

Analisis Potensi Kelelawar (*Chiroptera*) sebagai Reservoir Alami SARS-COV-2 penyebab Covid-19

Isma Dwi Kurniawan¹, Yani Suryani², Astuti Kusumorini³, Rahmat Taufiq Mustahiq Akbar⁴

¹Jurusan Biologi, UIN Sunan Gunung Djati Bandung, ismadwikurniawan@uinsgd.ac.id

²Jurusan Biologi, UIN Sunan Gunung Djati Bandung, yani.suryani@uinsgd.ac.id

³Jurusan Biologi, UIN Sunan Gunung Djati Bandung, astuti@uinsgd.ac.id

⁴Jurusan Biologi, UIN Sunan Gunung Djati Bandung, rahmattaufiq@uinsgd.ac.id

Abstrak

Asal virus *Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2* (SARS-CoV-2) yang merupakan penyebab Covid-19 hingga saat ini masih menjadi pertanyaan. Banyak pihak mengaitkan virus ini dengan kelelawar sebagai reservoir alaminya. Adanya pemberitaan kelelawar sebagai asal SARS-CoV-2 menimbulkan stigma dan respon negatif yang dapat mengancam kelestarian kelelawar. Artikel ini bertujuan untuk membahas karakteristik SARS-CoV-2, jenis kelelawar yang diduga sebagai reservoir alami SARS-COV-2, pola transmisi SARS-CoV-2, dan upaya pencegahan infeksi virus zoonosis oleh kelelawar. Data diperoleh melalui metode observasional deskriptif dengan melakukan studi literatur. Virus SARS-CoV-2 termasuk Genus Betacoronavirus (Beta-CoV) dalam Famili Coronaviridae. Genom SARS-CoV-2 memiliki kesamaan dengan Beta-CoV RaTG13 yang ditemukan pada kelelawar *Rhinolophus affinis* dengan kemiripan 96.2%. SARS-CoV-2 menggunakan reseptor *Angiotensin Converting Enzyme 2* (ACE-2) untuk menginfeksi sel inangnya. Transmisi terjadi dari manusia ke manusia melalui droplet yang mengandung virus. Kelelawar diduga kuat sebagai reservoir alami SARS-CoV-2 tetapi tidak dapat menularkannya secara langsung ke manusia. Pemusnahan kelelawar bukan langkah tepat dalam memutus rantai penularan Covid-19. Langkah yang dapat dilakukan untuk mencegah munculnya infeksi virus zoonosis oleh kelelawar adalah membatasi kontak langsung dengan kelelawar, tidak mengkonsumsi kelelawar dan sisa makanan kelelawar, dan menjaga habitat kelelawar.

Kata kunci: SARS-COV-2, zoonosis, kelelawar, konservasi

1. Pendahuluan

Kemunculan penyakit infeksi (*Emerging Infectious Diseases*) yang disebabkan oleh virus menjadi isu global yang mengancam kesehatan masyarakat dunia (F. Wu et al., 2020). Beberapa penyakit infeksi virus mengalami *outbreak* dan berkembang menjadi pandemi seperti halnya *Coronavirus disease 2019* (Covid-19) yang disebabkan oleh virus SARS-CoV-2 (Zheng, 2020). Penyakit yang pertama kali dilaporkan di Wuhan, Tiongkok ini telah menyebar luas hampir di seluruh negara dan menyebabkan angka kematian yang tinggi serta berdampak pada multisektor termasuk sosial dan ekonomi. Kemunculan Covid-19 menyisakan pertanyaan besar mengenai asal mula dari penyakit ini. Beberapa sumber menyebutkan bahwa kejadian pertama infeksi virus ini terjadi di pasar hewan (*wet market*) sehingga diduga merupakan penyakit zoonosis yang berarti ditransmisikan dari hewan ke manusia (Andersen et al., 2020; Chhikara et al., 2020).

Mayoritas penyakit infeksi pada manusia memang bersifat zoonosis (60.3%). Dari jumlah tersebut, sekitar 71.8% diduga berasal dari spesies liar (Jones et al., 2008). Kelelawar adalah

salah satu satwa liar yang dikenal sebagai pembawa virus zoonosis (Allocati et al., 2016). Beberapa karakteristik kelelawar seperti kemampuan terbang dan kemampuan migrasi atau daya jelajah yang luas diduga menjadi pendukung kelelawar sebagai reservoir alami bagi banyak virus patogen bagi manusia (Fan et al., 2019). Dibandingkan dengan anggota Kelas Mamalia lainnya, kelelawar memiliki proporsi pembawa virus zoonosis tertinggi (Olival et al., 2017). Hingga saat ini, cukup banyak penyakit zoonosis yang dikaitkan dengan kelelawar seperti Marburg, Rabies, Hendra, Nipah, Ebola, SARS, dan MERS (Calisher et al., 2006).

Coronavirus (CoVs) adalah salah satu kelompok virus penyebab penyakit zoonosis yang sering dikaitkan dengan kelelawar (Wong et al., 2019). Virus ini tergolong virus RNA yang termasuk ke dalam Famili Coronaviridae dan Ordo Nidovirales (Fan et al., 2019). CoVs merupakan penyebab dari beberapa penyakit pernafasan yang cukup mematikan bagi manusia. Selain SARS dan MERS yang mengalami *outbreak* pada tahun 2002 dan 2012, Covid-19 yang saat ini tengah mewabah juga disebabkan oleh kelompok virus ini (Valitutto et al., 2020). Penyebab dari ketiga penyakit mematikan tersebut diduga berasal dari COVs yang sebelumnya hidup di reservoir alami yang sama yaitu kelelawar. Hal ini didasarkan dari kemiripan genome CoVs penyebab penyakit dengan CoVs yang hidup di beberapa jenis kelelawar (D. Wu et al., 2020).

Di balik potensi sebagai reservoir virus penyebab berbagai penyakit zoonosis, keberadaan kelelawar di alam juga menjalankan fungsi ekologis yang sangat penting bagi kehidupan manusia. Kelelawar adalah salah satu satwa liar penyedia jasa lingkungan. Kelompok kelelawar pemakan buah (*Megachiroptera*) adalah polinator bagi banyak tumbuhan berbuah dan sebagai agen pemencar biji. Di samping itu, kelelawar pemakan serangga (*Microchiroptera*) juga memiliki peran tidak kalah penting yaitu sebagai pengendali populasi serangga hama pertanian dan vektor penyakit seperti nyamuk (Kurniawan & Rahmadi, 2019).

Terdapat lebih dari 1.300 spesies kelelawar yang ada di dunia. Dari jumlah tersebut, sedikitnya 238 spesies ada di Indonesia dengan beberapa spesies masuk ke dalam kategori terancam punah dan dilindungi (Maryanto et al., 2019). Adanya pemberitaan yang menginformasikan bahwa Covid-19 berasal dari kelelawar sedikit banyak telah memunculkan stigma negatif di kalangan masyarakat mengenai kelelawar sehingga mengancam kelestarian satwa liar tersebut. Selain itu, terdapat juga kebijakan kontroversial yang muncul seperti arahan untuk memusnahkan kelelawar sebagai salah satu langkah memutus rantai penularan Covid-19. Padahal, penularan Covid-19 saat ini didominasi dari satu manusia ke manusia lainnya dan belum terdapat informasi ilmiah yang jelas apakah kelelawar dapat menularkan Covid-19 secara langsung ke manusia. Mempertimbangkan peran penting kelelawar, pemusnahan kelelawar justru berpotensi menimbulkan permasalahan yang lebih kompleks di masa mendatang.

Sumber asal mula dan pola transmisi Covid-19 penting untuk dijabarkan dalam rangka mengembangkan strategi pencegahan yang tepat untuk menghindari infeksi. Artikel ini membahas mengenai karakteristik SARS-CoV-2 penyebab Covid-19, jenis kelelawar yang diduga sebagai reservoir alami SARS-CoV-2, pola transmisi SARS-CoV-2, dan upaya pencegahan infeksi virus zoonosis dengan reservoir alami kelelawar.

2. Metodologi

Penelitian ini menggunakan metode observasional deskriptif dengan melakukan studi literatur yang memuat data-data ilmiah terkait SARS-CoV-2, Covid-19 dan keterkaitannya dengan kelelawar (Chiroptera).

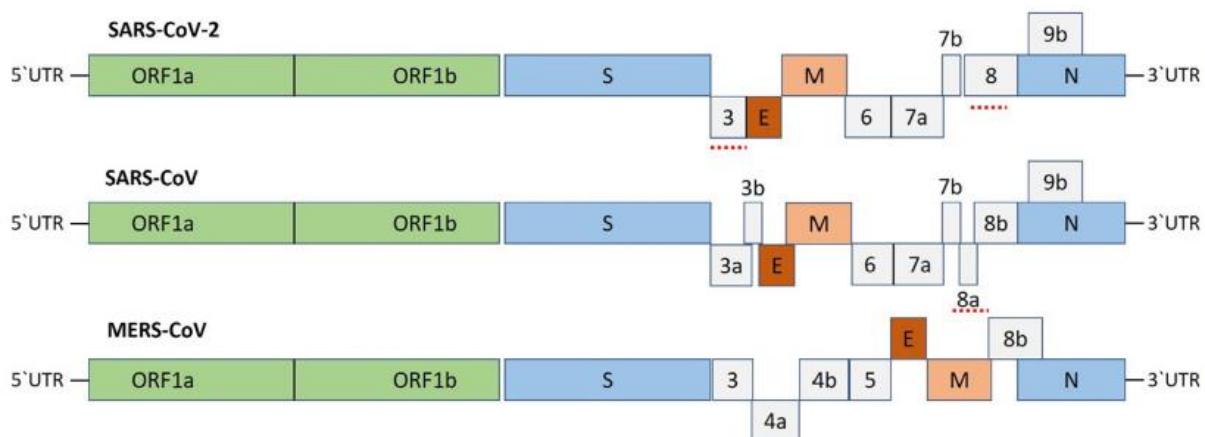
3. Hasil dan Pembahasan

3.1. Karakteristik SARS-CoV-2

International Committee on Taxonomy Viruses (ICTV) memberi nama virus penyebab penyakit Covid-19 sebagai SARS-CoV-2. SARS-CoV-2 merupakan satu kelompok yang sama dengan virus penyebab SARS dan MERS yaitu Famili Coronavirus (CoVs). Anggota famili ini dapat menyebabkan penyakit sistem pernafasan. Seperti halnya SARS dan MERS, SARS-CoV-2 juga diyakini bersifat zoonosis atau berasal dari hewan (D. Wu et al., 2020).

Secara umum, virus dapat dibedakan menjadi virus DNA dan virus RNA. CoVs merupakan virus RNA yang memiliki strain tunggal positif, memiliki kapsul dan tidak bersegmen. CoVs termasuk Ordo Nidovirales dan Famili Coronaviridae. Coronaviridae dibagi dua subfamili yaitu Coronavirinae dan Torovirinae yang dibedakan berdasarkan serotipe dan karakteristik genom. Terdapat empat genus dalam Famili Coronaviridae yaitu alfaCoV, betaCoV, deltaCoV dan gammaCoV (Fehr & Perlman, 2015; Wang et al., 2020).

SARS-CoV-2 seperti anggota CoVs lainnya memiliki karakteristik yaitu berkapsul, berbentuk bulat atau elips, sering pleomorfik dengan diameter sekitar 50-200 nm. Panjang genom CoVs sekitar 27-32 kb yang mengkode protein penyusun tubuh virus. Protein struktural dikode oleh empat gen struktural, yaitu *spike* (S), *envelope* (E), membran (M) dan nukleokapsid (N). Orf1ab adalah gen terbesar dalam SARS-CoV-2 yang mengkode protein pp1ab dan 15 nsps. Dua per tiga pertama dari genom virus ini adalah terdiri dari daerah 1a dan 1b yang mengkode poliprotein untuk replikasi dan transkripsi. Ciri khas dari CoVs yaitu memiliki protein berbentuk seperti paku (*spike*) di permukaan tubuh virus. Protein *spike* merupakan salah satu antigen utama virus yang berperan dalam proses penempelan dan masuknya virus ke dalam sel inang (Fehr & Perlman, 2015; Wang et al., 2020).



Gambar 1. Organisasi genom pada beberapa BetaCoVs (Shereen et al., 2020).

Virus Corona pada manusia umumnya menyebabkan penyakit infeksi saluran pernapasan, baik penyakit yang ringan seperti flu sampai penyakit saluran pernapasan yang bersifat akut. CoVs yang menyerang manusia hanya berasal dari genus alfa dan beta dimana genus beta diketahui memiliki dampak yang lebih berbahaya. Sementara itu, dua genus lainnya yaitu genus delta dan gamma menyerang hewan. Beberapa jenis CoVs yang telah diketahui dapat menginfeksi manusia yaitu HCoV-229E (alfaCoV), HCoV-NL63 (alfaCoV), HCoV-OC43 (betaCoV), HCoV-HKU1 (betaCoV), MERS-CoV (betaCoV) yang menyebabkan penyakit *Middle East*

Respiratory Syndrome dan SARS-CoV (betaCoV) penyebab sindrom pernapasan akut berat atau *Severe Acute Respiratory Syndrom* (Wassenaar & Zou, 2020; Zaki, 2012).

SARS-CoV-2 dianggap sebagai kerabat dekat dari SARS-CoV dan MERS-CoV. Ketiganya menyebabkan penyakit pernapasan yang ditandai dengan adanya gejala umum seperti flu, demam, batuk dan sesak napas serta memiliki kemungkinan penularan dari hewan ke manusia (Chan et al., 2020; D. Wu et al., 2020). Dalam sejarah kemunculannya, SARS-CoV dan MERS-CoV menjadi kasus virus patogen berskala besar. SARS-CoV mengalami *outbreak* pada tahun 2002-2003 dan menginfeksi sedikitnya 8000 orang dengan tingkat kematian 10%, sedangkan MERS-CoV pada tahun 2012 menginfeksi sedikitnya 2249 orang dengan tingkat kematian 35.5% (Drosten et al., 2003; Zaki et al., 2012). Dibandingkan dengan 2 penyakit sebelumnya, Covid-19 yang saat ini sedang mewabah memiliki tingkat infeksi yang jauh lebih tinggi. Berdasarkan data WHO hingga tanggal 16 April 2020, SARS-CoV-2 telah menginfeksi sedikitnya 1.991.562 orang dengan tingkat kematian lebih dari 15%. Ini menunjukkan bahwa kemampuan transmisi SARS-CoV-2 lebih tinggi dari SARS-CoV dan MERS-CoV.

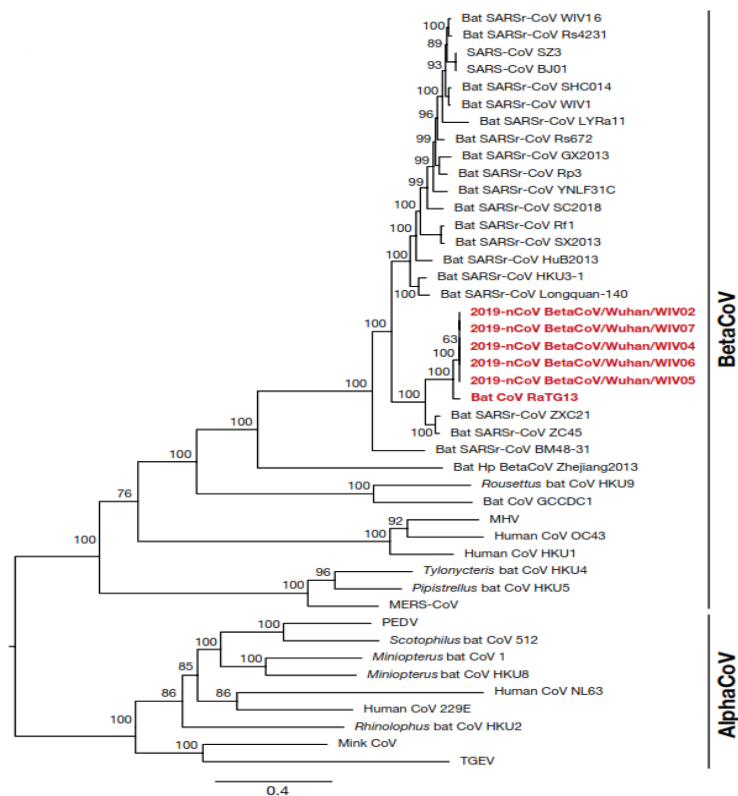
Hasil penelitian terbaru memperlihatkan adanya variasi atau perubahan penting dalam genom SARS-CoV-2 dibandingkan dengan SARS-CoV yaitu tidak adanya protein 8a dan 3b serta terjadinya fluktuasi jumlah asam amino pada daerah protein 8. Selain itu, *spike* glikoprotein dari SARS-CoV-2 juga telah mengalami rekombinasi homolog. Data menunjukkan adanya insersi asam amino pada daerah *cleavage site* dari gen protein *spike*. Mutasi *single* N501T pada protein *spike* SARS-CoV-2 diduga meningkatkan afinitas pengikatan virus ini ke reseptor yang ada di sel manusia (Shereen et al., 2020; J. T. Wu et al., 2020).

3.2. Kelelawar sebagai reservoir alami SARS-CoV-2

Kelelawar adalah satwa liar yang dikenal menjadi reservoir alami bagi banyak jenis virus yang berpotensi menyebabkan penyakit zoonosis (Calisher et al., 2006). Beberapa virus diketahui menjadi penyebab penyakit berbahaya bagi manusia sebagai contoh Rabies (RABV), Hendra (HeV), Nipah (NiV), Ebola (EBOV), dan Marburg (MARV) (Hayman et al., 2013). Selain itu, Coronavirus (CoVs) yang menyebabkan penyakit SARS dan MERS juga telah diidentifikasi berasal dari satwa liar ini. Lalu bagaimana dengan SARS-CoV-2 yang juga merupakan anggota dari CoVs?.

Virus Corona sangat umum dijumpai di kelelawar (Valitutto et al., 2020). Dari empat genus yang ada, di kelelawar hanya ditemukan kelompok alfaCoVs dan betaCoVs. SARS-CoV-2 yang menyebabkan pandemi Covid-19 adalah anggota betaCoVs yang termasuk dalam Subgenera Sarbecovirus (Wong et al., 2019). Secara genetik, virus ini memiliki kemiripan genom lebih dari 80% dengan SARS-CoV penyebab penyakit SARS (Zhou et al., 2020).

Beberapa penelitian menunjukkan bahwa SARS-CoV diduga berasal dari kelelawar Genus *Rhinolophus*. Hal ini didasarkan pada tingginya kemiripan genetik antara SARS-CoV dengan CoVs yang diisolasi dari beberapa spesies anggota Genus *Rhinolophus* termasuk di antaranya *R. pearsoni*, *R. macrotis*, *R. pussilus*, *R. ferrumequinum*, dan *R. Sinicus*. Selain itu, beberapa spesies kelelawar *Rhinolophus* juga memiliki antibodi anti-SARS-CoV sehingga diperkirakan bahwa kelelawar tersebut adalah reservoir alami SARS-CoV (Wang et al., 2006). Oleh karena itu, muncul dugaan bahwa SARS-CoV-2 yang merupakan kerabat dekat SARS-CoV juga berasal dari kelompok kelelawar yang sama.



Gambar 2. Kekerabatan SARS-CoV-2 dengan CoVs pada kelelawar (Zhou et al., 2020)

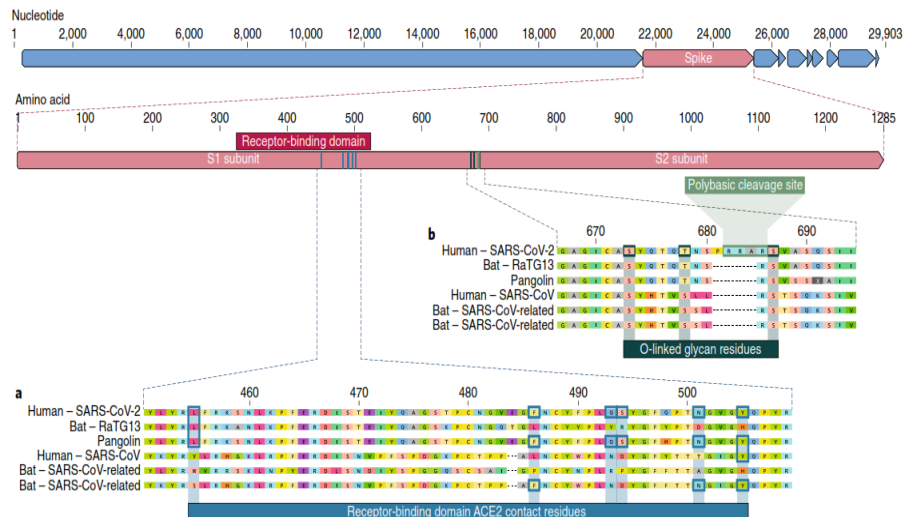
Zhou et al. (2020) untuk membuktikan dugaan tersebut di atas, melakukan sekuensing terhadap genom SARS-CoV-2 dan membandingkannya dengan beberapa genom SARS related-Coronavirus (SARSr-CoV) yang diisolasi dari kelelawar. Berdasarkan analisis filogenetika (Gambar 2), SARS-CoV-2 (dalam gambar dituliskan sebagai 2019-nCoV BetaCoV) yang diisolasi dari pasien di Wuhan menunjukkan kemiripan genom yang sangat tinggi dengan Bat CoV RaTG13 yaitu 96.2%. Sampel Bat CoV RaTG13 tersebut diisolasi dari kelelawar jenis *Rhinolophus affinis* yang diperoleh dari Provinsi Yunnan, China. Hasil ini menjadi bukti kuat bahwa SARS-CoV-2 berasal dari kelelawar.

3.3. Pola transmisi SARS-CoV-2

Meskipun diyakini berasal dari kelelawar, akan tetapi mekanisme transmisi SARS-CoV-2 dipercaya tidak dapat terjadi secara langsung. Maksudnya, kemungkinan terjadinya infeksi langsung dari kelelawar ke manusia sangat kecil. Hal ini didasarkan bukti bahwa terdapat perbedaan struktur pada *receptor binding domain* (RBD) antara SARS-CoV-2 dengan CoVs pada kelelawar yang membuat CoVs pada kelelawar tidak dapat mengikat *Angiotensin-converting enzyme 2* (ACE-2) yang menjadi reseptor spesifik SARS-CoV-2 secara efisien (Andersen et al., 2020).

Pola transmisi beberapa CoVs patogen sebelumnya yang berasal dari kelelawar memang tidak terjadi antara kelelawar dan manusia secara langsung. Terdapat inang antara (*intermediat reservoir*) yang menjadi penghubung penularan virus dari kelelawar ke manusia. SARS-CoV penyebab penyakit SARS diduga ditularkan dari kelelawar ke manusia melalui perantara luwak sawit (*Paguma larvata*), sedangkan MERS-CoV ditularkan melalui perantara unta (Allocati et al., 2016). SARS-CoV-2 pun juga diduga demikian.

Andersen et al. (2020) mencoba menyelidiki dugaan adanya inang antara SARS-CoV-2. Berdasarkan hasil penelitiannya, kuat dugaan bahwa inang antara tersebut adalah trenggiling (*Manis javanica*), salah satu satwa liar dilindungi yang tergolong *critically endangered* berdasarkan kategori IUCN. Beberapa trenggiling memiliki CoVs yang identik dengan SARS-CoV-2 antara 85.5%-92.4% (Lam et al., 2020). Alasan mengapa trenggiling diduga sebagai inang antara SARS-CoV-2 adalah karena CoVs pada trenggiling memiliki kemiripan RBD dengan SARS-CoV-2 (Gambar 3).



Gambar 3. Kemiripan *Receptor Binding Domain* (RBD) SARS-CoV-2 dengan CoVs pada Trenggiling, SARS-CoV dan beberapa SARSr-CoV pada kelelawar (Andersen et al., 2020).

Salah satu hipotesis yang dapat menjelaskan terjadinya perubahan struktur RBD CoVs pada satwa liar sehingga dapat menginfeksi manusia adalah karena proses mutasi, insersi dan delesi yang diikuti dengan seleksi alam (Andersen et al., 2020). Beberapa ahli juga menyebutkan bahwa perubahan tersebut terjadi karena proses rekombinasi homolog dari beberapa Beta-CoVs (Gralinski & Menachery, 2020). Kesesuaian RBD dengan reseptor dan adanya kontak dengan satwa liar membuat potensi penularan CoVs ke manusia meningkat. Hal inilah yang diduga menjadi kejadian pertama infeksi SARS-CoV-2 ke manusia di pasar satwa di Wuhan.

Selain kejadian pertama infeksi dari satwa, transmisi SARS-CoV-2 semua terjadi antara manusia ke manusia. Penularan terjadi melalui droplet atau cairan yang mengandung virus yang keluar melalui batuk atau bersin. Cairan tersebut kemudian menempel di bagian mulut atau hidung seseorang dan terhirup saat mengambil napas (D. Wu et al., 2020). Virus yang masuk ke tubuh akan berikatan dengan enzim ACE-2 yang merupakan reseptor SARS-CoV-2 dalam menginfeksi sel. Jumlah ACE-2 akan lebih banyak pada orang yang berusia di atas 40-50 tahun sehingga kisaran usia tersebut memiliki risiko tinggi terinfeksi. Konsentrasi tertinggi ACE-2 terdapat di kapiler paru sehingga organ ini menjadi target utama infeksi SARS-CoV-2. Selain paru, ACE-2 juga terdapat di tubulus proksimal ginjal, saluran gastrointestinal, jantung dan otak (Balasuriya & Rupasinghe, 2011; Guo et al., 2020).

RBD SARS-CoV-2 apabila dibandingkan dengan RBD SARS-CoV memiliki kesamaan sekuen asam amino dan *protein spike* mereka benar-benar homolog yaitu sebesar 76,5% (Xu et al., 2020). Hal ini berarti bahwa kedua CoVs ini memiliki cara yang sama untuk menginfeksi sel inangnya. Akan tetapi, SARS-CoV-2 diduga dapat mengenali reseptor ACE-2 manusia secara lebih efisien daripada SARS-CoV. Faktor ini menyebabkan lebih tingginya kemampuan SARS-CoV-2 untuk menular dari manusia ke manusia (Shereen et al., 2020). Hal ini dibuktikan

dengan sangat mudahnya Covid-19 menular dan menyebar ke seluruh dunia hingga menyebabkan pandemi yang jauh lebih parah dibandingkan SARS-CoV.

3.4. Upaya pencegahan infeksi virus zoonosis oleh kelelawar

Berdasarkan pola transmisi SARS-CoV-2, maka upaya pemutusan rantai penularan Covid-19 dengan cara pembasmian terhadap kelelawar sangat tidak tepat. Pencegahan dengan cara membunuh satwa liar lainnya yang diduga menjadi inang antara juga tidak tepat. Pembasmian satwa liar justru memperbesar kontak manusia dengan satwa liar sehingga berpotensi memunculkan penularan penyakit zoonosis baru. Selain itu, hilangnya satwa liar juga akan menjadi kerugian besar bagi kehidupan manusia. Satwa liar menjalankan fungsi ekologi yang penting di alam dan banyak dari mereka berperan sebagai penyedia jasa lingkungan yang apabila dinilai secara ekonomi valuasinya sangat tinggi (Cahyadi & Arifin, 2019; Paujiah et al., 2019; Widiana et al., 2018). Terlepas dari keuntungan yang dapat diperoleh, satwa liar merupakan bagian dari keanekaragaman hayati ciptaan Tuhan yang sudah seharusnya kita jaga.

Munculnya penyakit zoonosis yang melibatkan satwa liar sebagai reservoir alaminya merupakan akibat dari perilaku manusia. Perusakan habitat dan perburuan satwa liar baik untuk dijadikan binatang peliharaan atau dikonsumsi telah meningkatkan kontak manusia dengan satwa liar dan secara tidak langsung mendekatkan virus zoonosis ke manusia. Pada kasus transmisi virus zoonosis dengan kelelawar sebagai reservoir alaminya, penularan dapat terjadi baik secara langsung maupun melalui inang antara. Marburg, Rabies dan beberapa anggota Lyssavirus dapat ditularkan secara langsung dari kelelawar ke manusia, sedangkan Ebola, SARS, MERS, Nipah, Hendra, dan Covid-19 ditularkan melalui inang antara. Inang antara tidak selalu berupa satwa liar, melainkan dapat berupa hewan ternak atau peliharaan seperti babi (Nipah), kuda (Hendra), dan unta (MERS) (Allocati et al., 2016).

Upaya paling tepat untuk mencegah terjadinya infeksi virus oleh kelelawar adalah dengan cara meminimalisir kontak manusia dan hewan peliharaan dengan kelelawar dan satwa liar lainnya. Hal ini dapat dilakukan dengan banyak cara, diantaranya adalah dengan tidak menangkap kelelawar dan satwa liar lainnya baik untuk dikonsumsi maupun untuk kepentingan lain, tidak mengkonsumsi dan memberi makan hewan peliharaan dengan sisa buah yang telah sebelumnya dimakan kelelawar, dan menjaga habitat alami kelelawar agar tidak berpindah tempat tinggal di lokasi yang dekat dengan manusia (Han et al., 2015).

Dalam kasus pandemi Covid-19, upaya paling tepat untuk memutus rantai penularan adalah dengan mencegah transmisi dari manusia ke manusia dan tidak ada hubungannya dengan kelelawar. Salah satu kunci utamanya adalah dengan pemberlakuan *physical distancing* untuk membatasi kontak antar manusia selama masa pandemi, menutup daerah yang diduga menjadi episentral wabah, deteksi dini dan isolasi orang terinfeksi dengan cepat, dan penggunaan alat pelindung diri yang memenuhi standar di tempat kerja yang berisiko terkena wabah. Selain itu, pencegahan secara mandiri juga dapat dilakukan dengan menerapkan pola hidup bersih dan sehat, meningkatkan imun tubuh, dan meminimalisir kontak dengan orang lain.

3. Simpulan

SARS-CoV-2 termasuk Genus Betacoronavirus (Beta-CoV) dalam Famili Coronaviridae yang dikenal sebagai penyebab beberapa penyakit zoonosis mematikan. Genom SARS-CoV-2 memiliki kesamaan dengan Beta-CoV yang ditemukan pada kelelawar *Rhinolophus affinis* dengan kemiripan 96.2%. SARS-CoV-2 menggunakan reseptor ACE-2 untuk menginfeksi sel

inangnya dan memiliki afinitas terhadap ACE-2 lebih tinggi dibandingkan SARS-CoV. Kelelawar tidak menularkan SARS-CoV-2 langsung ke manusia tetapi melalui inang antara yang diduga adalah trenggiling. Mayoritas transmisi SARS-CoV-2 terjadi dari manusia ke manusia melalui droplet yang mengandung virus. Pemusnahan kelelawar bukan langkah tepat dalam memutus rantai penularan Covid-19 dan justru berpotensi menimbulkan permasalahan baru yang lebih kompleks. Langkah yang dapat dilakukan untuk mencegah munculnya infeksi virus zoonosis oleh kelelawar adalah menghindari kontak langsung dengan kelelawar, tidak mengkonsumsi kelelawar dan sisa makanan kelelawar, dan menjaga habitat kelelawar.

Referensi

- Allocati, N., Petrucci, A. G., Di Giovanni, P., Masulli, M., Di Ilio, C., & De Laurenzi, V. (2016). Bat–man disease transmission: zoonotic pathogens from wildlife reservoirs to human populations. *Cell Death Discovery*, 2, 1–7.
- Andersen, K. G., Rambaut, A., Lipkin, W. I., Holmes, E. C., & Garry, R. F. (2020). The proximal origin of SARS-CoV-2. *Nature Medicine*, 26, 450–452.
- Balasuriya, B. W. N., & Rupasinghe, H. P. V. (2011). Plant flavonoids as angiotensin converting enzyme inhibitors in regulation of hypertension. *Functional Foods in Health and Disease*, 1(5), 172–188.
- Cahyadi, G., & Arifin, U. (2019). Potential and Challenges on Amphibians and Reptiles Research in West Java. *Jurnal Biodjati*, 4(2), 149–162.
- Calisher, C. H., Childs, J. E., Field, H. E., Holmes, K. V., & Schountz, T. (2006). Bats: Important reservoir hosts of emerging viruses. *Clinical Microbiology Reviews*, 19(3), 531–545.
- Chan, J. F. W., Yuan, S., Kok, K. H., To, K. K. W., Chu, H., Yang, J., ... Yuen, K. Y. (2020). A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster Jasper. *The Lancet*, 395, 514–523.
- Chhikara, B. S., Rathi, B., Singh, J., & Poonam. (2020). Corona virus SARS-CoV-2 disease COVID-19: Infection, prevention and clinical advances of the prospective chemical drug therapeutics: A review on Corona Virus Disease COVID-19, epidemiology, prevention, and anticipated therapeutic advances. *Chemical Biology Letters*, 7(1), 63–72.
- Drosten, C., Günther, S., Preiser, W., Van der Werf, S., Brodt, H. R., Becker, S., ... Doerr, H. W. (2003). Identification of a novel coronavirus in patients with severe acute respiratory syndrome. *New England Journal of Medicine*, 348(20), 1967–1976.
- Fan, Y., Zhao, K., Shi, Z., & Zhou, P. (2019). Bat Coronaviruses in China. *Viruses*, 11(3), 1–14.
- Fehr, A. R., & Perlman, S. (2015). Coronaviruses: An Overview of Their Replication and Pathogenesis. In *Coronaviruses: Methods and protocols* (Maier, Hel, pp. 1–282).
- Gralinski, L. E., & Menachery, V. D. (2020). Return of the coronavirus: 2019-nCoV. *Viruses*, 12, 1–8.
- Guo, Y. R., Cao, Q. D., Hong, Z. S., Tan, Y. Y., Chen, S. D., Jin, H. J., ... Yan, Y. (2020). The origin, transmission and clinical therapies on coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak- A n update on the status. *Military Medical Research*, 7(11), 1–10.
- Han, H. J., Wen, H. ling, Zhou, C. M., Chen, F. F., Luo, L. M., Liu, J. wei, & Yu, X. J. (2015). Bats as reservoirs of severe emerging infectious diseases. *Virus Research*, 205, 1–6.
- Hayman, D. T. S., Bowen, R. A., Cryan, P. M., Mccracken, G. F., O’Shea, T. J., Peel, A. J., ... Wood, J. L. N. (2013). Ecology of Zoonotic Infectious Diseases in Bats: Current Knowledge and Future Directions. *Zoonoses and Public Health*, 60(1), 2–21.
- Jones, K. E., Patel, N. G., Levy, M. A., Storeygard, A., Balk, D., Gittleman, J. L., & Daszak, P. (2008). Global trends in emerging infectious diseases. *Nature*, 451, 990–994.

- Kurniawan, I. D., & Rahmadi, C. (2019). *Ekologi Gua Wisata*. Yogyakarta: Graha Ilmu.
- Lam, T. T. Y., Shum, M. H. H., Zhu, H. C., Tong, Y. G., Ni, X. B., Liao, Y. S., ... Guan, Y. (2020). Identifying SARS-CoV-2 related coronaviruses in Malayan pangolins. *Nature*, 1–7.
- Maryanto, I., Kamsi, M., Achmadi, A. S., Wiantoro, S., Sulistyadi, E., Yoneda, M., ... Sugardjito, J. (2019). *Checklist of the mammals of Indonesia* (3rd ed.). Bogor: Research Center For Biology, Indonesian Institute of Sciences (LIPI).
- Olival, K. J., Hosseini, P. R., Zambrana-Torrel, C., Ross, N., Bogich, T. L., & Daszak, P. (2017). Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals. *Nature*, 546, 646–650.
- Paujiah, E., Solihin, D. D., & Affandi, R. (2019). Community Structure of Fish and Environmental Characteristics in Cisadea River, West Java, Indonesia. *Jurnal Biodjati*, 4(2), 278–290.
- Shereen, M. A., Khan, S., Kazmi, A., Bashir, N., & Siddique, R. (2020). COVID-19 infection: Origin, transmission, and characteristics of human coronaviruses. *Journal of Advanced Research*, 24, 91–98.
- Valitutto, M. T., Aung, O., Tun, K. Y. N., Vodzak, M. E., Zimmerman, D., Yu, J. H., ... Mazet, J. (2020). Detection of novel coronaviruses in bats in Myanmar. *PLoS ONE*, April 9, 1–11.
- Wang, L. F., Shi, Z., Zhang, S., Field, H., Daszak, P., & Eaton, B. T. (2006). Review of bats and SARS. *Emerging Infectious Diseases*, 12(12), 1834–1840.
- Wang, Z., Qiang, W., & Ke, H. (2020). *A Handbook of 2019-nCoV Pneumonia Control and Prevention*. China: Hubei Science and Technologi Press.
- Wassenaar, T. M., & Zou, Y. (2020). 2019_nCoV/SARS-CoV-2: rapid classification of betacoronaviruses and identification of Traditional Chinese Medicine as potential origin of zoonotic coronaviruses. *Letters in Applied Microbiology*, 70, 342–348.
- Widiana, A., Hasby, R. M., & Uriawan, W. (2018). Distribusi dan estimasi populasi Surili (*Presbytis comata*) di Kamojang Kabupaten Garut Jawa Barat. *Al-Kauniyah: Jurnal Biologi*, 11(2), 116–121.
- Wong, A. C. P., Li, X., Lau, S. K. P., & Woo, P. C. Y. (2019). Global epidemiology of bat coronaviruses. *Viruses*, 11(2), 1–17.
- Wu, D., Wu, T., Liu, Q., & Yang, Z. (2020). The SARS-CoV-2 outbreak: what we know. *International Journal of Infectious Diseases*, 94, 44–48.
- Wu, F., Zhao, S., Yu, B., Chen, Y. M., Wang, W., Song, Z. G., ... Zhang, Y. Z. (2020). A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. *Nature*, 579(7798), 265–269.
- Wu, J. T., Leung, K., & Leung, G. M. (2020). Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study. *The Lancet*, 395, 689–697.
- Xu, X., Chen, P., Wang, J., Feng, J., Zhou, H., Li, X., ... Hao, P. (2020). Evolution of the novel coronavirus from the ongoing Wuhan outbreak and modeling of its spike protein for risk of human transmission. *Science China Life Sciences*, 63(3), 457–460.
- Zaki, A. M., Van Boheemen, S., Bestebroer, T. M., Osterhaus, A. D. M. E., & Fouchier, R. A. M. (2012). Isolation of a novel coronavirus from a man with pneumonia in Saudi Arabia. *New England Journal of Medicine*, 367(19), 1814–1820.
- Zheng, J. (2020). SARS-CoV-2: an Emerging Coronavirus that Causes a Global Threat. *International Journal of Biological Sciences*, 16, 1678–1685.
- Zhou, P., Yang, X. Lou, Wang, X. G., Hu, B., Zhang, L., Zhang, W., ... Shi, Z. L. (2020). A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*, 579(7798), 270–273.

Biografi Penulis



Isma Dwi Kurniawan, dilahirkan di Gunungkidul pada 11 Juni 1992. Gelar sarjana diperoleh di Jurusan Pendidikan Biologi UNY tahun 2014, sedangkan gelar magister diperolehnya di Fakultas Biologi UGM tahun 2017. Aktif dalam bidang kajian Biospeleologi (Biologi Gua). Pada tahun 2016, Ia bergabung dengan *Indonesian Speleological Society* dan aktif menjadi peneliti di organisasi tersebut. Selain itu, Ia juga menjadi bagian dari *Asian Union of Speleology* sejak tahun 2017. Kajiannya di bidang Biospeleologi berhasil mengantarkannya mengikuti berbagai kegiatan bertaraf Internasional termasuk Kongres Internasional Speleologi ke-17.



Yani Suryani, dilahirkan di Ciamis pada 18 Mei 1972. Pada tahun 1996, menyelesaikan program S1 di Jurusan Pendidikan Biologi FPMIPA IKIP Bandung, pada tahun 2001 menyelesaikan program S2 di Jurusan Biologi FMIPA ITB dan pada tahun 2014 telah menyelesaikan program doktornya di Biologi FMIPA UNPAD. Sejak tahun 1998 sampai 2019 telah mengikuti berbagai pelatihan profesional. Sedikitnya beliau telah menulis 6 buku dan 47 karya ilmiah telah terbit baik di jurnal maupun prosiding. Beliau saat ini merupakan peneliti dan dosen di Fakultas Sains dan Teknologi dengan bidang keahlian Mikrobiologi.



Astuti Kusumorini, dilahirkan di Magelang pada 14 April 1968. Menyelesaikan pendidikan dasar dan menengahnya di Kota Magelang. Pada tahun 1993 menyelesaikan S1 di Jurusan Biologi Fakultas Biologi UGM. Pada tahun 2011, beliau menyelesaikan program S2 di Jurusan Biologi SITH ITB dan saat ini sedang menempuh program S3 di UNPAD. Sudah lebih dari 12 karya ilmiah dimuat di berbagai prosiding dan jurnal.



Rahmat Taufiq Mustahiq Akbar, dilahirkan di Garut pada 07 Februari 1990 dan menyelesaikan pendidikan dasar dan menengahnya di tanah kelahirannya. Ia kemudian melanjutkan S1 di Jurusan Biologi UIN Sunan Gunung Djati Bandung. Magister ilmu lingkungan telah diselesaikannya pada tahun 2017 di UNPAD. Pelatihan profesional dan berbagai kegiatan konservasi lingkungan telah banyak diikuti dan saat ini banyak melakukan kajian terkait Ekologi Perairan.