

BAB I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang Penelitian

Burung merpati merupakan salah satu jenis burung domestik yang sudah lama dipelihara dan dibudidayakan di Indonesia. Burung merpati dapat dipelihara sebagai hobi maupun sumber protein hewani. Populasi burung merpati di Indonesia menurut Dinas Peternakan Provinsi Jawa Timur (2018) tercatat sebanyak 2.526.482 ekor, hal ini mencerminkan bahwa salah satu jenis unggas ini digemari oleh masyarakat sehingga dilakukan pembudidayaan. Pembudidayaan burung merpati masih mengalami kendala terutama penyakit, salah satunya penyakit parasitik *Raillietiniasis*. Hal ini dibuktikan dengan tingkat prevalensi pada cacing ini yang masih tinggi. Muqorobin dkk. (2017) melaporkan bahwa infeksi cacing *Raillietina* sp. yang menyerang burung merpati di beberapa peternakan yang ada di Surabaya tingkat prevalensinya mencapai 53%.

Teknik diagnosa cacing *Raillietina* di merpati lebih umum dilakukan dengan pemeriksaan morfologi menggunakan metode bedah saluran cerna atau pemeriksaan terhadap feses (Mijinyawa dan Junaid, 2017). Pemeriksaan ciri morfologi membutuhkan ketelitian tinggi sebab cacing cestoda sendiri mempunyai kemiripan secara makroskopis yang dapat menyulitkan dalam melakukan identifikasi morfologi dan hanya dapat dilakukan oleh peneliti ahli yang kompeten dalam membedakan spesies dari cacing Cestoda, sehingga dibutuhkan pemeriksaan yang lebih akurat menggunakan teknik *Polymerase Chain Reaction* agar tidak terjadi kesalahan dalam mendiagnosa (Panich dan Chontanarith, 2021). Adanya kesalahan dalam mendiagnosa dapat berpengaruh dalam tindakan penanganan

terhadap infeksi cacing (Belete, 2016). Sampai saat ini penelitian identifikasi molekuler terhadap cacing *Raillietina* pada burung merpati belum pernah dilakukan di Indonesia.

Burung merpati merupakan salah satu unggas yang dapat bertindak sebagai inang yang potensial terhadap penyakit parasitik terhadap unggas lain. Infeksi penyakit parasitik dapat menyebabkan beberapa masalah kesehatan pada burung merpati (Aldamigh *et al.*, 2022). Industri perunggasan telah dihadapkan dengan berbagai jenis parasit yang berdampak pada perekonomian (Al-Quraishy *et al.*, 2019). Penyakit parasitik yang sering menyerang burung merpati salah satunya yaitu parasit dari kelas cestoda. Menurut Muqorobin dkk. (2017) parasit kelas cestoda paling penting yang menyerang usus halus burung merpati salah satunya cacing *Raillietina* sp. yang masih kurang diperhatikan oleh peternak.

Angka prevalensi cacing *Raillietina* pada burung merpati yang tinggi menunjukkan eksistensi cacing tersebut dalam dunia industri peternakan burung merpati dan masih belum optimalnya penanganan dan pencegahan kasus penyakit akibat cacing *Raillietina* (Muqobirin dkk., 2017). Raillietiniasis pada burung merpati dengan intensitas infeksi tinggi dapat menyebabkan sindrom kronis yang mempengaruhi tingkat morbiditas dan mortalitas. Penyakit akibat *Raillietina* ditandai adanya kekurusan dan tingkat pertumbuhan yang rendah. Cacing *Raillietina* sp. dapat mengkonsumsi sejumlah nutrisi merpati dan demikian dianggap sebagai cacing yang dapat merusak sistem pencernaan burung merpati karena mengganggu daya serap usus terhadap nutrisi dan vitamin (AlBayati, 2011).

Cacing *Raillietina* memiliki siklus hidup tidak langsung yang ditularkan melalui inang perantara. Penularan cacing *Raillietina* dapat terjadi sangat cepat bila

inang perantara seperti kumbang dan semut berada di sekitar lingkungan burung merpati. Merpati akan terinfeksi cacing setelah memakan semut atau kumbang yang mengandung sistiserkoid. Keberadaan inang perantara yang belum mendapat penanganan akibat ketidaktahuan peternak dapat menimbulkan kerugian ekonomi bagi peternak bila terjadi infeksi (Radfar *et al.*, 2012).

Teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR) telah digunakan untuk membedakan beberapa cacing dari kelas cestoda dengan menggunakan universal primer *nicotinamide adenine dinucleotide dehydrogenase subunit 1* (ND1) yang terletak pada mitokondria (Al-Quraishy *et al.*, 2019). Butboonchoo *et al.* (2016) juga menggunakan teknik PCR untuk mengidentifikasi cacing *Raillietina* sp. menggunakan universal primer *Forward* JB11 dan *Reverse* JB12 untuk mengamplifikasi DNA cacing *Raillietina* pada regio gen ND1. Data molekuler pada regio gen ND1 wilayahnya lebih bervariasi dan lebih informatif. Selain itu, regio gen ND1 juga dapat meningkatkan daya deteksi spesies yang berkerabat dekat.

Penelitian yang dilakukan oleh Butboonchoo *et al.* (2016) menggunakan teknik PCR pada cacing *Raillietina* sp. pada unggas menggunakan primer *Forward* JB11 dan *Reverse* JB12 menghasilkan panjang pita DNA 489 bp untuk cacing *Raillietina* sp., *R. echobotrida*, *R. tetragona*, dan *R. cesticillus*. Pada penelitian tersebut didapatkan panjang pita DNA yang sama untuk empat spesies cacing dari genus *Raillietina*. Berdasarkan hasil sekuensing pada keempat cacing tersebut data sekuen dari regio ND1 dapat digunakan untuk mengkonstruksi pohon filogenetik dan mengetahui hubungan evolusioner cacing *Raillietina* pada unggas.

Kajian mengenai identifikasi molekuler terhadap *Raillietina* sp. belum pernah dilakukan di Indonesia sehingga diperlukan data mengenai keberhasilan

amplifikasi DNA dari cacing *Raillietina* pada burung merpati di Indonesia menggunakan universal primer *Forward* JB11 dan *Reverse* JB12. Karakterisasi keanekaragaman spesies yang hidup menjadi kepentingan ilmiah utama untuk memahami fungsi ekosistem. Secara historis, spesies telah dijelaskan dan dicirikan berdasarkan morfologinya, namun studi morfologi dalam membedakan spesies memiliki batasan tertentu sehingga identifikasi molekuler untuk membedakan spesies menjadikan PCR sebagai teknik diagnosa yang lebih akurat (Kadri, 2019). Pendekatan molekuler merupakan metode yang paling efektif dan akurat untuk mengidentifikasi cacing jenis ini dengan menganalisis panjang pita DNA cacing *Raillietina* sp. yang diamplifikasi menggunakan universal primer *Forward* JB11 dan *Reverse* JB12 (Butboonchoo *et al.*, 2016).

Berdasarkan latar belakang di atas, penelitian ini bertujuan untuk mengetahui hasil identifikasi DNA cacing *Raillietina* sp. yang diamplifikasi menggunakan universal primer *Forward* JB11 dan *Reverse* JB12 yang diisolasi dari usus halus burung merpati di Surabaya, Indonesia.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang di atas maka rumusan masalah yang dapat diajukan: Apakah DNA cacing dewasa *Raillietina* sp. pada regio gen ND1 dapat teramplifikasi menggunakan universal primer *Forward* JB11 dan *Reverse* JB12 ?

1.3 Landasan Teori

Keakuratan diagnosa dalam mengidentifikasi keberadaan *Raillietina* diperlukan guna meningkatkan produktivitas burung merpati. Identifikasi secara molekuler menggunakan *Polymerase Chain Reaction* (PCR) kini merupakan teknik yang umum dan penting dalam proses identifikasi dan diagnosa. *Polymerase Chain*

Reaction (PCR) digunakan untuk mengamplifikasi pita pendek dalam untai DNA. *Polymerase Chain Reaction* hanya dapat menyalin fragmen DNA pendek, mulai dari 10 kb hingga 40 kb (Rahman *et al.*, 2013).

Hasil pemeriksaan molekuler menggunakan teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR) pada cacing *Raillietina* berguna untuk melihat profil pita-pita DNA isolat. Adanya molekuler gen penciri ND1 dalam penelitian molekuler terhadap *Raillietina* dapat menunjukkan informasi kekerabatan antar spesies cacing *Raillietina*. Selain itu, hasil analisis molekuler juga berguna untuk mengidentifikasi penyakit agar tidak terjadi kesalahan diagnosa (Butboonchoo *et al.*, 2016).

Penelitian molekuler pernah dilakukan oleh Butboonchoo *et al.* (2016) pada sampel cacing *Raillietina* sp. yang diisolasi dari unggas di peternakan Thailand. Hasil sekuensing terhadap produk PCR dengan sampel *Raillietina* pada regio gen ND1 menunjukkan hasil positif pada panjang pita DNA 489 bp. Pada penelitian tersebut telah membuktikan bahwa regio gen ND1 dapat membedakan secara dekat spesies *Raillietina* karena wilayahnya lebih bervariasi dan tingkat evolusi yang cepat pada tingkat spesies dan genus.

Proses identifikasi molekuler memanfaatkan prinsip kerja PCR untuk memperoleh banyak salinan DNA dari proses ekstraksi. Matriks DNA dapat berupa DNA genomik dan DNA mitokondria. Amplifikasi didasarkan pada replikasi *template* DNA untai ganda, dibagi menjadi tiga fase yaitu fase denaturasi, fase penempelan dengan primer, dan fase elongasi. Produk dari setiap langkah sintesis berfungsi sebagai *template*. *Polymerase Chain Reaction* dilakukan dengan menggunakan metode *reaction mixture* terdiri dari *template* DNA, Taq polymerase,

primer, dan empat *deoxyribonucleoside triphosphates* (dNTP), dan larutan buffer yang diletakkan dalam tabung, mengalami siklus suhu berulang beberapa puluh kali dalam *termal cycle*.

1.4 Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini adalah mengetahui hasil identifikasi DNA cacing *Raillietina* sp. yang diamplifikasi menggunakan universal primer *Forward* JB11 dan *Reverse* JB12 untuk regio gen ND1.

1.5 Manfaat Hasil Penelitian

Hasil penelitian ini diharapkan dapat memberikan informasi mengenai visualisasi hasil amplifikasi cacing dewasa *Raillietina* sp. pada regio gen ND1 menggunakan universal primer *Forward* JB11 dan *Reverse* JB12 sehingga data pada penelitian ini dapat dijadikan referensi untuk mendiagnosis keberadaan cacing dewasa *Raillietina* sp. pada usus halus burung merpati. Selain itu, penelitian ini diharapkan dapat dijadikan sebagai referensi lebih lanjut bagi peneliti molekuler untuk melakukan konstruksi pohon filogenetik dan hubungan evolusioner cacing dewasa *Raillietina* sp.