

RINGKASAN

Kelelawar merupakan anggota kelompok Mammalia yang memiliki tingkat keanekaragaman yang tinggi baik di Indonesia maupun di dunia. Oleh Karena itu, perlu metode identifikasi yang akurat agar penentuan status taksonomi kelelawar dapat dilakukan dengan tepat dan valid. Proses identifikasi kelelawar menggunakan pendekatan karakter morfologi kerap kali terkendala dalam pelaksanaannya khususnya pada tingkatan spesies dikarenakan adanya tumpang tindih/*overlap* pada karakter eksternal kelelawar. Tumpang tindih karakter eksternal di antara spesies kelelawar merupakan tantangan umum dalam identifikasi lapangan, sehingga diperlukan proses identifikasi menggunakan metode molekuler untuk penentuan spesies yang akurat. Saat ini, telah ditemukan alat bantu yang dapat mengidentifikasi fauna dengan validitas tinggi yang disebut DNA *barcode*. Pada hewan termasuk Mammalia, gen *Cytochrome C Oxidase subunit I* (COI) merupakan gen yang digunakan untuk metode identifikasi DNA *barcoding*. Tujuan dari penelitian ini adalah validasi status spesies dari spesimen *Dobsonia* sp. yang berasal dari Pulau Gebe dan mengetahui status konservasinya

Penelitian dilakukan dengan metode analisis molekuler yaitu pengolahan data molekuler dari sampel darah dengan analisis di laboratorium yang bertujuan untuk memperoleh informasi terkait kelelawar Genus *Dobsonia* yang berasal dari Pulau Gebe. Tahapan penelitian diawali dengan pendataan sampel materi DNA, isolasi DNA genomik, amplifikasi sampel dengan primer COI universal dan visualisasi hasil amplifikasi menggunakan teknik elektroforesis gel agarosa serta sekuensing produk hasil amplifikasi. Data sekuen yang diperoleh disunting, dan selanjutnya disejajarkan (*aligned*) menggunakan program MEGA 11.0 dan dianalisis melalui model parameter Kimura-2. Jarak genetik dihitung menggunakan metode *pairwise distance calculation* dengan yang terdapat pada program MEGA 11.0. Konstruksi pohon filogeni menggunakan metode *Neighbor Joining* (NJ) dengan model substitusi Kimura-2 Parameter dan *bootstrap* sebanyak 1.000x menggunakan program MEGA 11.0.

Dari hasil penelitian ditemukan variasi intraspesifik pada dua belas individu *Dobsonia beauforti* dengan panjang sekuen gen COI 651 bp. Telah ditemukan situs konservatif pada tingkat individu sebanyak 590 bp, situs variabel 61 bp, situs parsimony 5 bp dan situs singleton sebanyak 56 bp. Pasangan Adenin dan Timin (AT) dari seluruh spesimen dihitung secara rata-rata sebesar 54,3%, sedangkan pasangan basa Guanin dan Sitosin (GC) adalah 45,7%. Jarak genetik intraspesifik *D. beauforti* berkisar dari 0% hingga 7,8% dengan nilai rata-rata 1,67% sedangkan jarak genetik interspesifik Genus *Dobsonia* didapatkan nilai dengan kisaran 7,6% hingga 21% dengan nilai rata-rata 13,5%. Penelitian ini menemukan bahwasanya keseluruhan sampel yang ditemukan di Pulau Gebe termasuk ke dalam spesies *Dobsonia beauforti* dengan variasi genetik yang cukup tinggi. Perlu dilakukan identifikasi molekuler dengan pendekatan molekuler lainnya seperti penggunaan gen berbeda untuk menambah basisdata *Dobsonia* yang saat ini belum tersedia.

Kata kunci: DNA Barcoding, *Dobsonia*, kelelawar, morfologi, sitokrom c oksidase

SUMMARY

Bats are members of the Mammalia group that have a high level of diversity both in Indonesia and in the world. Therefore, an accurate identification method is needed to determine their taxonomic status precisely and validly. The process of identifying bats using morphological character approaches is often constrained in its implementation, especially at the species level due to overlap in the external characters of bats. Overlapping external characters among bat species is a common challenge in field identification, so an identification process using molecular methods is needed for accurate species determination. Currently, there is a tool for faunal identification with high validity called DNA barcoding. In animals including Mammalia, the *Cytochrome C Oxidase subunit I* (COI) gene is commonly used for DNA barcoding identification methods. The purpose of this study is to validate the taxonomic identification of *Dobsonia* sp. specimens from Gebe Island and determine its conservation status.

The research was conducted using molecular analysis method, namely molecular data processing from blood samples with analysis in the laboratory which aims to obtain information related to the Genus *Dobsonia* bats from Gebe Island. The research stages began with data collection of DNA material samples, genomic DNA isolation, sample amplification with universal COI primers and visualization of amplification results using agarose gel electrophoresis techniques and sequencing of amplification products. Sequence data were then edited, and aligned using the MEGA 11.0 program and analyzed through the Kimura-2 parameter model. Genetic distance was calculated using the pairwise distance calculation method with the MEGA 11.0 program. Phylogenetic Tree construction using Neighbor Joining (NJ) method with Kimura-2 Parameter substitution model and bootstrap of 1,000x using MEGA 11.0 program.

The results of the study found intraspecific variation in twelve individuals of *Dobsonia beauforti* with a COI gene sequence length of 651 bp. Conservative sites have been found at the individual level as much as 590 bp, 61 bp variable sites, 5 bp parsimony sites and 56 bp singleton sites. Adenine and Thymine (AT) base pairs of all specimens were calculated on average at 54.3%, while Guanine and Cytosine (GC) base pairs were 45.7%. *D. beauforti* intraspecific genetic distance ranged from 0% to 7.8% with an average value of 1.67%. In the interspecific genetic distance of the Genus *Dobsonia*, the value is obtained in the range of 7.6% to 21% with an average value of 13.5%. This study found that all samples found on Gebe Island belong to the *Dobsonia beauforti* species with high genetic variation. It is necessary to do molecular identification with other molecular approaches such as the use of different genes to add to the *Dobsonia* database which is currently not available.

Keywords : Bats, Cytochrome C Oxidase I, DNA Barcode, *Dobsonia*, morphology