

INTISARI

IDENTIFIKASI KELELAWAR BERDASARKAN GEN COI DAN ANALISIS METAGENOMIK BAKTERI POTENSIAL ZOONOTIK DI PROVINSI LAMPUNG DAN BENGKULU

Ari Indrawati

21/490/367/PKH/00792

Kelelawar merupakan salah satu spesies mamalia paling beragam dan tersebar di seluruh dunia. Kelelawar memiliki hubungan dekat dengan manusia sebagai reservoir virus, bakteri, jamur dan parasit. Selama beberapa dekade terakhir penelitian tentang kelelawar pembawa virus patogen yang memiliki potensi ancaman bagi kesehatan manusia sudah banyak dilaporkan. Peran kelelawar sebagai pembawa bakteri patogen belum banyak dieksplorasi. Tujuan penelitian ini untuk mengidentifikasi spesies kelelawar dan bakteri patogen bersifat zoonosis dari sampel darah dan swab orofaring. Kelelawar yang dianalisis berjumlah tiga dari Lampung dan dua dari Bengkulu. Identifikasi spesies kelelawar dilakukan dengan amplifikasi gen *cytochrome c oxidase subunit 1* (COI) *complete gen mtDNA*, dilanjutkan *sequencing* DNA dan dianalisis filogenetik untuk mengetahui hubungan kekerabatan antar spesies kelelawar. Identifikasi *microbiome* dan bakteri patogen yang berpotensi zoonotik dilakukan dengan pengurutan metagenom berbasis ampikon yang menargetkan gen 16S rRNA *full length* region (VI-V9), dilanjutkan dengan *sequencing* menggunakan teknologi nanopore long-read GridION (ONT). Hasil identifikasi kelelawar secara genetik menggunakan gen COI didapati spesies *Cynopterus titthaechilus*, *Rousettus leschenaultii* dan *Cynopterus brachyotis*. Kelelawar *C. titthaechilus* memiliki jarak genetik dengan *C. titthaechilus* Indonesia sebesar 0,9%, *R. Leschenaultii* memiliki jarak genetik dengan *R. leschenaultii* dari Afrika dan Cina sebesar 0.4%, dan *C. brachyotis* memiliki jarak genetik dengan *C. brachyotis* Malaysia sebesar 0,9%. Analisis *microbiome* pada kelelawar dari Lampung dan Bengkulu, menunjukkan kelimpahan tertinggi didominasi oleh filum Pseudomonadota dan tingkat genus didominasi oleh bakteri komensal serta bersifat oportunistik yaitu *Streptococcus*, *Haemophilus*, *Actinobacillus*, *Aggregatibacter*, *Mannheimia*, *Gemella*, *Neisseria* dan *Mycoplasma*. Spesies bakteri zoonosis yang ditemukan pada sampel kelelawar *C. titthaechilus*, *R. leschenaultii* dan *C. brachyotis* adalah *Neisseria weaveri*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pasteurella multocida*, *Streptococcus suis*, *Streptococcus canis*, *Streptococcus equi*, *Streptococcus pyogenes*, *Pseudomonas aeruginosa* dan *Campylobacter jejuni*.

Kata Kunci: Agen Zoonotik, *cytochrome c oxidase subunit 1*, Kelelawar, *Microbiome*, 16S rRNA.

ABSTRACT

IDENTIFICATION OF BATS BASED ON COI GENES AND METAGENOMIC ANALYSIS OF POTENTIAL ZOONOTIC BACTERIA IN LAMPUNG AND BENGKULU PROVINCES

Ari Indrawati

21/490/367/PKH/00792

Bats are one of the most diverse mammal species and are distributed throughout the world. Bats are closely related to humans as reservoirs of viruses, bacteria, fungi and parasites. Over the last few decades research on bats carrying pathogenic viruses that have a potential threatening human health has been widely reported. Bats role as pathogenic bacteria carriers has not been widely explored. This study aims to identify bat species and zoonotic pathogenic bacteria from blood samples and oropharyngeal swabs. There were three bats analyzed from Lampung and two from Bengkulu. The bat species were identified by amplifying the cytochrome c oxidase subunit 1 (COI) complete mtDNA gene, followed by DNA sequencing and phylogenetic analysis to determine the relationship between bat species. The microbiome and potentially zoonotic bacteria were identified by amplicon-based metagenome sequencing targeting the 16S rRNA gene full length region (VI-V9), followed by sequencing using GridION (ONT) long-read nanopore technology. The results of genetic identification of bats using the COI gene found the species *Cynopterus titthaechilus*, *Rousettus leschenaultii* and *Cynopterus brachyotis*. The bat *C. titthaechilus* has a genetic distance from *C. titthaechilus* Indonesia of 0.9%, *R. leschenaultii* has a genetic distance from *R. leschenaultii* from Africa and China of 0.4%, and *C. brachyotis* has a genetic distance from *C. brachyotis* Malaysia of 0.9%. Microbiome analysis in bats from Lampung and Bengkulu showed that the highest abundance was dominated by the phylum Pseudomonadota and the genus level was dominated by commensal and opportunistic bacteria, including *Streptococcus*, *Haemophilus*, *Actinobacillus*, *Aggregatibacter*, *Mannheimia*, *Gemella*, *Neisseria* and *Mycoplasma*. Zoonotic bacterial species found in the bat sample *C. titthaechilus*, *R. Leschenaultii* and *C. Brachyotis* are *Neisseria weaveri*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pasteurella multocida*, *Streptococcus suis*, *Streptococcus canis*, *Streptococcus equi*, *Streptococcus pyogenes*, *Pseudomonas aeruginosa* and *Campylobacter jejuni*.

Keywords: Zoonotic Agents, *cytochrome c oxidase subunit 1*, Bat, Microbiome, 16S rRNA.