i>
9	DKI Jakarta	<i>An. sundaicus</i>
10	Jawa Barat	<i>An. aconitus</i> , <i>An. maculatus</i> , <i>An. sundaicus</i>
11	D.I. Yogyakarta	<i>An. balabacensis</i> , <i>An. maculatus</i> ,
12	Jawa Timur	<i>An. aconitus</i> , <i>An. maculatus</i> , <i>An. sundaicus</i> , <i>An. balabacensis</i>
13	Bali	<i>An. aconitus</i> , <i>An. maculatus</i> , <i>An. sundaicus</i> , <i>An. sundaicus</i>
14	Kalimantan Barat	<i>An. letifer</i> , <i>An. balabacensis</i> , <i>An. maculatus</i>
15	Kalimantan Tengah	<i>An. letifer</i> , <i>An. balabacensis</i> , <i>An. maculatus</i>
16	Kalimantan Selatan	<i>An. letifer</i> , <i>An. balabacensis</i> , <i>An. maculatus</i> , <i>An. sundaicus</i>
17	Kalimantan Timur	<i>An. letifer</i> , <i>An. balabacensis</i> , <i>An. maculatus</i> , <i>An. sundaicus</i>
18	Sulawesi Utara	<i>An. barbirostris</i> , <i>An. subpictus</i> , <i>An. sundaicus</i>
19	Sulawesi Tengah	<i>An. barbirostris</i> , <i>An. subpictus</i>
20	Sulawesi Selatan	<i>An. barbirostris</i> , <i>An. subpictus</i> , <i>An. sundaicus</i>
21	Sulawesi Tenggara	<i>An. aconitus</i> , <i>An. sundaicus</i> , <i>An. balabacensis</i> , <i>An. barbirostris</i> , <i>An. maculatus</i>
22	Nusa Tenggara Barat	<i>An. aconitus</i> , <i>An. sundaicus</i> , <i>An. balabacensis</i> , <i>An. barbirostris</i> , <i>An. maculatus</i>
23	Nusa Tenggara Timur	<i>An. aconitus</i> , <i>An. sundaicus</i> , <i>An. balabacensis</i> , <i>An. barbirostris</i> , <i>An. maculatus</i> ,
24	Maluku	<i>An. subpictus</i> , <i>An. farauti</i> , <i>An. punctulatus</i>
25	Irian Jaya	<i>An. farauti</i> , <i>An. kodensis</i> , <i>An. punctulatus</i>

Sumber: Harijanto P. N, 2000

Vektor penyakit filariasis dapat ditemukan diberbagai daerah seperti pada tabel dibawah ini:

Tabel 5 Perbedaan vektor nyamuk dan daerah infeksi filaria

Parasit	Vektor Nyamuk	Daerah infeksi
<i>W. bancrofti</i>	<i>Cx. annulirostris</i> , <i>Cx. bitaeniorhynchus</i> , <i>Cx. quinquefasciata</i> , dan <i>Cx. Pipiens</i> ; <i>An. arabinensis</i> , <i>An. bancroftii</i> , <i>An. farauti</i> , <i>An. funestus</i> , <i>An. gambiae</i> , <i>An. koliensis</i> , <i>An. melas</i> , <i>An. merus</i> , <i>An. punctulatus</i> , dan <i>An. wellcomei</i> ; <i>Ae. aegypti</i> , <i>Ae. aquasalis</i> , <i>Ae. bellator</i> , <i>Ae. cooki</i> , <i>Ae. darlingi</i> , <i>Ae. kochi</i> , <i>Ae. polynesiensis</i> , <i>Ae. pseudoscutellaris</i> , <i>Ae. rotumae</i> , <i>Ae. scapularis</i> dan <i>Ae. vigilax</i> ; <i>Mn. pseudotitillans</i> dan <i>Mn. uniformis</i> ; <i>Coquillettidia juxtamansonia</i>	Daerah perkotaan yang kumuh, padat penduduk dan banyak genangan air kotor.
<i>B. malayi</i>	<i>Mansonia</i> dan <i>Aedes</i>	Daerah hutan rawa, sepanjang sungai atau badan air yang ditumbuhi tanaman air
<i>B. timori</i>	<i>An. barbirotis</i>	Hanya di Indonesia Timur dipulau Timor, Flores, Rote, Alor dan beberapa pulau kecil di NTT

Sumber: Dreyer et al. 2001; Ridad 2002

2.4.2 Patogen yang ditularkan

Patogen yang ditularkan oleh nyamuk dapat berupa virus (artropoda), parasit *Plasmodium* dan cacing filaria.

1. Arbovirus

Arbovirus adalah istilah yang digunakan terhadap sekelompok virus yang ditularkan oleh vektor arthropoda. Kata arbovirus merupakan singkatan dari *arthropod-borne virus*. Terdapat lebih dari 130 arbovirus yang telah diketahui menyebabkan penyakit pada manusia (Kean *et al.* 2015).

Penyakit zoonosis arbovirus utamanya disebabkan oleh genus flavivirus, alphavirus dan bunyavirus yang disebarkan melalui vektor potensial. Penyakit ini sering terjadi khususnya di negara beriklim tropis, termasuk Indonesia. Penyakit ini dapat mempengaruhi perkembangan perekonomian karena angka morbiditas dan mortalitas yang tinggi (Ekawasti dan Martindah 2017).

Penyakit zoonotik merupakan penyakit yang ditularkan dari hewan ke manusia atau sebaliknya, dapat disebabkan oleh virus, bakteri, parasit dan jamur yang menimbulkan kesakitan dan kematian (Katara dan Kumar 2010). Kejadian penyakit zoonotik arbovirus telah mendapat perhatian cukup besar dari dunia internasional karena memiliki prevalensi dan mortalitas yang tinggi, sehingga dapat mempengaruhi perkembangan perekonomian suatu negara. Selain itu, juga berpotensi menyebabkan terjadinya epidemi (Santos dan Monteiro 2013). Sejak 30 tahun yang lalu, kejadian penyakit yang diakibatkan oleh arbovirus pada manusia dan hewan terus mengalami peningkatan transmisi epidemik

dan perluasan cakupan geografis dari 11 kasus pada tahun 1993 menjadi 313 kasus di tahun 2012 (Rosenberg *et al.* 2013).

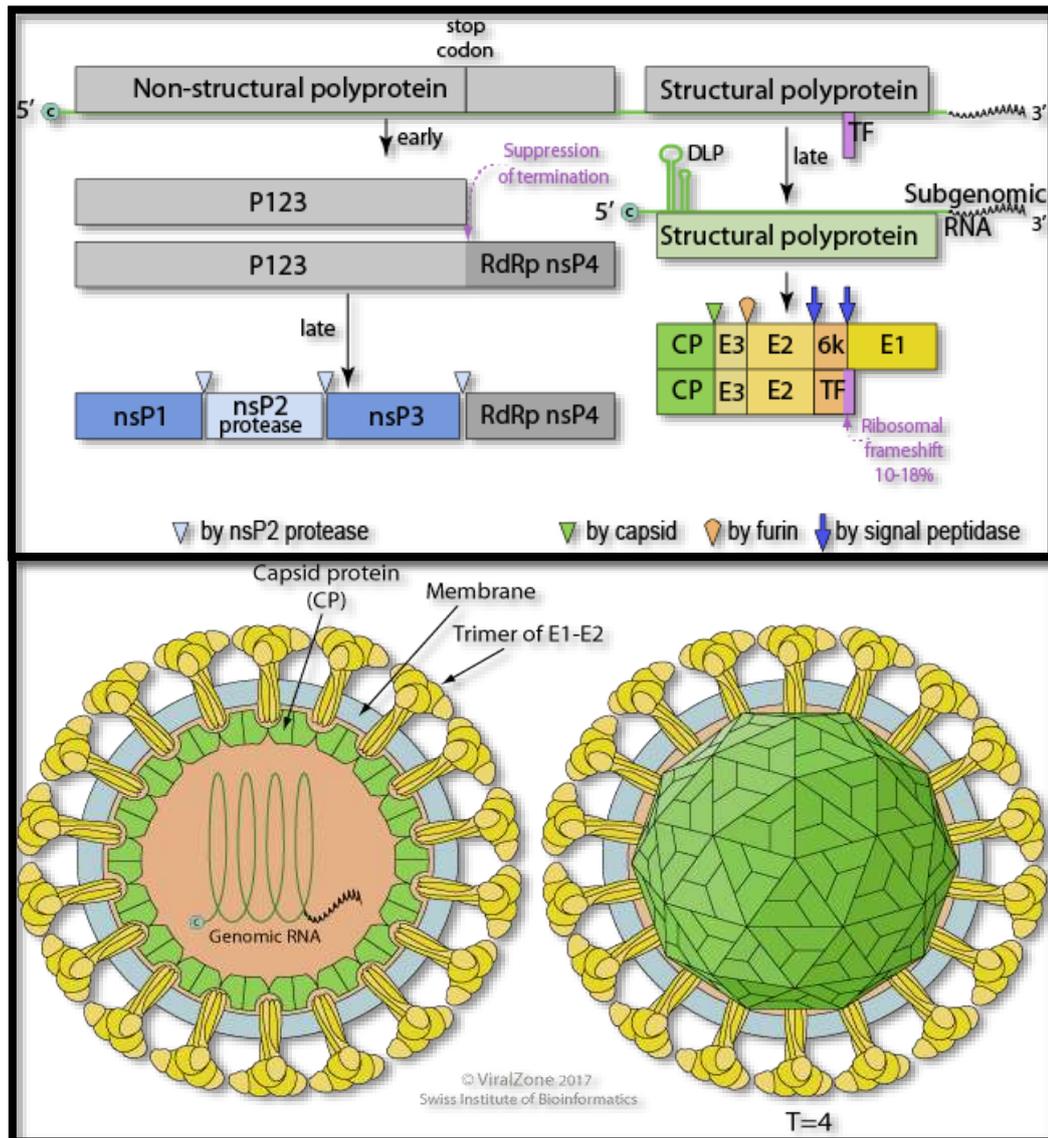
Genus arbovirus yang dapat menyebabkan penyakit pada manusia, diantaranya:

1) Genus Alfavirus

Alfavirus adalah salah satu dari dua genera dalam keluarga Togaviridae; genus lainnya ialah Rubivirus (virus rubella). Alfavirus diklasifikasikan berdasarkan sifat antigeniknya, semua alfavirus dapat berbagi situs antigenik melalui kapsid dan pada minimal satu glikoprotein envelop. Envelop virus berbentuk bola berdiameter 60 hingga 70 nm dengan genom RNA untai tunggal (*single-strand*) dan positive-sense yang monopartit. Envelop yang mengandung lemak memiliki dua glikoprotein permukaan (jarang yang memiliki tiga) yang berperan dalam fungsi perlekatan, fusi, dan penetrasi (Schmaljohn dan McClain 1996).

Glikoprotein E1 dan E2 membentuk permukaan luar virion dan berinteraksi dengan reseptor sel inang dan antibodi turunan inang (Sanchez *et al.* 2009). Envelop ini menutupi nukleokapsid yang menampung molekul RNA dengan ukuran sekitar 11,5 kb (Norder *et al.* 1996). Nukleokapsid ikosohedral mengandung protein kapsid dan RNA (Schmaljohn dan McClain 1996).

Representasi diagram genom Alphavirus ditunjukkan pada gambar di bawah ini :



Gambar 11 Komposisi genom dan struktur virion alphavirus. (https://viralzone.expasy.org/625?outline=all_by_species)

Ket: NSP: Non struktural protein, CP: protein kapsid, protein E: envelope, 6k: protein envelope.

Alphavirus diklasifikasikan sebagai jenis Alphavirus Dunia Lama dan Dunia Baru tergantung di mana mereka muncul. Beberapa alphavirus Dunia Lama seperti virus Sindbis ditemukan di Afrika, Eropa, Asia dan Australia, sedangkan alphavirus Dunia Baru seperti

Venezuelan equine encephalomyelitis virus (VEEV) ditemukan di Amerika. Alphavirus biasanya ditularkan ke manusia dan hewan melalui gigitan nyamuk yang terinfeksi. Secara umum, alphavirus Dunia Lama menyebabkan penyakit yang tidak terlalu parah dan memiliki tingkat kematian yang lebih rendah pada manusia dibandingkan dengan alphavirus Dunia Baru. Infeksi alphavirus Dunia Lama biasanya ditandai dengan ruam dan radang sendi, sedangkan infeksi alphavirus Dunia Baru biasanya ditandai dengan penyakit demam dan ensefalitis (Weaver dan Barrett 2004; Zacks dan Paessler 2010).

Kasus ensefalitis misalnya pada kasus wabah virus East equine ensefalitis (EEEV), West equine ensefalitis (WEEV) dan Venezuelan equine ensefalitis (VEEV) (Weaver *et al.* 1997). Virus ini telah dikaitkan dengan ensefalitis pada manusia dan kuda di Amerika (Zacks dan Paessler 2010). Virus WEEV adalah rekombinan yang diturunkan gen non-strukturalnya dari nenek moyang virus EEEV dan protein strukturalnya dari nenek moyang SINV (Weaver *et al.* 1997).

Viremia penyakit Alfavirus Dunia Lama biasanya berumur pendek, namun gejala arthralgia dan myalgia dapat bertahan selama berbulan-bulan setelah terjadinya infeksi (Laine *et al.* 2002). Virus Dunia Lama termasuk virus Sindbis (SINV), Semliki Forest (SFV), Barmah Forest (BFV), Middelburg (MIDV) dan virus Ndumu (NDUV).

Infeksi virus dapat ditularkan melalui nyamuk yang telah terinfeksi. Pada inang vertebrata, penyebaran dan viremia sementara terjadi ketika

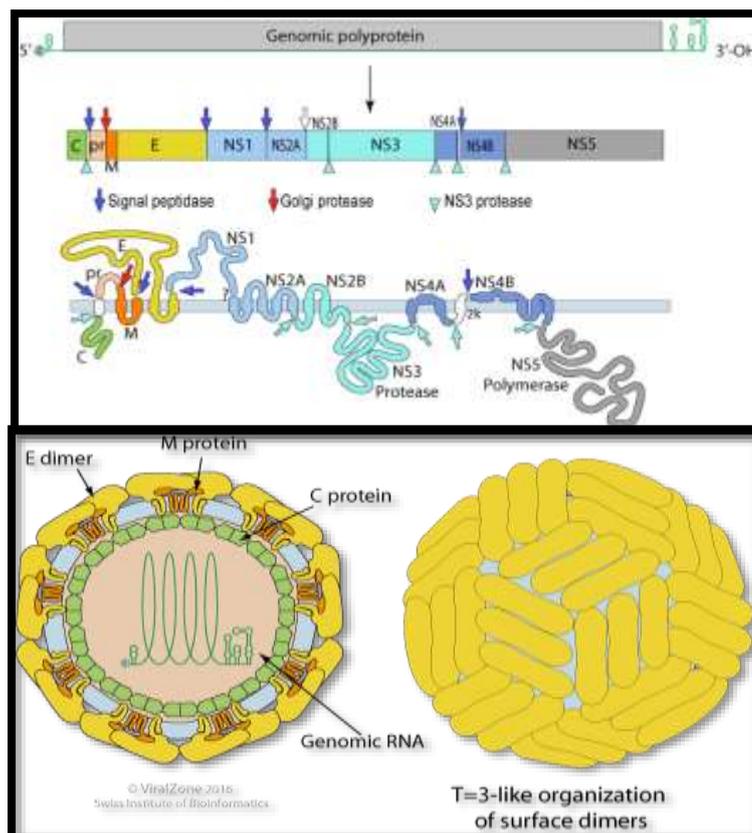
virus dilepaskan dari sel yang kemudian lisis. Umumnya infeksi serokonversi tidak menunjukkan adanya penyakit klinis, tetapi gejalanya dapat melumpuhkan dan berakibat fatal (misalnya pada kasus ensefalitis). Virus dapat dilawan oleh sistem kekebalan tubuh tetapi artritis atau gangguan sistem saraf pusat dapat bertahan selama berminggu-minggu (Schmaljohn dan McClain 1996).

Semua zoonosis arboviral dalam genus *Alfavirus* ditularkan oleh nyamuk dan beberapa diantaranya cenderung menjadi wabah. Misalnya virus chikungunya (CHIKV) dan virus o'nyong-nyong (ONNV) telah mengakibatkan wabah yang mempengaruhi lebih dari satu juta orang (Williams *et al.* 1965; WHO/PAHO 2015). Gejala klinis kedua penyakit ini ditandai dengan demam dan artralgia. Di Amerika, tiga alfavirus diketahui bersirkulasi (WEEV, EEEV dan VEEV) yang mengakibatkan penyakit demam dan tingkat kematian kasus 1-35% (Service dan Ashford 2001).

Di Australasia, virus Barmah Forest (BFV) dan virus Ross River (RRV) dikaitkan dengan penyakit demam yang dapat sembuh sendiri. Ada juga beberapa alfavirus yang dibawa oleh arthropoda yang berpotensi menyebabkan penyakit pada manusia yang belum dipahami dengan baik termasuk virus Mayaro (MAYV), Una, Tonate dan Sindbis (SINV). Kasus dari infeksi virus ini jarang terjadi tetapi insidennya mungkin tidak dilaporkan.

2) Genus Flavivirus

Flavivirus adalah virus dengan virion berbentuk bulat dan berdiameter 40-50 nm, genom RNA positive-sense, tidak bersegmen dan berantai tunggal. Envelop yang mengandung lipid memiliki satu permukaan glikoprotein yang berperan dalam fungsi perlekatan, fusi dan penetrasi, dan sebagai protein matriks internal. Nukleokapsid mengandung protein kapsid dan RNA. Virion matang pada membran intrasitoplasmik (Schmaljohn dan McClain 1996). Representasi diagram dari genom Flavivirus ditunjukkan di bawah ini pada gambar di bawah ini:



Gambar 12 Komposisi genom dan struktur virion flavivirus (https://viralzone.expasy.org/24?outline=all_by_species)

ket: C: protein kapsid, M: membran, E: Envelope NS: Non-struktural protein, panah berwarna menunjukkan situs pembelahan.

Genus Flavivirus terdiri dari beberapa patogen yang penting bagi kesehatan manusia; tiga patogen diantaranya yang paling signifikan di seluruh dunia adalah virus yang dibawa nyamuk, yakni virus dengue (DENV), virus yellow fever (YFV) dan virus Japanese encephalitis (JEV). World Health Organization (WHO) memperkirakan DENV menjadi penyebab 400 juta kasus demam berdarah pada manusia setiap tahunnya secara global. Flavivirus penting lainnya yang ditularkan nyamuk termasuk virus West Nile (WNV), St Louis encephalitis (SLEV), Murray Valley encephalitis (MVEV), Usutu (USUV) dan Zika (ZIKV). Zoonosis arboviral ini menyebabkan berbagai penyakit manusia tetapi biasanya berupa demam, mialgia, dan ruam; artralgia khas terjadi pada infeksi DENV dan ZIKV, ensefalitis mungkin terjadi pada kasus JEV, WNV, SLEV dan MVEV sementara YFV dapat berkembang menjadi manifestasi perdarahan. Virus-virus ini memiliki endemisitas yang besar sesuai dengan distribusi vektor nyamuk kompeten. Semua virus telah dilaporkan di setidaknya dua benua, kecuali MVEV yang hanya dilaporkan dari Australia dan Papua New Guinea (Service dan Ashford 2001).

Genus Flavivirus juga mencakup beberapa penyakit *tick-borne* atau virus yang ditularkan oleh kutu. Virus yang penting secara medis termasuk diantaranya virus tick-borne encephalitis (TBEV), virus Kyasanur Forest disease (KFDV), virus Omsk haemorrhagic fever (OHFV), virus Powassan virus (POWV), virus Karshi (KSIV) dan virus

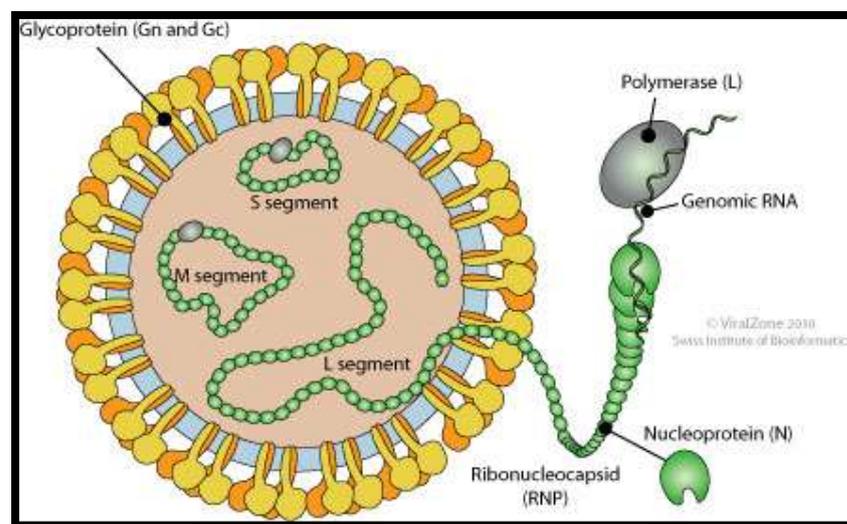
Alkhurma Hemorrhagic Fever (AHFV); rentang distribusi virus ini biasanya lebih sempit daripada flavivirus yang dibawa nyamuk karena distribusi vektor kutu yang lebih terbatas. Penyakit manusia ditandai oleh penyakit demam yang dapat berkembang menjadi ensefalitis (TBEV, POWV dan KSIV) atau manifestasi perdarahan (KFDV, OHFV dan AHFV) (Schmaljohn dan McClain 1996).

Infeksi virus diawali dengan gigitan nyamuk atau kutu yang terinfeksi. Virus menyebar selama infeksi sel dan menyebabkan viremia. Umumnya infeksi dan serokonversi tidak menandakan adanya penyakit yang jelas, tetapi tingkat kematian kasus bisa tinggi. Virus dipertahankan di alam melalui transmisi dalam siklus nyamuk-vertebrata-nyamuk atau kutu-vertebrata. Pada kasus demam kuning dan demam dengue, manusia adalah inang perantara penting yang menjadi epidemi di daerah perkotaan. Infeksi pada manusia bersifat musiman dan biasanya ditemukan di daerah endemis (Schmaljohn dan McClain 1996).

3) Genus Bunyavirus

Bunyaviridae adalah keluarga virus yang menyerang mamalia dan burung, serta arthropoda. Bunyaviridae memiliki ciri virion yang berbentuk sferis dengan diameter 90-100nm, dan membentuk selubung lipid yang terbuat dari glikoprotein. Virus ini memiliki tiga buah nukleokapsid berbentuk heliks. Genom tersusun dari RNA untai tunggal yang memiliki tiga segmen berukuran besar, sedang, dan kecil (White dan Fenner 1994).

Berdasarkan karakteristik genom, antigen nukleokapsid dan cara transmisi, Bunyaviridae dibagi menjadi beberapa genus, yaitu bunyavirus yang banyak menginfeksi nyamuk, phlebovirus yang menyerang tungau, hantavirus yang menyerang arthropoda dan hewan pengerat, dan nairovirus yang menyebabkan penyakit hemorragik (Maramorosch 1991).



Gambar 13 Komposisi genom dan struktur virion bunyavirus (https://viralzone.expasy.org/251?outline=all_by_species)

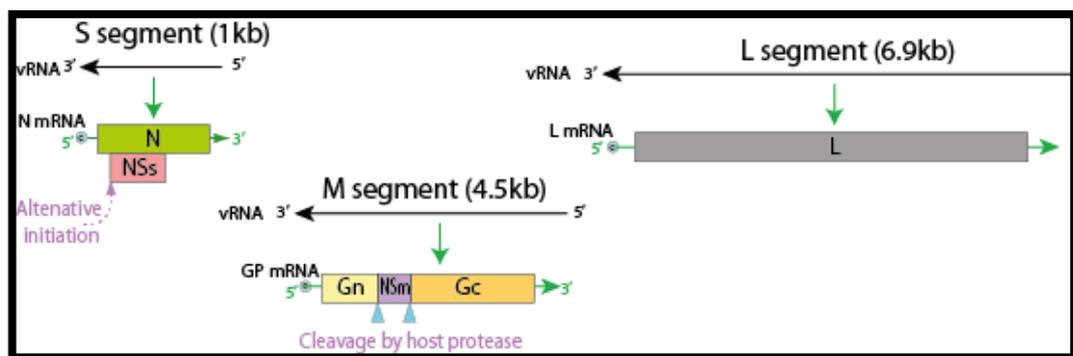
ket: Segmen S mengkode protein nukleokapsid, segmen M mengkode dua glikoprotein: Gn dan Gc, segmen L mengkode protein polimerase.

Sumber:

4) Genus Nairovirus

Patogen pada manusia dalam genus ini adalah virus Crimean Congo Hemorrhagic fever (CCHFV) yang menyebabkan demam berdarah yang endemik di sebagian besar wilayah Afrika, Eropa dan Asia. Penyakit ini berupa demam dengan manifestasi perdarahan seperti epistaksis, ekimosis dan ruam petekie; kasus yang parah sering

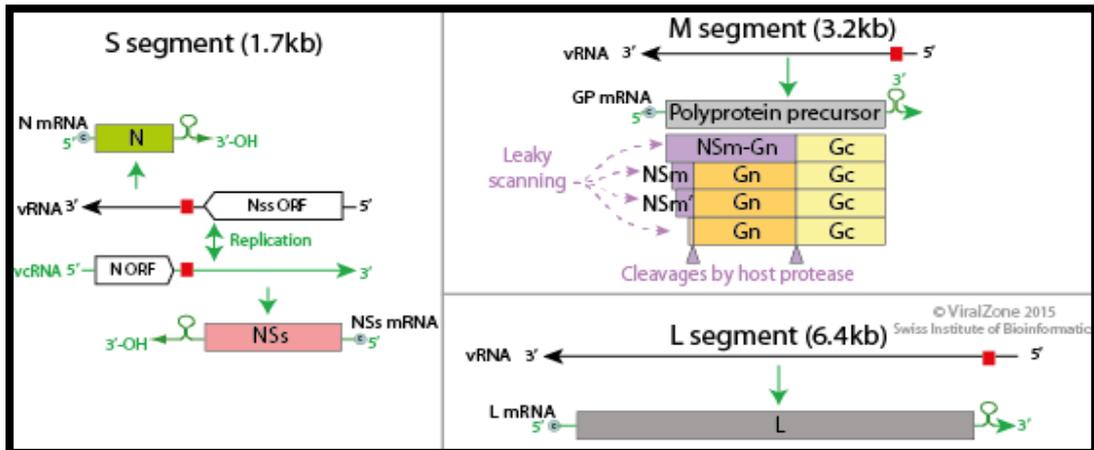
melibatkan manifestasi perdarahan internal seperti perdarahan dari saluran kemih dan gastrointestinal. Vektor CCHFV adalah kutu *Hyalomma spp.*, utamanya *H. marginatum* dan *H. anatolicum* (Ergönül, 2006). Beberapa virus *tick-borne* yang diklasifikasikan dalam genus ini seperti virus Erve, virus Dugbe, virus Ganjam dan virus penyakit Nairobi Sheep (Lasecka dan Baron, 2014).



Gambar 14 Representasi diagram genom nairovirus (https://viralzone.expasy.org/251?outline=all_by_species)

5) Genus Phlebovirus

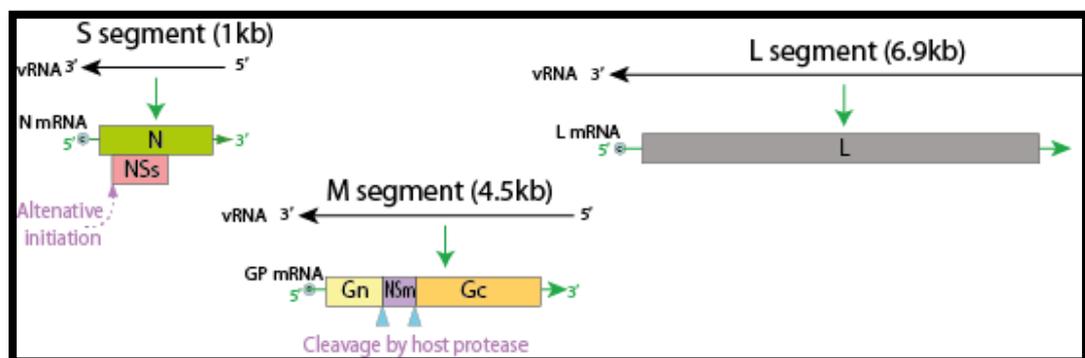
Arbovirus dari genus Phlebovirus yang telah menjadi wabah ialah virus Rift Valley Fever (RVFV), demam parah dengan sindrom trombositopenia (Severe Fever with Thrombocytopaenia (SFTSV)) dan beberapa virus terkait genetik yang dikenal sebagai virus demam pasir (Sandfly Fever virus (SFVs)). Ketiga virus ini ditularkan oleh arthropoda yang berbeda yakni nyamuk, kutu dan lalat pasir.



Gambar 15 Representasi diagram genom phlebovirus (https://viralzone.expasy.org/252?outline=all_by_species)

6) Genus Orthobunyavirus

Genus Orthobunyavirus terdiri dari hampir 200 virus, beberapa di antaranya telah dikaitkan dengan penyakit manusia. Semua orthobunyavirus patogen ditularkan oleh nyamuk dan memiliki berbagai gejala klinis seperti flu (misalnya virus Tahyna), ensefalitis (misalnya virus California encephalitis, virus La Crosse). artralgia (misalnya virus Oropouche) dan penyakit hemoragik (misalnya virus Garissa dan virus Ilesha) (Weidmann *et al.* 2003).



Gambar 16 Representasi diagram genom orthobunyavirus (https://viralzone.expasy.org/250?outline=all_by_species)

2. Malaria

Istilah malaria diperkenalkan oleh Francisco Totti (Italia) yang artinya udara kotor. Malaria adalah suatu penyakit tropis biasa namun apabila diabaikan dapat menjadi masalah serius, seperti malaria jenis *Plasmodium falciparum* penyebab malaria tropika yang sering menyebabkan kematian. Malaria adalah penyakit yang penyebarannya di dunia sangat luas, meliputi lebih dari 100 negara yang beriklim tropis. Penduduk yang berisiko terhadap malaria berjumlah 2,3 miliar atau 41% dari penduduk dunia. Setiap kasus malaria berjumlah 300-500 juta dan mengakibatkan 1,5 sampai dengan 2,7 juta kematian, terutama di Afrika Sub-Sahara. Wilayah di dunia yang kini sudah bebas dari malaria adalah Eropa, Amerika Utara, sebagian besar Timur Tengah, sebagian besar Karibia, sebagian besar Amerika Selatan, Australia dan Cina. WHO mencatat setiap tahun tidak kurang 1 hingga 2 juta penduduk meninggal karena penyakit yang malaria (Ridad 2002).

Di Indonesia, malaria masih menjadi masalah utama kesehatan masyarakat. Rata-rata kasus malaria diperkirakan sebesar 15 juta kasus klinis pertahun. Penduduk yang terancam malaria adalah penduduk yang umumnya tinggal di daerah endemik malaria. Diperkirakan sebesar 85,1 juta dengan tingkat endemisitas dari rendah, sedang, dan tinggi (Fahmi 2005).

3. Filariasis

Filariasis adalah penyakit menular yang disebabkan oleh cacing *Filaria sp.* dan ditularkan oleh nyamuk *Mansonia sp.*, *Anopheles sp.*, *Culex sp.*, dan *Armigeres sp.* Cacing *Filaria sp.* hidup dan menetap di saluran dan kelenjar getah bening yang dapat menimbulkan manifestasi klinik akut berupa demam berulang, peradangan saluran dan saluran kelenjar getah bening. Pada stadium lanjut filariasis dapat menimbulkan manifestasi berupa pembesaran kaki, lengan, payudara dan alat kelamin (Chin 2006).

Gejala klinis filariasis terdiri dari gejala klinis akut dan kronis. Gejala akut berupa limfadenitis, limfangitis, adenolimfangitis yang dapat disertai demam, sakit kepala, rasa lemah serta dapat pula menjadi abses. Abses dapat pecah yang selanjutnya dapat menimbulkan parut, terutama di daerah ketiak dan lipatan paha (DepKes RI 2006).

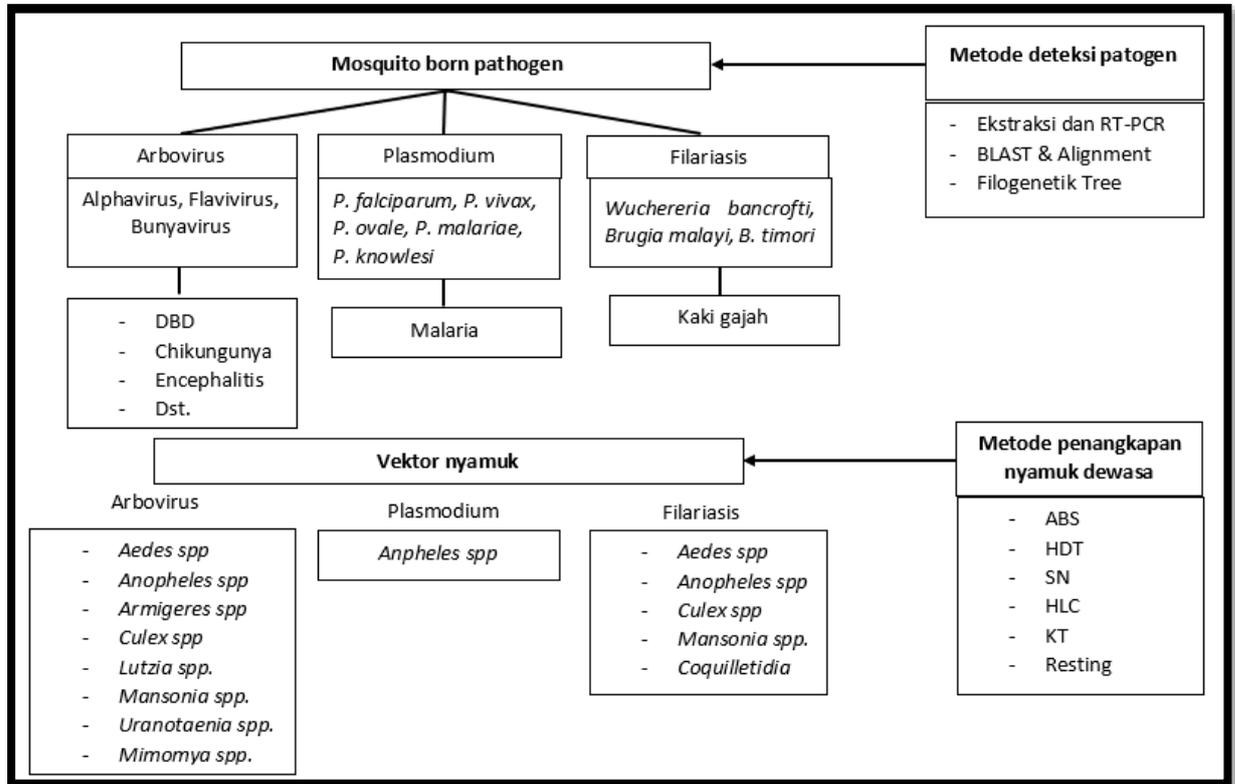
Gejala kronik berupa limfedema, lymph scrotum, kiluri dan hidrokel. Limfedema adalah pembengkakan yang disebabkan oleh gangguan pengaliran getah bening kembali ke dalam darah. Lymph scrotum adalah pelebaran saluran limfe superfisial pada kulit scrotum. Ditemukan juga vesikel dengan ukuran bervariasi pada kulit, yang dapat pecah dan membasahi pakaian. Kiluria adalah kebocoran yang terjadi akibat pecahnya saluran limfe dan pembuluh darah di ginjal (pelvis renalis). Hidrokel adalah pembengkakan yang terjadi pada skrotum karna

terkumpulnya cairan limfe di dalam tunica vaginalis testis (DepKes RI 2006).

Filariasis di Indonesia disebabkan oleh tiga spesies cacing filarial, yaitu: *W. bancrofti*, *B. malayi*, dan *B. timori*. Cacing filarial baik limfatik maupun non limfatik, mempunyai ciri khas yang sama sebagai berikut: dalam reproduksinya cacing filarial tidak mengeluarkan telur tetapi mengeluarkan mikrofilaria (larva cacing), dan ditularkan oleh Arthropoda (nyamuk). Daerah endemis filariasis pada umumnya terdapat di daerah dataran rendah, terutama di pedesaan, pantai, pedalaman, persawahan, rawa-rawa dan hutan (DepKes RI 2006).

2.5 Kerangka Teori

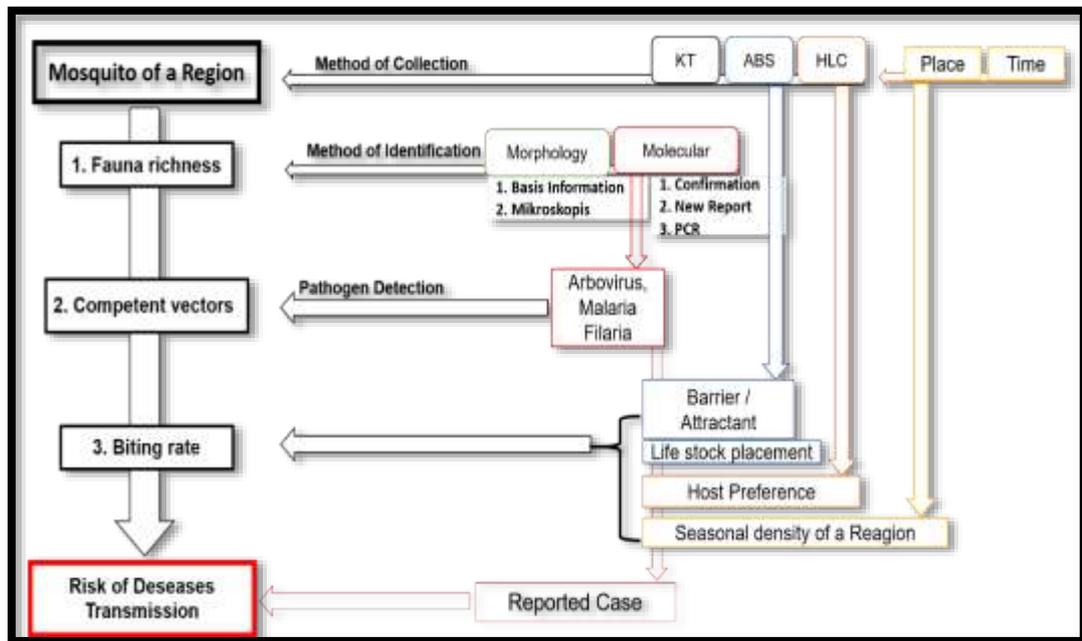
Kerangka teori ditunjukkan pada gambar di bawah ini:



Gambar 17 Kerangka Teori

2.6 Kerangka Konsep

Kerangka konsep ditunjukkan pada gambar di bawah ini:



Gambar 18 Kerangka Konsep