

IDENTIFIKASI DAN KARAKTERISASI VARIASI GENETIK VIRUS *AFRICAN SWINE FEVER* YANG BERSIRKULASI DI INDONESIA TAHUN 2021-2023

ATIK RATNAWATI



**PROGRAM STUDI ILMU BIOMEDIS HEWAN
PEMINATAN MIKROBIOLOGI MEDIS
SEKOLAH KEDOKTERAN HEWAN DAN BIOMEDIS
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026**



- 

PERNYATAAN MENGENAI DISERTASI DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa disertasi dengan judul “Identifikasi dan Karakterisasi Variasi Genetik Virus *African Swine Fever* yang Bersirkulasi di Indonesia Tahun 2021-2023” adalah karya saya dengan arahan dari dosen pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apa pun kepada perguruan tinggi mana pun. Sumber informasi yang berasal atau dikutip dari karya yang diterbitkan maupun tidak diterbitkan dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan dicantumkan dalam Daftar Pustaka di bagian akhir disertasi ini.

Dengan ini saya melimpahkan hak cipta dari karya tulis saya kepada Institut Pertanian Bogor.

Bogor, Januari 2026

Atik Ratnawati
B3601202004

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



RINGKASAN

ATIK RATNAWATI. Identifikasi dan Karakterisasi Variasi Genetik Virus *African Swine Fever* yang Bersirkulasi di Indonesia Tahun 2021-2023. Dibimbing oleh I WAYAN TEGUH WIBAWAN, NI LUH PUTU IKA MAYASARI, dan NI LUH PUTU INDI DHARMAYANTI.

African swine fever (ASF) merupakan penyakit hemoragik virus yang menyerang babi domestik dan babi liar. ASF muncul di Indonesia sejak tahun 2019. Beberapa penelitian telah dilakukan untuk menentukan genotipe virus ASF yang beredar di Indonesia. Penelitian sebelumnya menunjukkan bahwa virus ASF penyebab wabah di Indonesia termasuk dalam genotipe II, genotipe yang paling dominan di Indonesia. Namun, studi literatur memberikan informasi terbatas tentang sifat molekuler dan epidemiologi virus ini. Oleh karena itu, penelitian lebih lanjut diperlukan untuk memberikan informasi lebih lanjut tentang karakterisasi *in vitro* dan genetik serta variasi *strain* virus ASF yang bersirkulasi di Indonesia. Penyakit ASF disebabkan oleh virus DNA beruntai ganda berukuran antara 170 sampai dengan 190 kb termasuk ke dalam famili *Asfarviridae* dan genus *Asfivirus*. Penularan virus ASF ke babi domestik yang sehat terjadi melalui kontak langsung dengan hewan yang terinfeksi atau cairan tubuh dan bangkai hewan yang terinfeksi, atau melalui kontak tidak langsung dengan material yang terkontaminasi atau melalui konsumsi produk yang terkontaminasi, termasuk *swill feeding*. Karakteristik genetik yang stabil dari genotipe II memberikan dasar penting untuk pengembangan strategi pengendalian dan pencegahan yang lebih terfokus. Terkait dengan kondisi ini, penelitian ini memiliki tujuan umum untuk mengidentifikasi karakter variasi genetik virus ASF yang bersirkulasi di Indonesia tahun 2021-2023.

Penelitian pertama bertujuan menentukan sirkulasi genotipe II dan variasi genetik dari virus ASF representatif penyebab wabah di Indonesia pada tahun 2021–2023. Hasil qPCR mengonfirmasi DNA virus ASF pada 33 sampel klinis dari organ dan sampel usap yang dikumpulkan dari tiga provinsi berbeda. Analisis filogenetik menunjukkan bahwa kelima sampel virus ASF terpilih dari Kota Berau (Provinsi Kalimantan Timur), Kota Pematang Siantar (Provinsi Sumatera Utara), dan Kota Kupang (Provinsi NTT) tergolong genotipe II berdasarkan gen *B646L* (p72) dan *E183L* (p54). Hasil analisis asam amino gen *E183L* (p54) menunjukkan bahwa dua sampel Indonesia, yaitu IDN/2022/Pig/PSJ dan IDN/2022/Pig/PSB, memiliki variasi genetik berupa insersi lima asam amino (PVTDN). Analisis sekuens IGR antara gen *I73R/I329L*, khususnya pada TRS yang menampilkan motif GGAATATATA, menunjukkan bahwa varian IGR II bersirkulasi di tiga provinsi. Hasil penelitian menunjukkan bahwa *strain* virus ASF yang beredar di Provinsi Kalimantan Timur, Sumatera Utara, dan NTT di Indonesia selama wabah 2021–2023 menunjukkan keragaman genetik yang rendah dan menunjukkan stabilitas genetik di wilayah-wilayah tersebut. Variasi genetik diamati dalam bentuk insersi lima asam amino (PVTDN) berdasarkan gen *E183L* (p54) pada dua sampel Indonesia dari Provinsi Sumatera Utara. Kesamaan genetik antar sampel ASFV di Indonesia pada IGR II antara gen *I73R/I329L* dengan motif GGAATATATA adalah 100% identik di seluruh sampel Indonesia, yang mengonfirmasi stabilitas genetik di wilayah-wilayah tersebut.

Penelitian kedua bertujuan untuk identifikasi karakteristik hasil propagasi virus ASF secara *in vitro* dan respon sel leukosit terhadap inokulasi virus ASF. Propagasi virus ASF dilakukan dengan menginokulasikan sampel lapang asal Sumatra Utara dengan kode IDN/2022/Pig/PSJ ke kultur sel primer leukosit babi yang konfluen (70-80%). Pengamatan morfologi sel dilakukan dengan menggunakan mikroskop cahaya setiap 24, 48, 72, 96, 120, 144, and 164 jam pasca inokulasi (jpi). Sampel lapang dari kultur sel primer leukosit babi dipurifikasi dengan menggunakan metode Percoll. Pelet virus di deteksi virus ASF dengan menggunakan uji qPCR. Hasil penelitian menunjukkan adanya perubahan morfologis pada sel primer leukosit yang terinfeksi, dengan adanya reaksi hemadsorpsi (HAD) yang teramati pada 48 jpi, dibandingkan dengan sel kontrol yang tidak terinfeksi. Pengikatan eritrosit babi ke permukaan sel yang terinfeksi virus ASF, membentuk *rosette-like structure*. Reaksi hemadsorpsi (HAD) dapat diamati setelah 2 kali *blind passage*. Purifikasi virus ASF menggunakan Percoll dapat meningkatkan kemurnian virus yang ditandai dengan nilai Ct yang lebih rendah dibandingkan dengan supernatant hasil kultur sel primer leukosit babi.

Penelitian ketiga bertujuan mendeteksi koinfeksi virus ASF dengan virus CSF atau *Salmonella* pada sampel babi di Indonesia menggunakan metode *multiplex* qPCR. Sebanyak 33 organ dan *swab* sampel klinis yang dikoleksi dari Kota Berau (Provinsi Kalimantan Timur), Kota Pematang Siantar (Provinsi Sumatera Utara), dan Kota Kupang (Provinsi NTT) antara tahun 2021–2023 dideteksi menggunakan *multiplex* qPCR. Hasil *multiplex* qPCR mengonfirmasi positif virus ASF pada 33 sampel berdasarkan gen *B646L* (p72) dan tidak ada virus CSF atau bakteri *Salmonella* yang dideteksi positif. Tidak adanya koinfeksi virus CSF atau bakteri *Salmonella* dalam sampel ini menunjukkan bahwa virus ASF adalah patogen utama yang bertanggung jawab atas kasus klinis yang diuji.

Penelitian keempat bertujuan mengidentifikasi kontaminasi virus ASF pada produk daging babi yang dibawa oleh wisatawan internasional ke Indonesia, dan jalur potensial masuknya ASF ke Indonesia. Koleksi sampel dilakukan pada produk daging babi yang disita di tiga bandara internasional di Indonesia dari tahun 2019 hingga 2020. Deteksi virus ASF menggunakan qPCR TaqMan yang menargetkan gen *B646L* (p72), diikuti dengan sekuen gen *B646L* (p72) dan *E183L* (p54) untuk karakterisasi molekuler. Analisis filogenetik dilakukan untuk membandingkan *strain* virus ASF lokal dengan *strain* global. Di antara 29 sampel yang disita, dua produk daging babi asal China dinyatakan positif virus ASF. Produk-produk ini diidentifikasi sebagai genotipe II, konsisten dengan *strain* dari Afrika, Eropa, dan Asia. Analisis sekuens mengonfirmasi hubungan genetik yang erat antara *strain* Indonesia dengan isolat virus ASF genotipe II global, seperti yang berasal dari China, Vietnam, dan Georgia.

Kata kunci: ASFV, babi, karakterisasi, produk daging babi, sel leukosit babi



SUMMARY

ATIK RATNAWATI. Identification and Characterization of Genetic Variations of *African Swine Fever Virus* Circulating in Indonesia in 2021-2023. Supervised by I WAYAN TEGUH WIBAWAN, NI LUH PUTU IKA MAYASARI, and NI LUH PUTU IKA MAYASARI.

African swine fever (ASF) is a viral hemorrhagic disease that affects domestic and wild pigs. ASF has emerged in Indonesia since 2019. Several studies have been conducted to determine the ASFV genotypes circulating in Indonesia. Previous studies have indicated that the ASF virus causing the outbreak in Indonesia belongs to genotype II, the most dominant genotype. However, these literature studies provide limited information on the molecular and epidemiological properties of this virus. Therefore, further study is needed to provide more information on the in vitro and genetic characterization, as well as the variation of ASFV strains circulating in Indonesia. ASF is caused by a double-stranded DNA virus measuring between 170 and 190 kb, belonging to the *Asfarviridae* family and *Asfivirus* genus. Transmission of ASFV to healthy domestic pigs occurs through direct contact with infected animals or their bodily fluids and carcasses, indirect contact with contaminated materials, or consumption of contaminated products, including swill feeding. The stable genetic characteristics of genotype II provide a crucial foundation for developing more targeted control and prevention strategies. In this situation, this study aimed to identify the genetic variation characteristics of ASFV circulating in Indonesia.

The first study aimed to determine the circulation of genotype II and the genetic variation of representative ASFV responsible for outbreaks in Indonesia between 2021 and 2023. The qPCR results confirmed the presence of ASFV DNA in 33 clinical samples from organs and swabs collected from three provinces. Phylogenetic analysis revealed that the five selected ASFV samples from Berau City (East Kalimantan Province), Pematang Siantar City (North Sumatra Province), and Kupang City (NTT Province) belonged to genotype II, as determined by the *B646L* (p72) and *E183L* (p54) genes, respectively. Amino acid analysis of the *E183L* (p54) gene showed that two Indonesian samples, IDN/2022/Pig/PSJ and IDN/2022/Pig/PSB, had a genetic variation in the form of a five-amino acid insertion (PVTDN). Analysis of the IGR sequence between the *I73R/I329L* genes, especially in the TRS displaying the GGAATATATA motif, showed that the IGR II variant circulated in three provinces. The results showed that the ASFV strains circulating in the provinces of East Kalimantan, North Sumatra, and NTT in Indonesia during the 2021–2023 outbreak exhibited low genetic diversity, indicating their genetic stability in these regions. Genetic variation was observed in the form of a five-amino acid insertion (PVTDN) based on the *E183L* (p54) gene in two Indonesian samples from the North Sumatra Province. The genetic similarity between ASFV samples in Indonesia, as determined by the IGR II region between the *I73R/I329L* gene and the GGAATATATA motif, was 100% identical across all Indonesian samples, confirming genetic stability across the region.

The second study aimed to identify the characteristics of ASFV propagation in vitro and the response of leukocytes to ASFV inoculation. ASFV propagation was performed by inoculating field samples coded IDN/2022/Pig/PSJ from North

Sumatra into confluent (70-80%) primary swine leukocyte cell cultures. Cell morphology was observed using a light microscope at 24, 48, 72, 96, 120, 144, and 164 hours post-inoculation (hpi). Field samples from primary swine leukocyte cell cultures were purified using the Percoll method. Virus pellets were detected for ASFV using quantitative PCR (qPCR). The results showed morphological changes in infected primary leukocyte cells, with a hemadsorption reaction (HAD) observed at 48 hours post-infection (hpi) compared to uninfected control cells. The binding of porcine erythrocytes to the surface of ASFV-infected cells forms rosette-like structures. The hemadsorption (HAD) reaction was observed after two blind passages. Purification of the ASFV using Percoll improved virus purity, as indicated by lower Ct values compared to supernatants from primary porcine leukocyte cell cultures.

The third study aimed to detect ASFV coinfection with CSFV or *Salmonella* in pig samples in Indonesia using a multiplex quantitative PCR (qPCR) method. A total of 33 organ and clinical swab samples collected from Berau City (East Kalimantan Province), Pematang Siantar City (North Sumatra Province), and Kupang City (NTT Province) between 2021 and 2023 were detected by Multiplex qPCR. Multiplex qPCR results confirmed ASFV DNA in 33 positive samples based on the *B646L* (p72) gene, while no CSFV or *Salmonella* bacteria were detected as positive. The absence of co-infection with CSFV or *Salmonella* in these samples indicates that ASFV is the primary pathogen responsible for the clinical cases tested.

The fourth study aimed to identify ASFV contamination in pork products brought into Indonesia by international travelers and to determine potential routes of ASF entry to Indonesia. Pork food products seized at three Indonesian international airports were collected from 2019 to 2020. ASFV detection used TaqMan qPCR targeting the *B646L* (p72) gene, followed by sequencing of the *B646L* (p72) and *E183L* (p54) genes for molecular characterization. Phylogenetic analysis was conducted to compare local ASFV strains with those from around the world. Among the 29 seized samples, two pork products from China tested positive for the ASFV. These products were identified as genotype II, consistent with strains from Africa, Europe, and Asia. Sequence analysis confirmed a close genetic relationship between the Indonesian strain and global genotype II ASFV isolates, such as those from China, Vietnam, and Georgia.

Keywords: ASFV, characterization, pig, porcine leukocyte cells, pork food product



Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

© Hak Cipta milik IPB, tahun 2026¹
Hak Cipta dilindungi Undang-Undang

Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan atau menyebutkan sumbernya. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik, atau tinjauan suatu masalah, dan pengutipan tersebut tidak merugikan kepentingan IPB.

Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apa pun tanpa izin IPB.

**IDENTIFIKASI DAN KARAKTERISASI
VARIASI GENETIK VIRUS *AFRICAN SWINE FEVER*
YANG BERSIRKULASI DI INDONESIA TAHUN 2021-2023**

ATIK RATNAWATI

Disertasi
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Doktor pada
Program Studi Ilmu Biomedis Hewan

**PROGRAM STUDI ILMU BIOMEDIS HEWAN
PEMINATAN MIKROBIOLOGI MEDIS
SEKOLAH KEDOKTERAN HEWAN DAN BIOMEDIS
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026**



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

Penguji Luar Komisi Pembimbing pada Ujian Tertutup Disertasi:

1. Dr. drh. Sri Murtini, M.Si.
2. drh. Harimurti Nuradji, Ph.D.

Penguji Luar Komisi Pembimbing pada Sidang Promosi Terbuka Disertasi:

1. Dr. drh. Sri Murtini, M.Si.
2. drh. Harimurti Nuradji, Ph.D.

Judul Disertasi : Identifikasi dan Karakterisasi Variasi Genetik
Virus *African Swine Fever* yang Bersirkulasi di Indonesia
Tahun 2021-2023
Nama : Atik Ratnawati
NIM : B3601202004

Disetujui oleh

Pembimbing 1:
Prof. Dr. drh. I Wayan Teguh Wibawan, M.S.

Pembimbing 2:
Dr. drh. Ni Luh Putu Ika Mayasari

Pembimbing 3:
Prof. Dr. drh. Ni Luh Putu Indi Dharmayanti,
M.Si.

Handwritten signatures of the three supervisors, with the first signature including the word "tulus" written vertically.

Diketahui oleh

Ketua Program Studi:
Dr. drh. Chaerul Basri, M.Epid
NIP. 19770525 200501 1 002
Dekan Sekolah Kedokteran Hewan dan Biomedis
Prof. drh. Amrozi, Ph.D.
NIP 19700721 199512 1001

Official stamp of the Faculty of Veterinary Medicine, IPB University, Bogor, and handwritten signatures of the Dean and Program Head.

Tanggal Ujian Tertutup: 15 Desember 2025
Tanggal Sidang Promosi: 5 Januari 2026

Tanggal Lulus:



- 

PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah Subhanahu wa Ta'ala atas segala karunia-Nya sehingga karya ilmiah ini berhasil diselesaikan. Tema yang dipilih dalam penelitian yang dilaksanakan sejak bulan Januari 2022 sampai bulan Januari 2024 ini adalah penyakit *African Swine Fever*, dengan judul “Identifikasi dan Karakterisasi Variasi Genetik Virus *African Swine Fever* yang Bersirkulasi di Indonesia Tahun 2021-2023”.

Terima kasih penulis ucapkan kepada komisi pembimbing, Prof. Dr. drh. I Wayan Teguh Wibawan, M.S., Dr. drh. Ni Luh Putu Ika Mayasari, dan Prof. Dr. drh. Ni Luh Putu Indi Dharmayanti, M.Si. atas bimbingan dan dukungannya, sehingga penulis dapat menyelesaikan disertasi ini. Ucapan terima kasih juga disampaikan kepada penguji luar komisi pembimbing Dr. drh. Sri Murtini, M.Si. dan drh. Harimurti Nuradji, Ph.D. serta seluruh dosen dan staf Program Studi IBH.

Penghargaan dan ucapan terima kasih penulis ucapkan kepada para pihak yang telah membantu penulis dalam proses penyusunan dan penyelesaian studi ini, yaitu:

1. Rektor IPB University, Dekan Sekolah Kedokteran Hewan dan Biomedis IPB University, Ketua Program Studi Ilmu Biomedis Hewan (IBH) Program Doktor dan seluruh dosen dan staf Program Studi IBH.
2. Badan Riset dan Inovasi (BRIN) atas ijin belajar tahun 2020 di IPB University.
3. Kepala dan seluruh staf Pusat Riset Veteriner, Organisasi Riset Kesehatan Badan Riset dan Inovasi Nasional, atas segala dukungan dan bantuan kepada penulis.
4. Suami tercinta, Histom Afandi, S.Sos, dan anak-anakku tercinta Davin Kaisan Farras Afandi dan Nadine Alyssa Farzana atas doa yang tak pernah putus.
5. Alm. Bapak, almh. Ibu dan kakak-kakak atas dukungan tak terhingga kepada penulis.
6. drh Indrawati Sendow, M.Sc dan Dr. drh Risza Hartawan, M.Phill, Dr Ikhwan W, Group Suka-Suka, dan Kelti Virologi atas segala kebersamaan, dukungan, bantuannya dan teman dalam suka tanpa duka.
7. Teman-teman Prodi IBH dan pihak-pihak yang tidak dapat disebutkan namanya satu-persatu atas segala jasa-jasanya dalam membantu penulis dalam menyelesaikan studi ini.

Semoga karya ilmiah ini bermanfaat bagi pihak yang membutuhkan dan bagi kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, Januari 2026

Atik Ratnawati



- 

DAFTAR ISI

DAFTAR ISI	xii
DAFTAR TABEL	xiv
DAFTAR GAMBAR	xiv
DAFTAR LAMPIRAN	xiv
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	3
1.3 Tujuan	3
1.4 Manfaat	4
1.5 Kerangka Pemikiran	4
1.6 Ruang Lingkup	4
1.7 Kebaruan (<i>novelty</i>)	5
1.8 Hipotesis	5
II TINJAUAN PUSTAKA	6
2.1 Virus <i>African swine fever</i>	6
2.2 Keragaman Genetik	7
2.3 Patogenesis Infeksi Virus <i>African swine fever</i>	9
2.4 Ketahanan Virus <i>African swine fever</i>	9
2.5 Teknik Diagnostik dan Diferensial Diagnosis	10
III KARAKTERISASI VIRUS <i>AFRICAN SWINE FEVER</i> GENOTIPE II YANG BERSIRKULASI DI TIGA PROVINSI DI INDONESIA 2021-2023	11
3.1 Abstrak	11
3.2 Pendahuluan	11
3.3 Metode	13
3.3.1 Waktu dan Tempat Penelitian	13
3.3.2 Persetujuan Etik Hewan	14
3.3.3 Ekstraksi DNA dan Deteksi Virus ASF Menggunakan qPCR	14
3.3.4 Karakterisasi Molekuler Virus ASF	14
3.4 Hasil dan Pembahasan	15
3.4.1 Deteksi Virus ASF dalam Sampel Klinis	15
3.4.2 Analisis Filogenetik Gen <i>B646L</i> (p72)	17
3.4.3 Analisis Filogenetik Gen <i>E183L</i> (p54)	17
3.4.4 Analisis IGR Gen <i>I73R/I329L</i>	18
3.5 Simpulan	27
IV KARAKTERISASI VIRUS <i>AFRICAN SWINE FEVER</i> SAMPEL LAPANG INDONESIA MENGGUNAKAN KULTUR SEL PRIMER LEUKOSIT BABI	28
4.1 Abstrak	28
4.2 Pendahuluan	28
4.3 Metode	30
4.3.1 Waktu dan Tempat Penelitian	30
4.3.2 Persetujuan Etik Hewan	30
4.3.3 Pemeliharaan Babi Donor	30

4.3.4	Persiapan Sampel untuk Isolasi Virus ASF	30
4.3.5	Pembuatan Kultur Sel Primer Leukosit Babi	30
4.3.6	Propagasi <i>in vitro</i> Virus ASF Menggunakan Kultur Sel Primer Leukosit Babi	31
4.3.7	Uji Infektivitas dengan Hemadsorpsi pada Sel Leukosit Babi	31
4.3.8	Purifikasi Virus ASF	31
4.3.9	Deteksi Virus ASF Menggunakan Uji qPCR Gen <i>B646L</i> (p72)	32
4.4	Hasil dan Pembahasan	32
4.4.1	Kultur Sel Primer Leukosit Babi	32
4.4.2	Propagasi <i>in vitro</i> Virus ASF <i>Strain</i> Indonesia Menggunakan Kultur Sel Primer Leukosit Babi	33
4.4.3	Infektivitas Hemadsorpsi pada Sel Leukosit Babi	36
4.4.4	Purifikasi Virus ASF <i>Strain</i> Indonesia	37
4.4.5	Deteksi Virus ASF Menggunakan Uji qPCR Gen <i>B646L</i> (p72)	38
4.5	Simpulan	39
V	DETEKSI KOINFEKSI VIRUS <i>AFRICAN SWINE FEVER</i> PADA BABI MENGGUNAKAN <i>MULTIPLEX</i> qPCR	40
5.1	Abstrak	40
5.2	Pendahuluan	40
5.3	Metode	42
5.3.1	Waktu dan Tempat Penelitian	42
5.3.2	Persetujuan Etik Hewan	42
5.3.3	Ekstraksi Total Asam Nukleat dan Deteksi Sampel Klinis dengan <i>Multiplex</i> qPCR	42
5.4	Hasil dan Pembahasan	43
5.5	Simpulan	46
VI	IDENTIFIKASI VIRUS <i>AFRICAN SWINE FEVER</i> PADA PRODUK DAGING BABI YANG MASUK KE INDONESIA	47
6.1	Abstrak	47
6.2	Pendahuluan	47
6.3	Metode	49
6.3.1	Waktu dan Tempat Penelitian	49
6.3.2	Persetujuan Etik Hewan	49
6.3.3	Pengumpulan dan Pemrosesan Sampel	49
6.3.4	Deteksi Virus ASF pada Produk Daging Babi Menggunakan qPCR	49
6.3.5	Karakterisasi Molekuler Virus ASF	50
6.4	Hasil dan Pembahasan	50
6.5	Simpulan	55
VII	PEMBAHASAN UMUM	56
VIII	SIMPULAN DAN SARAN	60
8.1	Simpulan	60
8.2	Saran	60
	DAFTAR PUSTAKA	61
	LAMPIRAN	78
	RIWAYAT HIDUP	84

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

DAFTAR TABEL

3.1 Sekuen primer untuk deteksi dan karakterisasi ASFV	15
3.2 Deteksi sampel babi dari 3 provinsi dengan qPCR	16
3.3 Sekuen asam amino gen <i>B646L</i> (p72) antar Indonesia	21
3.4 Sekuen asam amino gen <i>E183L</i> (p54) antar Indonesia	24
3.5 Sekuen asam amino gen <i>E183L</i> (p54) Indonesia-global	25
5.1 Sekuen primer untuk deteksi koinfeksi patogen babi	43
5.2 Deteksi Koinfeksi patogen babi dengan multiplex qPCR	44
6.1 Deteksi qPCR ASFV produk daging babi dari bandara	51

DAFTAR GAMBAR

2.1 Struktur Virus ASF	6
2.2 Struktur Genom Virus ASF	8
3.1 Deteksi sampel babi dari 3 provinsi dengan qPCR	17
3.2 Pohon filogenetik gen <i>B646L</i> (p72) babi	19
3.3 Pohon filogenetik gen <i>E183L</i> (p54) babi	22
3.4 TRS di dalam IGR <i>I73R/I329L</i> babi Indonesia-global	27
4.1 Hasil sentrifugasi dengan tampilan 3 fraksi pemisahan darah babi	32
4.2 Pengamatan Kultur Sel primer leukosit babi	33
4.3 Gambaran kultur sel leukosit babi yang diinokulasi ASFV	34
4.4 Deteksi pengenceran sel leukosit babi dan ASFV dengan qPCR	36
4.5 Gambaran pengenceran kultur sel primer yang diinokulasi ASFV	37
4.6 Deteksi ASFV hasil purifikasi sel leukosit dengan qPCR	39
5.1 Deteksi Koinfeksi patogen babi dengan multiplex qPCR	45
6.1 Deteksi qPCR ASFV produk daging babi dari bandara	50
6.2 Pohon filogenetik gen <i>B646L</i> (p72) produk daging babi	52
6.3 Pohon filogenetik gen <i>E183L</i> (p54) produk daging babi	53

DAFTAR LAMPIRAN

1 Sekuen asam amino gen <i>B646L</i> (p72) antar Indonesia	79
2 Sekuen asam amino gen <i>E183L</i> (p54) antar Indonesia	80
3 Sekuen asam amino gen <i>E183L</i> (p54) Indonesia-global	81
4 TRS di dalam IGR <i>I73R/I329L</i> babi Indonesia-global	82



- 