

# PEMETAAN JALUR EVOLUSI KELELAWAR NYCTERIS JAVANICA (CHIROPTERA: NYCTERIDAE) BERDASARKAN DNA BARCODING (GEN D-LOOP MTDNA)

Oleh: Kartika Ratna Pertiwi, Tatag Bagus Putra Prakarsa, Rizka Apriani Putri

## ABSTRAK

*Nycteris javanica* termasuk kelelawar insectivore dengan kemampuan ekolokasi sangat baik dan berperan dalam mengontrol populasi hama tanaman pertanian. Spesies ini merupakan spesies endemik di Jawa dan Bali yang sebagian besar menggunakan gua sebagai habitat roostingnya. *N. javanica* saat ini sedang mengalami ancaman kepunahan. Status endemik dan Kondisi habitat yang dalam ancaman aktivitas manusia utamanya tambang membuat tren populasinya menurun. Kepunahan menjadi tidak dapat dihindarkan jika tren penurunan ini terus berlangsung. Hal ini tentu akan sangat merugikan baik dari sisi ilmu pengetahuan maupun manfaat praktis bagi masyarakat. Di sisi lain belum banyak pengetahuan yang rinci baik dari segi sistematik, ekologi, sebaran, dan peranan lainnya dari spesies ini yang terkuak. Penelitian ini bertujuan Penelitian ini bertujuan untuk memetakan jalur evolusi dari *Nycteris javanica* berdasarkan variasi genetik Gen D-Loop MtDNA. Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Maret sampai dengan Oktober 2023. Tempat pengambilan sampel lapangan di gua Landak dan Cekelan di Kawasan Karst Gunung Sewu. Tempat isolasi D-Loop DNA mitokondria di Laboratorium Molekular IDB Departemen Pendidikan Biologi FMIPA UNY, dan sequencing DNA di Laboratorium LPPT UGM. Penelitian ini terdiri dari tahapan pengambilan data lapangan untuk identifikasi secara morfometrik dan pengambilan sampel organ yang akan digunakan sebagai bahan analisis molekuler. Tahap selanjutnya adalah tahap analisis molekuler, yang dalam hal gen target adalah D-Loop (Region Control) yang merupakan DNA mitokondria. Setelah analisis molekuler kemudian direkonstruksi pohon filogenetik dengan data genom dari National Center for Biotechnology Information (NCBI). Data hasil sekuensing baik forward maupun reverse disejajarkan (alignment) menggunakan software Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) versi 7,0. DNA D-loop dari tiga spesies telah berhasil di isolasi dan disekuensing (*M. pusillus*, *M. australis*, dan *R. affinis*). Urutan D-loop mtDNA, ketiga spesies yang dikumpulkan dari habitat gua di Gunung Sewu membentuk satu clade, tumpang tindih antar habitat, dan secara genetis dekat. Spesies ini di Pulau Jawa juga memiliki keanekaragaman haplotipe yang tinggi. Selain itu, haplotipe yang dimiliki bersama di antara habitat adalah juga ditemukan dalam penelitian ini. Hasil penelitian ini menghasilkan data D-loop DNA mitokondria.sekuens tiga spesies dari Indonesia.

Kata Kunci: *evolusi, DNA barcode, D-loop, Kelelawar*