

Deteksi Virus Influenza Tipe-A pada Spesies Kelelawar Pemakan Buah *Rousettus amplexicaudatus* di Kabupaten Cianjur, Jawa Barat

(DETECTION OF TYPE=A INFLUENZA VIRUS IN FRUGIVOROUS BATS ROUSETTUS
AMPLEXICAUDATUS IN CIANJUR REGENCY, WEST JAVA)

Diana Nurjanah, Ni Luh Putu Indi Dharmayanti

Balai Besar Penelitian Veteriner
Jln. RE. Martadinata No 30 Kota Bogor,
Jawa Barat, Indonesia 16114
Telpon +62251-8334456;
Email: niluhputuindi@gmail.com;
diananurjanah@gmail.com

ABSTRACT

Bats are the natural reservoir and host for most human and animal viruses. There are more than 1,200 species of bats that have been identified, 20% or 239 species of which are spread across Indonesia. The high diversity in bats with the presence of various cell types and receptors has the potential to cause bats to become a source of transmission for various types of viruses, especially type-A influenza virus. Early detection of type-A influenza virus in bats is necessary considering the global distribution, species diversity and high population density of bats in Indonesia. and potential spread to other species. In this study, a total of 101 bat rectal swabs were collected from Cianjur Regency, West Java. Identification of bat species was carried out based on morphological and morphometric characteristics. From the identification results, four bat species were obtained, namely *Rousettus amplexicaudatus*, *Rhinolophus sp.*, *Hipposideros sp.* and *Miniopterus sp.* Influenza virus type-A was detected by reverse transcriptase-polymerase chain reaction (RT-PCR) based on the matrix gene. Of the 56 *R. amplexicaudatus* swabs rectal samples, 21 (37.5%) were positive for the matrix gene of influenza virus type-A. Of the 21 positive samples of type-A influenza, all of these samples were negative for the H5N1 influenza A virus subtyping test. Early detection of this virus is expected to minimize its destructive impact on global health by implementing control measures.

Key words: bat; type-A influenza; *Rousettus amplexicaudatus*; RT-PCR

ABSTRAK

Kelelawar adalah reservoir dan inang alami bagi sebagian besar virus manusia serta hewan. Terdapat lebih dari 1.200 spesies kelelawar yang berhasil diidentifikasi, 20% atau 239 spesies di antaranya tersebar di Indonesia. Keragaman yang tinggi pada kelelawar dengan terdapatnya berbagai macam tipe sel dan reseptor berpotensi menyebabkan kelelawar menjadi sumber penularan berbagai jenis virus khususnya virus influenza A. Deteksi dini virus influenza A pada kelelawar perlu dilakukan mengingat distribusi global, keanekaragaman spesies dan kepadatan populasi kelelawar yang tinggi di Indonesia serta potensi penyebaran ke spesies lainnya. Dalam penelitian ini, 101 ulas/swab rektum kelelawar dikoleksi di Kabupaten Cianjur. Identifikasi spesies kelelawar dilakukan melalui ciri morfologis dan morfometris. Dari hasil identifikasi diperoleh empat spesies kelelawar yaitu *Rousettus amplexicaudatus*, *Rhinolophus sp.*, *Hipposideros sp.* dan *Miniopterus sp.* Deteksi virus Influenza A dilakukan dengan *reverse transcriptase-polymerase chain reaction* (RT-PCR) berdasarkan gen matriks. Dari 56 sampel ulas/swab rektum *R. amplexicaudatus*, 21 (37,5%) di antaranya positif terhadap gen matriks virus influenza A. Dari 21 sampel positif influenza A, keseluruhan sampel tersebut negatif terhadap uji subtyping virus influenza A H5N1. Deteksi dini dari virus ini diharapkan dapat meminimalkan dampak destruktif pada kesehatan global dengan menerapkan langkah-langkah pengendalian.

Kata-kata kunci: kelelawar; influenza, *Rousettus amplexicaudatus*; RT-PCR.

PENDAHULUAN

Kelelawar merupakan reservoir dan inang alami dari sebagian besar virus manusia dan hewan, seperti *Measles*, *Mumps*, *Parainfluenza*, *Canine Distemper*, virus hepatitis C, Ebola, Nipah, Hendra, MERS-CoV dan SARS-CoV (Han *et al.*, 2015; Memish *et al.*, 2014; Song *et al.*, 2005). Terdapat lebih dari 1.200 spesies kelelawar yang berhasil diidentifikasi, 20% atau 239 spesies di antaranya hidup tersebar di Indonesia. Indonesia dilaporkan memiliki 81 spesies kelelawar yang termasuk dalam subordo Megachiroptera (*fruit nectar-eating bats*) dan 158 spesies untuk subordo Microchiroptera (*non-fruit nectar eating bats*). Sebanyak 10 famili kelelawar dilaporkan di Indonesia, antara lain *Pteropodidae* yang termasuk subordo *Megachiroptera*, serta *Rhinopomatidae*, *Emballonuridae*, *Nycteridae*, *Megadermatidae*, *Rhinolophidae*, *Hiposideridae*, *Vespertilionidae*, *Miniopteridae*, dan *Molossidae*, yang termasuk subordo *Microchiroptera*. Sebagai negara kepulauan, Indonesia menjadi negara dengan jumlah kelelawar pemakan buah dan nektar terbanyak di dunia. Kelelawar pemakan nektar buah sangat penting untuk proses penyerbukan, pemupukan dan penyebaran benih tanaman (Agustinus, 2001; Maryanto *et al.*, 2019). Keragaman yang tinggi pada kelelawar dengan berbagai macam tipe sel dan reseptor berpotensi menyebabkan kelelawar menjadi sumber penularan berbagai jenis virus.

Penyakit flu burung atau *avian influenza* (AI) merupakan penyakit zoonosis yang disebabkan oleh kelompok virus influenza tipe-A dari famili *Orthomyxoviridae* (Palese dan Shaw, 2007). Influenza tipe-A selanjutnya diklasifikasikan menjadi beberapa subtipe berdasarkan pada antigenisitas dua glikoprotein permukaan yaitu hemagglutinin (H/HA) dan neuraminidase (N/NA) (Damayanti *et al.*, 2004). Sampai saat ini, virus influenza tipe-A telah diidentifikasi menjadi 18 subtipe HA (H1-H18) dan 11 subtipe NA (N1-N11). Dua subtipe terbaru yaitu H17N10 dan H18N11. Namun demikian, sejauh ini subtipe terbaru hanya ditemukan pada spesies kelelawar pemakan buah (Tong *et al.*, 2013).

Reservoir virus influenza tipe-A pada hewan telah memicu munculnya elemen genetik baru yang mengarah pada munculnya pandemi global pada manusia. Sebagian besar virus influenza tipe-A bersirkulasi di antara unggas air, tetapi virus yang menginfeksi inang mamalia

berisiko tinggi dalam transmisi penyakit zoonosis ke manusia. (Mehle, 2014; Tong *et al.*, 2012). Studi terkait dengan deteksi virus influenza tipe-A pada kelelawar menimbulkan banyak pertanyaan termasuk peran kelelawar dalam evolusi virus influenza tipe-A di antara inang (Kuchipudi & Nissly, 2018). Deteksi dini virus influenza tipe-A pada kelelawar perlu dilakukan mengingat distribusi global, keanekaragaman spesies dan kepadatan populasi kelelawar yang tinggi di Indonesia serta potensi penyebaran virus antar spesies. Dalam tulisan ini dilakukan deteksi molekuler virus influenza tipe-A pada kelelawar untuk memahami ekologi dan distribusi virus influenza tipe-A pada kelelawar di Indonesia.

METODE PENELITIAN

Pengambilan Sampel Kelelawar

Penelitian ini telah disetujui oleh Komisi Kesejahteraan Hewan Coba Balitbangtan (KKHB) dengan nomor registrasi Balitbangtan/BB litvet/M/01/2021. Pengambilan sampel penelitian dilakukan di pengepul/pedagang kelelawar untuk konsumsi di suatu rumah makan di Kabupaten Cianjur, Jawa Barat pada tahun 2021. Usap atau *swab* rektum dari 101 kelelawar disimpan dalam medium transport (Dulbecco's Modified Eagle Medium, GIBCO; Thermo Fisher Scientific, USA) dan disimpan dalam kondisi dingin dalam lemari es portabel (-20°C) selama perjalanan dari Cianjur ke Laboratorium Balai Besar Penelitian Veteriner, Bogor, Indonesia.

Identifikasi Spesies Kelelawar

Identifikasi spesies kelelawar dilakukan dengan melakukan dokumentasi gambar serta metode morfometrik berdasarkan beberapa indikator seperti panjang lengan bawah sayap, panjang betis/tibia, panjang kaki belakang, panjang dan bentuk telinga, panjang badan, warna tubuh, ada tidaknya cakar pada jari sayap kedua, panjang ekor, bobot badan, bentuk moncong, bentuk hidung, dan lidah serta warna tepi telinga (Agustinus, 2001).

Identifikasi Virus Influenza Tipe-A dan Subtipe H5N1

Identifikasi virus Influenza tipe-A pada sampel lapang dilakukan dengan uji *reverse transcriptase polymerase chain reaction* (RT-PCR). Tahapan awal adalah isolasi materi genetik virus dengan menggunakan kit (QIAamp® Viral

Mini Kit (Qiagen)) sesuai dengan prosedur penyedia kit. Tahapan selanjutnya adalah amplifikasi gen target dengan RT-PCR pada *thermal cycler* AB9700 menggunakan kit *SuperScript® III one step RT-PCR system with Platinum® Taq DNA polymerase* (Invitrogen). Semua sampel lapang diuji RT-PCR untuk identifikasi Influenza tipe-A dengan target gen matriks. Sekuen set primer gen matriks adalah M52C (5'-CTTCTAACC GAGGTCGAAACG-3') dan M253R (5'-AGG GCA TTT TGG ACA AAG/T CGT CTA-3') dengan amplicon sebesar 244 bp (Dharmayanti *et al.*, 2020; Fouchier *et al.*, 2000). Amplicon diseparasi dengan agarose gel elektroforesis 2% dengan tegangan 100 v selama 30 menit dan kemudian divisualisasi dengan ultraviolet (UV) transluminator. Selanjutnya, sampel yang positif terhadap Influenza tipe-A dianalisis untuk identifikasi subtype H5 dengan tiga jenis set primer yang berbeda untuk mengantisipasi mutasi virus yang sering kali menyebabkan kesalahan diagnosis penyakit di lapangan. Set primer tersebut adalah H5-nlp86F (5'-CAGAGCAGGT TGACACAATC-3') dan H5-nlp463R (5'-CCAGGTATGGACATGCTGAG-3') dengan amplicon 377 bp; H5-id252F (5'-CGAATTCACCAATGTGCCAG-3') bp dan H5-id889R (5'-GAGTCTGACAC CTGGTGTG-3') dengan amplicon 637 bp (Dharmayanti *et al.*, 2016; Lee *et al.*, 2001). Kode universal untuk kombinasi basa nukleotida berdasarkan IUPAC, yaitu R=A/G, Y=C/T, K=G/T. Selanjutnya identifikasi subtype N1 dilakukan dengan primer sesuai dengan (Wright *et al.*, 1995).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Sebanyak 101 sample usap atau *swab* rektum kelelawar telah berhasil dikoleksi dari pengepul/pedagang kelelawar di Kabupaten Cianjur. Identifikasi spesies kelelawar pada penelitian ini berdasarkan ciri-ciri morfologi yang dilaporkan oleh Agustinus (2001). Dalam penelitian ini, terdapat empat spesies kelelawar yang dapat diidentifikasi berdasarkan ciri-ciri morfologinya yaitu *Rousettus amplexicaudatus* yang termasuk dalam subordo *Megachiroptera*, serta *Rhinolophus sp.*, *Hipposideros sp.*, dan *Miniopterus sp.*, yang termasuk dalam subordo *Microchiroptera* dengan ciri-ciri yang disajikan pada Tabel 1.

Subordo *Megachiroptera* terdiri atas berbagai jenis dan spesies kelelawar

pemakan buah dan nektar, sedangkan Subordo *Microchiroptera* terdiri atas jenis dan spesies kelelawar pemakan serangga (Baker dan Schountz, 2018). *Megachiroptera* (*megabats*) hanya memiliki satu famili, *Pteropodidae*, dan tidak memiliki *laryngeal echolocation* sehingga kelelawar ini lebih mengandalkan indera penciuman atau penglihatan untuk mencari pakan. Di sisi yang lain, subordo *Microchiroptera* (*microbats*) memiliki kemampuan untuk menghasilkan *ultrasound* melalui larings dan anggota subordo ini mengandalkan ekolokasi dibandingkan dengan mata nokturnal untuk menjelajahi lingkungan mereka (Wang *et al.*, 2004).

Namun demikian, analisis filogenetik yang lebih baru berdasarkan data molekuler telah menghasilkan klasifikasi ulang kelelawar ke dalam subordo *Yinpterochiroptera* dan *Yangochiroptera*. Subordo *Yinpterochiroptera* termasuk famili *Pteropodidae nonecholocating* dan famili *Rhinolophoidea echolocating*, sedangkan subordo *Yangochiroptera* terdiri atas *echolocating microbats* (Teeling *et al.*, 2016). Indonesia yang merupakan negara kepulauan memiliki lebih dari 200 spesies kelelawar (20% jenis kelelawar di dunia) dan menjadi negara dengan jumlah jenis kelelawar pemakan buah terbanyak di dunia

Kelelawar berperan penting dan menjadi bagian dari ekosistem global. Kelelawar terlibat dalam penyebaran benih dan aktivitas penyerbukan berbagai tanaman (Calisher, 2015). Selain sifat yang menguntungkan dari kelelawar, hewan ini juga dikenal sebagai reservoir dari berbagai penyakit zoonosis seperti *Measles*, *Mumps*, *Parainfluenza*, *Canine Distemper*, virus hepatitis C, Ebola, Nipah, Hendra, MERS-CoV dan SARS-CoV (Han *et al.*, 2015; Memish *et al.*, 2014; Song *et al.*, 2005). Kebiasaan kelelawar berkumpul di sarang secara berkoloni menjadi faktor pendukung penyebaran agen mikroba antar spesies kelelawar.

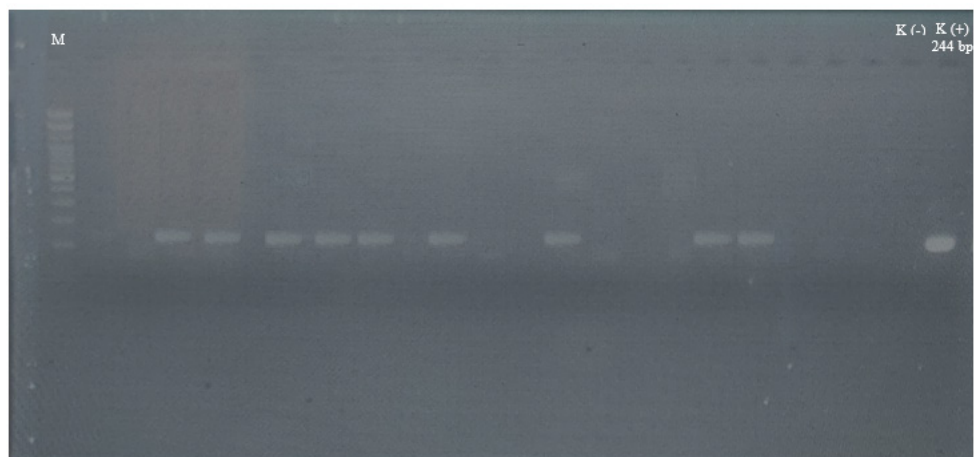
Dari hasil pengujian RT-PCR, didapatkan 21 dari 101 sampel usap atau *swab* rektum kelelawar (20.8%) adalah positif terhadap gen matriks virus influenza tipe-A dengan besar amplicon 244 bp (Gambar 2). Menariknya, seluruh sampel yang positif terhadap virus influenza tipe-A didapatkan dari spesies kelelawar *R. amplexicaudatus* dan tidak ada satupun kelelawar dari spesies *Rhinolophus sp.*, *Hipposideros sp.*, dan *Miniopterus sp.*, yang ditemukan positif melalui uji yang sama. Dari 56 sampel usap/*swab* rektum *R. amplexicaudatus*,

Tabel 1. Identifikasi empat spesies kelelawar dalam penelitian ini berdasarkan pengukuran morfometris dan ciri morfologi (Agustinus, 2001; Yuliadi *et al.*, 2014).

Ciri Morfologi	Spesies			
	<i>Rhinolophus sp</i>	<i>Hipposideros sp</i>	<i>Roussetus amplexicaudatus</i>	<i>Miniopterus sp</i>
Telinga/ memiliki tragus/antitragus	Telinga besar dengan lipatan menonjol di tepi luar; Tidak memiliki tragus, namun memiliki antitragus jelas	Telinga relatif besar dan panjang, Tidak memiliki tragus, namun memiliki antitragus pendek	Tidak memiliki tragus dan antitragus. Bentuk telinga sederhana.	Telinga pendek bundar dengan lipatan di bagian belakang; telinga kanan kiri terpisah; memiliki tragus pendek
Ekor/Selaput kulit antar paha	Ekor terbenam dalam selaput antar paha	Ekor terbenam dalam selaput antar paha	Ekor pendek berkembang baik; selaput kulit antar paha tidak berkembang	Ekor terbenam dalam selaput antar paha
Mata Bentuk hidung	Mata kecil Daun hidung tengah (di belakang lubang hidung) memiliki bagian mencuat ke atas yang disebut "sella", daun hidung posterior mencuat membentuk lanset panjang dengan ujung lancip	Mata kecil Lipatan kulit hidung sebelah belakang tumpul, daun hidung tengah (di belakang lubang hidung) berbentuk bantalan, daun hidung depan rendah dan melebar	Mata besar Hidung sederhana, tidak memiliki daun hidung, moncong panjang	Mata kecil Hidung sederhana, tidak memiliki daun hidung, moncong pendek
Rata-rata berat tubuh	8 - 17.5 gram	34 - 50 gram	50 - 70 gram	10 - 16 gram
Panjang lengan bawah	48 - 55.4 milimeter	71.4 - 87.5 milimeter	78 - 90 milimeter	40.5 - 49.5 milimeter
Ciri-ciri lain	Jari kaki II - IV memiliki 3 ruas tulang jari	Jari kaki II - IV hanya 2 ruas	Mempunyai cakar pada jari kedua	Ukuran ruas tulang terakhir jari ke tiga 3 kali panjang tulang jari pertama



Gambar 1. Empat spesies kelelawar yang dikoleksi pada penelitian ini: (A) *Roussettus amplexicaudatus*, (B) *Hipposideros sp*, (C) *Rhinolophus sp*, dan (D) *Miniopterus sp*



Gambar 2. Pita DNA sampel *swab rectum* dari kelelawar *R. amplexicaudatus* yang positif terhadap gen matriks virus influenza A dengan besar amplicon 244 bp; (K(+): Kontrol positif, K(-): Kontrol negative; M: Marker).

21 (37,5%) di antaranya positif terhadap gen matriks virus influenza tipe-A. Selanjutnya, sampel positif terhadap gen matriks virus influenza tipe-A dilakukan propagasi pada telur ayam berembrio (TAB) umur 9-10 hari *Specific-pathogenic free* (SPF). Namun demikian, tidak ada satupun sampel positif terhadap gen matriks virus influenza tipe-A yang dapat tumbuh. Sebelumnya, virus influenza A H17N10 dan H18N11 yang diisolasi dari kelelawar juga tidak berhasil dipropagasikan ke dalam telur ayam berembrio dan beberapa sel mamalia (Zhu *et al.*, 2013). Sebuah studi melaporkan bahwa fungsi HA dan NA dari virus influenza yang diisolasi dari kelelawar berbeda dari virus influenza tipe-A pada umumnya sehingga sel seperti MDCK dan telur berembrio yang secara rutin digunakan untuk isolasi virus influenza tipe-A tidak mendukung replikasi virus H17N10 dan H18N11 yang diisolasi dari kelelawar (Yang *et al.*, 2021).

Data sampel dari setiap spesies kelelawar disajikan pada Tabel 2. Dari data tersebut ditunjukkan bahwa spesies kelelawar pemakan buah, *R. amplexicaudatus*, menjadi satu-satunya spesies kelelawar yang ditemukan positif terhadap gen matriks virus influenza tipe-A. Spesies kelelawar *R. amplexicaudatus* termasuk ke dalam subordo *Megachiroptera/Yinpterochiroptera* dan family *Pteropodidae*. Jenis kelelawar *R. amplexicaudatus* adalah hewan nokturnal yang melakukan aktivitas pencarian pakan di malam hari dan mengandalkan kemampuan visualisasinya yang luar biasa (Wirawati *et al.*, 2019). Jenis *Rousettus sp.* menjadi kandidat terbaik di antara family *Pteropodidae* untuk mempelajari hubungan evolusioner karena merupakan satu-satunya genus yang memiliki kemampuan penyebaran jarak jauh dan telah menunjukkan fleksibilitas ekologis yang luar biasa dalam karakteristik seperti sistem ekolokasi yang berkembang dengan baik (Jahari *et al.*, 2020).

Kelelawar dapat menularkan agen infeksi ke manusia melalui inang perantara, yang berhubungan dekat dengan manusia (Han *et al.*, 2015). Inang perantara ini dapat terinfeksi dalam berbagai mekanisme, termasuk menelan pakan yang sebagian telah dicerna oleh kelelawar. Secara fisiologis, kelelawar pemakan buah tidak dapat menelan pakan dalam jumlah besar karena aerodinamis ketika terbang. Oleh karena itu, mereka memiliki kebiasaan cara makan dengan mengunyah buah dan meludahkan sisanya (Dobson, 2005). Makanan yang dicerna

sebagian yang dijatuhkan ke tanah ini kemudian dapat dicerna oleh hewan lain sehingga menjadi sumber infeksi yang potensial.

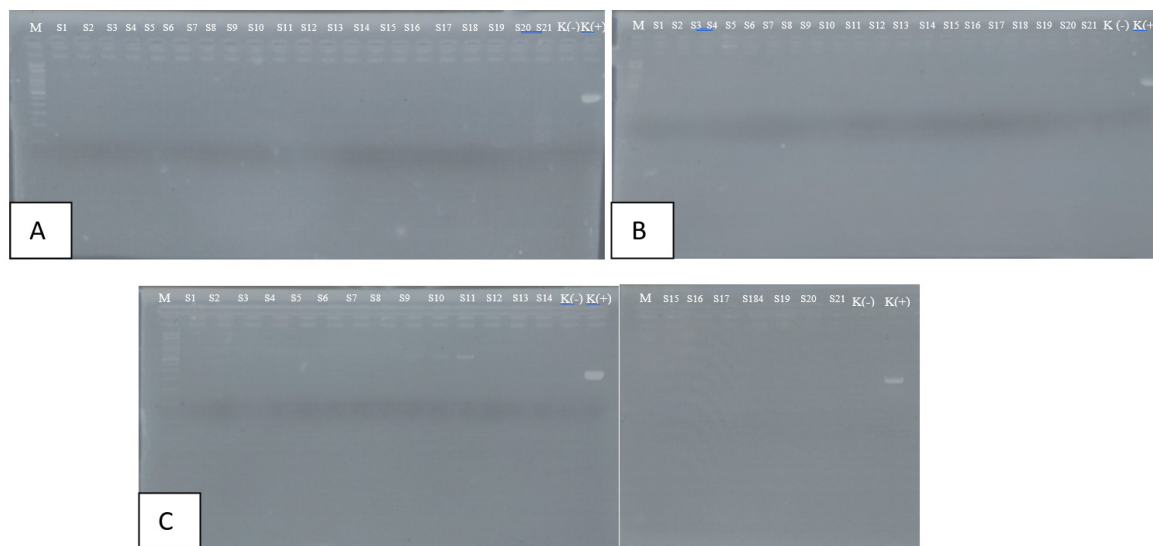
Kelelawar juga dapat menginfeksi manusia secara langsung melalui konsumsi daging kelelawar yang terinfeksi *bushmeat* (Han *et al.*, 2015). Di beberapa daerah, kelelawar menjadi sumber makanan, dan dipercaya dapat mengobati penyakit tertentu seperti gatal dan asma. Penularan patogen melalui *bushmeat* terjadi melalui kontak langsung dengan cairan tubuh dan kotoran hewan liar tersebut. Virus Ebola, *Human Immunodeficiency Virus-1* (HIV), virus *monkey pox* dan SARS-CoV adalah beberapa patogen menular yang terkait dengan aktivitas *bushmeat* (Kurpiers *et al.*, 2016; Monagin *et al.*, 2018; Woo *et al.*, 2009).

Terdeteksinya virus influenza tipe-A berdasarkan gen matriks menunjukkan bahwa virus ini telah terdistribusi pada kelelawar pemakan buah spesies *R. amplexicaudatus* di Kabupaten Cianjur. Sebesar 37,5% kelelawar pemakan buah *R. amplexicaudatus* dalam penelitian ini terdeteksi positif virus influenza tipe-A. Hal tersebut dapat dikaitkan dengan kebiasaan kelelawar Famili *Pteropodidae* yang hidup secara berkoloni. Kepadatan populasi kelelawar yang umumnya sangat besar dan perilaku berkoloni mereka meningkatkan potensi transmisi infeksi virus baik secara intra dan antar spesies (Calisher *et al.*, 2006). Berkaitan dengan potensi terjadinya kontak antar hewan kelelawar dan spesies burung/ unggas maka dilakukan uji lanjutan subtyping virus influenza A H5N1. Namun demikian, hasil subtyping menunjukkan bahwa seluruh sampel positif influenza tipe-A adalah negatif terhadap uji subtyping virus influenza tipe-A subtype H5N1 (Gambar 3). Ilustrasi transmisi virus dari kelelawar ke manusia dan hewan lain disajikan pada Gambar 4.

Sebelumnya, virus influenza tipe-A telah dilaporkan terdeteksi pada berbagai spesies kelelawar pemakan buah di Dunia. Pada 2009–2010, virus baru/*novel* influenza dilaporkan melalui uji molekuler dari sampel kelelawar buah di Guatemala (Tong *et al.*, 2012). Berdasarkan perbedaan yang signifikan dari semua subtype virus influenza tipe-A yang sudah diketahui, virus novel ini (A/bat/Guat/09) kemudian telah diklasifikasikan sebagai subtype H17N10. Tiga sekuens genom virus influenza A H17N10 telah terdeteksi pada sampel kelelawar di Guatemala, satu sampel ditemukan pada sampel yang dikoleksi di El Jobo pada tahun

Tabel 2. Sebaran data spesies sampel kelelawar dalam penelitian ini.

Spesies Kelelawar	Jumlah sampel (n)	Jenis Kelamin	Jumlah sampel positif Flu A	Persentase Positif Flu A
<i>R. amplexicaudatus</i>	56	Jantan: 53.3% Betina : 46.6%	21	37.50%
<i>Hipposideros sp</i>	22	Jantan: 54.5% Betina : 45.4%	0	0%
<i>Rhinolophus sp</i>	6	Jantan: 66.6% Betina : 33.3%	0	0%
<i>Miniopterus sp</i>	17	Jantan: 77.7% Betina : 22.2%	0	0%
TOTAL	101	Jantan: 57.3% Betina: 42.68%	21	20.8%



Gambar 3. Pita DNA 21 sampel swab rektum dari kelelawar *R. amplexicaudatus* yang positif terhadap gen matriks virus influenza A namun negative terhadap subtyping virus influenza A H5N1 berdasarkan primer H5-ID 637 bp (A); N1 615 bp (B); dan H5-NLP 377 bp (C). (K(+): kontrol positif, K(-): kontrol negative; M: Marker; S: Sampel).

2009 dan satu sampel lainnya yang dikoleksi selama tahun 2010 di Agüero yang berjarak sekitar 50 km dari El Jobo (Tong *et al.*, 2012). Deteksi sekuen genom H17N10 pada tempat dan waktu yang berbeda menunjukkan bahwa virus H17N10 telah bersirkulasi di kelelawar selama bertahun-tahun.

Pada tahun 2010, virus influenza A H18N11 ditemukan pada kelelawar pemakan buah di Peru (Tong *et al.*, 2013). Sekuen genom H18N11 juga ditemukan pada kelelawar pemakan buah di Bolivia pada tahun 2015 dan pada kelelawar pemakan buah lainnya dari Brasil pada tahun 2019 (Campos *et al.*, 2019). Pada tahun 2017, virus novel influenza A H9N2-like terdeteksi dalam sampel usap oral dan fecal yang dikoleksi dari kelelawar pemakan buah di daerah pertanian padat penduduk di Mesir (Kandeil *et al.*, 2018). Virus H9N2-like ini berhasil diisolasi menggunakan telur ayam berembrio dan bereplikasi dengan sangat efisien dalam sel *Madin-Darby Canine Kidney* (MDCK), berbeda dari virus influenza A H17N10 dan H18N11 yang diisolasi dari kelelawar. Virus H9N2-like yang dideteksi pada kelelawar di daerah pertanian yang padat penduduk dan ditransmisikan melalui rute fekal-oral sesuai dengan penularan virus flu burung pada umumnya.

Penelitian lanjutan terkait dengan subtipe virus influenza tipe-A perlu dilakukan dalam penelitian ini. Studi lebih lanjut mengenai virus lain yang dibawa oleh kelelawar atau hewan yang memiliki kontak erat serta korelasinya dengan lingkungan juga sangat diperlukan untuk mendeteksi kemungkinan penularan virus baru. Meskipun kelelawar subordo *Microchiroptera* dalam penelitian ini tidak terdeteksi membawa virus influenza tipe-A, penelitian lanjutan harus terus dilakukan. Deteksi dini dari virus ini diharapkan dapat meminimalkan dampak destruktif pada kesehatan global dengan menerapkan langkah-langkah pengendalian tertentu.

SIMPULAN

Hasil penelitian ini menunjukkan 21 (37.5%) *swab* rektum *R. amplexicaudatus*, positif terhadap gen matriks virus Influenza tipe-A dan sampel positif tersebut negatif terhadap uji subtyping virus influenza A subtipe H5N1. Virus influenza tipe-A telah terdistribusi pada kelelawar pemakan buah di Kabupaten Cianjur.

SARAN

Penelitian lanjutan yang mengarah pada subtyping virus Influenza tipe-A dan identifikasi molekuler perlu dilakukan. Selanjutnya identifikasi pada spesies kelelawar lain juga perlu dilakukan meskipun dalam penelitian ini beberapa spesies subordo *Microchiroptera* tidak terdeteksi membawa virus Influenza tipe-A. Perlu dipertimbangkan juga untuk melakukan studi lebih lanjut terkait dengan deteksi virus lain pada kelelawar mengingat berbagai macam virus telah dilaporkan pada kelelawar, deteksi pada hewan yang memiliki kontak erat serta korelasinya dengan lingkungan juga sangat diperlukan untuk mendeteksi kemungkinan penularan virus baru

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dibiayai oleh APBN Penelitian Balai Besar Penelitian Veteriner 2020-2021. Penulis mengucapkan terima kasih kepada Staf Dinas Kelautan, Perikanan dan Peternakan Kabupaten Cianjur atas bantuannya untuk kegiatan lapangan. Ucapan terima kasih juga ditujukan kepada, Teguh Suyatno, drh. Suraida Meisari dan drh. Zaki Aminullah atas bantuan teknisnya untuk kegiatan lapangan maupun laboratorium.

DAFTAR PUSTAKA

- Agustinus S. 2001. *Kelelawar di Indonesia*. Kartikasari SN (ed.). Jakarta. PT Ghalia Indonesia.
- Baker ML, Schountz T. 2018. Mammalia: Chiroptera: Immunology of Bats. *Advances in Comparative Immunology* 839–862. https://doi.org/10.1007/978-3-319-76768-0_23
- Bonilla-Aldana DK, Jimenez-Diaz SD, Patel SK, Dhama K., A. Rabaan A, Sah R, Sierra MI, Zambrano L, Arteaga-Livias K, Rodriguez-Morales JA. 2020. Importance of Bats in Wildlife: Not Just Carriers of Pandemic SARS-CoV-2 and Other Viruses. *Journal of Pure and Applied Microbiology* 14(suppl 1): 709–712. <https://doi.org/10.22207/JPAM.14.SPL1.05>
- Calisher CH, Childs JE, Field HE, Holmes KV, Schountz T. 2006. Bats: important reservoir hosts of emerging viruses. *Clin Microbiol Rev* 19(3): 531–545. <https://doi.org/10.1128/CMR.19.3.531-545.2006>

- doi.org/10.1128/CMR.00017-06
- Calisher CH. 2015. Viruses in Bats: A Historic Review. In Wang LF, Cowled C. (Eds.), *Bats and Viruses*. 1st ed. Hlm. 23–41. John Wiley & Sons, Inc. <https://doi.org/10.1002/9781118818824>
- Campos ACA, Gôes LGB, Moreira-Soto A, de Carvalho C, Ambar G, Sander AL, Fischer C, Ruckert da Rosa A, Cardoso de Oliveira D, Kataoka APG, Pedro WA, Martorelli LFA, Queiroz LH, Cruz-Neto AP, Durigon EL, Drexler JF. 2019. Bat Influenza A(HL18NL11) Virus in Fruit Bats, Brazil. *Emerging Infectious Diseases* 25(2): 333–337. <https://doi.org/10.3201/eid2502.181246>
- Damayanti R, Dharmayanti N.LPI, Wiyono A, Indriani R, Darminto. 2004. Gambaran Klinis dan Patologis pada Ayam yang Terserang Flu Burung Sangat Patogenik (HPAI) di Beberapa Peternakan di Jawa Timur dan Jawa Barat. *Jurnal Ilmu Ternak dan Veteriner* 9: 128–135.
- Dharmayanti N, Hartawan R, Hewajuli D. 2016. Pengembangan Sejumlah Primer untuk Reverse Transcriptase Polymerase Chain Reaction Guna Melacak Virus Flu Burung di Indonesia *Jurnal Veteriner*, 17(2): 183–196. <https://doi.org/10.19087/jveteriner.2016.17.2.183>
- Dharmayanti NLPI, Hewajuli DA, Ratnawati A, Hartawan R. 2020. Genetic diversity of the H5N1 viruses in live bird markets, Indonesia. *Journal of Veterinary Science* 21(4): <https://doi.org/10.4142/jvs.2020.21.e56>
- Dobson AP. 2005. Virology: What Links Bats to Emerging Infectious Diseases? *Science* 310(5748): 628–629. <https://doi.org/10.1126/science.1120872>
- Fouchier RAM, Bestebroer TM, Herfst S, Van Der Kemp L, Rimmelzwaan GF, Osterhaus ADME. 2000. Detection of Influenza A Viruses from Different Species by PCR Amplification of Conserved Sequences in the Matrix Gene. *Journal of Clinical Microbiology* 38(11): 4096–4101. <https://doi.org/10.1128/JCM.38.11.4096-4101.2000>
- Han HJ, Wen H, Zhou CM, Chen F-F, Luo, LM, Liu J, Yu XJ. 2015. Bats as reservoirs of severe emerging infectious diseases. *Virus Research* 205: 1–6. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2015.05.006>
- Jahari PNS, Mohd Azman S, Munian K, M Fauzi, N. F., Shamsir, M. S, Richter SR, Mohd Salleh F. 2020. The first complete mitochondrial genome data of Geoffroy's rousette, *Rousettus amplexicaudatus* originating from Malaysia. *Mitochondrial DNA. Part B, Resources* 5(3): 3262–3264. <https://doi.org/10.1080/23802359.2020.1812449>
- Kandeil A, Gomaa MR, Shehata MM, El Taweel AN, Mahmoud SH, Bagato O, Moatasim Y, Kutkat O, Kayed AS, Dawson P, Qiu X, Bahl J, Webby RJ, Karesh WB, Kayali G, Ali MA. 2018. Isolation and Characterization of a Distinct Influenza A Virus from Egyptian Bats. *Journal of Virology* 93(2): <https://doi.org/10.1128/JVI.01059-18>
- Kuchipudi SV, Nissly RH. 2018. Novel Flu Viruses in Bats and Cattle: “Pushing the Envelope” of Influenza Infection. *Veterinary Sciences* 5 3 71 <https://doi.org/10.3390/vetsci5030071>
- Kurpiers LA, Schulte-Herbrüggen B, Ejotre I, Reeder DM. 2016. Bushmeat and Emerging Infectious Diseases: Lessons from Africa. In *Problematic Wildlife* Springer International Publishing. Hlm. 507–551. https://doi.org/10.1007/978-3-319-22246-2_24
- Lee MS, Chang PC, Shien JH, Cheng MC, Shieh HK. 2001. Identification and subtyping of avian influenza viruses by reverse transcription-PCR. *Journal of Virological Methods* 97(1–2): 13–22. [https://doi.org/10.1016/S0166-0934\(01\)00301-9](https://doi.org/10.1016/S0166-0934(01)00301-9)
- Maryanto I, Maharadatunkamsi AAS, Wiantoro S, Sulistyadi E, Yoneda M, Soeyanto A, Sugardjito J. 2019. *Checklist of The Mammals of Indonesia. Scientific, English, Indonesia Name and distribution area Table in Indonesia Including CITES, IUCN and Indonesian Category for Conservation* (Third). Cibinong. Research Center for Biology, Indonesian Institute of Sciences (LIPI). <https://doi.org/10.14203/jbi.v5i1.3205>
- Mehle A. 2014. Unusual influenza A viruses in bats. *Viruses* 6(9): 3438–3449. <https://doi.org/10.3390/v6093438>
- Memish ZA, Al-Tawfiq JA, Makhdoom HQ, Al-Rabeeh AA, Assiri A, Alhakeem RF, AlRabiah FA, Al Hajjar S, Albarak A, Flemban H, Balkhy H, Barry M, Alhassan S, Alsubaie S, Zumla A.

2014. Screening for Middle East respiratory syndrome coronavirus infection in hospital patients and their healthcare worker and family contacts: a prospective descriptive study. *Clin Microbiol Infect* 20(5): 469–474. <https://doi.org/10.1111/1469-0691.12562>
- Monagin C, Paccha B, Liang N, Trufan S, Zhou H, Wu D, Schneider BS, Chmura A, Epstein J, Daszak P, Ke C, Rabinowitz PM. 2018. Serologic and behavioral risk survey of workers with wildlife contact in China. *PLOS ONE* 13(4): e0194647. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0194647>
- Palese P, Shaw ML. 2007. Fields virology. *Orthomyxoviridae: The Viruses and Their Replication*, 5th Ed, Philadelphia, PA: Lippincott Williams & Wilkins, Wolters Kluwer Business Hlm. 1647–1689.
- Song HD, Tu CC, Zhang GW, Wang SY, Zheng K, Lei LC, Chen QX, Gao YW, Zhou HO, Xiang H, Zheng HJ, Chern SW, Cheng F, Pan CM, Xuan H, Chen SJ, Luo, HM Zhou DH, Liu YF, Zhao GP. 2005. Cross-host evolution of severe acute respiratory syndrome coronavirus in palm civet and human. *Proc Natl Acad Sci USA* 102(7): 2430–2435. <https://doi.org/10.1073/pnas.0409608102>
- Teeling EC, Jones G, Rossiter S. 2016. Phylogeny, genes, and hearing: implications for the evolution of echolocation in bats. In Fenton MB, Grinnell AD, Popper AN, Fay RR (Eds.), *Bat Bioacoustics* (Vol. 54). Springer New York. <https://doi.org/10.1007/978-1-4939-3527-7>
- Tong S, Li Y, Rivaille P, Conrardy C, Castillo D, Chen L, Recuenco S, Ellison J, Davis C, York I, Turmelle A, Moran D, Rogers S, Shi M, Tao, Weil M, Tang K, Rowe L, Sammons S, Donis R. 2012. A distinct lineage of influenza A virus from bats. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 109(11): 4269–4274. <https://doi.org/10.1073/pnas.1116200109>
- Tong S, Zhu X, Li Y, Shi M, Zhang J, Bourgeois M, Yang H, Chen X, Recuenco S, Gomez J, hen LM, Johnson A, Tao Y, Dreyfus C, Yu W, McBride R, Carney PJ, Gilbert AT, Chang J, Donis RO. 2013. New World Bats Harbor Diverse Influenza A Viruses. *PLoS Pathogens* 9(10). <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1003657>
- Wang D, Oakley T, Mower J, Shimmin C, Yim S, Honeycutt RL, Tsao H, Li WH. 2004. Molecular Evolution of Bat Color Vision Genes. *Molecular Biology and Evolution* 21(2): 295–302. <https://doi.org/10.1093/molbev/msh015>
- Wirawati V, Widiati NDA, Gunawan G, Saragih GR, Hening P, Wihadmadyatami H. 2019. The distribution of serotonergic nerve on the hippocampus of the fruit bats (*Rousettus amplexicaudatus*). *Veterinary World*, 12(9): 1460–1466. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2019.1460-1466>
- Woo PC, Lau SK, Huang Y, Yuen KY. 2009. Coronavirus diversity, phylogeny and interspecies jumping. *Exp Biol Med (Maywood)* 234(10): 1117–1127. <https://doi.org/10.3181/0903-MR-94>
- Wright KE, Wilson GA, Novosad D, Dimock C, Tan, D, Weber JM. 1995. Typing and subtyping of influenza viruses in clinical samples by PCR. *Journal of Clinical Microbiology* 33(5): 1180–1184. <https://doi.org/10.1128/jcm.33.5.1180-1184.1995>
- Yang W, Schountz T, Ma W. 2021. Bat Influenza Viruses: Current Status and Perspective. *Viruses* 13(4): 547. <https://doi.org/10.3390/v13040547>
- Yuliadi B, Sari TF, Handayani FD. 2014. *Kelelawar Sulawesi Jenis dan Peranannya*. <http://www.b2p2vrp.litbang.kemkes.go.id/publikasi/download/105>
- Zhu, X, Yu W, McBride R, Li Y, Chen LM, Donis RO, Tong S, Paulson JC, Wilson IA. 2013. Hemagglutinin homologue from H17N10 bat influenza virus exhibits divergent receptor-binding and pH-dependent fusion activities. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 110(4): 1458–1463. <https://doi.org/10.1073/pnas.1218509110>