

KARIOTIPE DAN VARIASI GENETIK POPULASI *Cynopterus brachyotis* (Müller, 1838)

Husni Mubarak
18/435298/SBI/00151

INTISARI

Cynopterus brachyotis (Müller, 1838) adalah kelelawar Famili Pteropodidae yang tersebar luas di Asia Tenggara. Bentuk kromosom spesies ini diduga berbeda, namun belum ada data kariotipe yang lengkap. Selain itu, analisis variasi genetik dan struktur genetik populasi *C. brachyotis* dengan penanda *D-loop*, SSR, dan ISSR di Indonesia belum pernah dilakukan. Ketiga analisis ini penting dilakukan untuk memperkirakan diversitas genetik populasi *C. brachyotis*. Berdasarkan hal tersebut, tujuan penelitian ini yaitu menentukan kariotipe, mendeteksi struktur genetik populasi, dan menganalisis variasi genetik dengan penanda *D-loop* dan SSR-ISSR *C. brachyotis* dari habitat berbeda. Kelelawar ditangkap dengan jaring kabut pada tujuh tipe habitat di pulau Jawa. Metode preparasi kromosom yang digunakan adalah metode pencar dan pewarnaan Giemsa. Pengukuran kromosom dilakukan dengan program *ImageJ Levan Plugin*. Amplifikasi penanda *D-loop* dan SSR-ISSR dilakukan menggunakan metode PCR dengan primer *D-loop* (L15995 dan H16498) dan 10 primer SSR-ISSR. Rekonstruksi pohon filogenetik dianalisis menggunakan *Bayesian Inference* (BI) pada program BEAST 1.10 dan estimasi jarak genetik (K-2P) 33 sekuen *D-loop* dianalisis dengan program MEGA-X. Variasi intrapopulasi dan intraspesies sekuen *D-loop* dianalisis dengan program DnaSP 5.10.01 dan *haplotype network* dianalisis menggunakan NETWORK ver 10.1, serta struktur genetik populasi dianalisis dengan *Principal Coordinat Analysis* (PCoA) pada program PAST 4.09. Sementara itu, estimasi diversitas genetik berdasarkan SSR-ISSR dianalisis menggunakan *Shannon's information index* (I) dan *Nei's expected heterozygosity* (He). Selanjutnya analisis *clustering* menggunakan dendogram UPGMA dan struktur genetik populasi dengan PCoA. Jarak genetik dan diferensiasi populasi masing-masing dianalisis dengan *Nei's unbiased genetic distance* dan *Analysis of Molecular Variance* (AMOVA) menggunakan program GenAlEx ver.6.5. Hasil penelitian menunjukkan adanya variasi kariotipe berupa perbedaan bentuk dan panjang kromosom. Hasil penelitian juga menunjukkan variasi intrapopulasi dan intraspesies yang tinggi berdasarkan penanda *D-loop* (Hd 0,933-1,00) dan SSR-ISSR (173 lokus). Lebih lanjut, Populasi hutan primer memiliki diversitas genetik yang lebih tinggi dibandingkan populasi lainnya. Analisis PCoA menunjukkan kelelawar antar habitat saling *overlap* dan tidak dapat dibedakan berdasarkan tipe habitatnya. Selain itu, struktur genetik populasi *C. brachyotis* diduga dipengaruhi oleh tempat *foraging* yang sama, namun berasal dari tempat *roosting* berbeda. Hasil penelitian ini diharapkan dapat menjadi dasar penelitian genetika populasi kelelawar di Indonesia dan digunakan dasar manajemen lingkungan.

Kata kunci: *Cynopterus brachyotis*, kariotipe, variasi genetik, *D-loop*, SSR-ISSR

KARYOTYPE AND GENETIC VARIATION OF *Cynopterus brachyotis* (Müller, 1838) POPULATION

Husni Mubarok
18/435298/SBI/00151

ABSTRACT

Cynopterus brachyotis (Müller, 1838) belongs to the Pteropodidae family which is widely distributed in Southeast Asia. The karyotypes of this species are suspected to be different. Genetic variation and population structure analysis of *C. brachyotis* using *D-loop* and SSR-ISSR markers in Indonesia have not been conducted. Those analyses are important for estimating the genetic diversity of the *C. brachyotis* population. Thus, this study aimed to determine the karyotype, analyze population structure and genetic variation using *D-loop* and SSR-ISSR markers of *C. brachyotis* in different habitats. Bats were trapped using mist nets in seven different habitat types on Java island. Chromosome preparation using the splash method and Giemsa staining. Chromosomal morphometry was performed using the ImageJ Levan Plugin software. Amplification of *D-loop* and SSR-ISSR was done using the PCR method with two *D-loop* primers (L15995 and H16498) and 10 SSR-ISSR primers. Reconstruction of the phylogenetic tree was also done using the Bayesian Inference (BI) tree performed in BEAST 1.10 and genetic distance estimation (K-2P) of 33 *D-loop* sequences was analyzed using the MEGA-X. Intra-population and intra-species variations of *D-loop* sequences were then analyzed using the DnaSP 5.10.01, the haplotype network analysis using NETWORK ver 10.1, and also the population structure was then analyzed using Principal Coordinate Analysis (PCoA) in the PAST 4.09 software. Meanwhile, estimation of genetic diversity was performed according to Shannon's information index (I) and Nei's expected heterozygosity (He). Moreover, clustering analysis using the UPGMA dendrogram and population structure using PCoA. Genetic distance and population differentiation were analyzed based on Nei's unbiased genetic distance and Analysis of Molecular Variance (AMOVA) using the GenAlEx ver.6.5, respectively. The results showed *C. brachyotis* on Java island have karyotype variations. Intra-population and intra-species variation analysis showed high genetic variation based on *D-loop* (Hd 0,933-1,00) and SSR-ISSR (173 loci) markers. Moreover, primary forest populations have higher genetic diversity than other populations. The PCoA analysis showed samples among different habitats were overlapping and they can not be distinguished based on habitat types. Besides, the population structure of *C. brachyotis* is suspected to be caused by samples that have the same foraging sites but different roosting sites. These research results are expected to be the basis for genetic population research of bats in Indonesia and also used for environmental management.

Keywords: *Cynopterus brachyotis*, karyotype, genetic variation, *D-loop*, SSR-ISSR