



LITERATURE REVIEW: KARAKTERISTIK DAN DISTRIBUSI CORONAVIRUS PADA KELELAWAR SEBAGAI RESERVOIR ALAMI

¹*Desrinda Dwi Adinda Putri, ²Sugiyono Saputra, ¹Dwi Hilda Putri,

¹Departemen Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Padang, Sumatera Barat, Indonesia.

²Pusat Riset Mikrobiologi Terapan, Badan Riset dan Inovasi Nasional (BRIN), Cibinong, Jawa Barat, Indonesia.

*Corresponding author E-mail: ddesrinda@gmail.com

DOI : <https://doi.org/10.30605/azkxbc74>

Accepted : 10 April 2026 Approved : 28 April 2026 Published : 29 April 2026

Abstrak

Coronavirus merupakan virus RNA untai tunggal positif yang memiliki keragaman genetik tinggi dan mampu berevolusi melalui mutasi serta rekombinasi. Kelelawar diketahui sebagai reservoir alami coronavirus karena memiliki sistem imun yang unik serta karakteristik ekologi yang mendukung penyebaran virus. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis dan mensintesis berbagai hasil penelitian mengenai karakteristik dan distribusi coronavirus pada kelelawar. Metode yang digunakan adalah literature review dengan mengumpulkan artikel dari Google Scholar, PubMed, dan ScienceDirect dalam sepuluh tahun terakhir. Hasil kajian menunjukkan bahwa coronavirus pada kelelawar memiliki keragaman genetik yang tinggi, terutama pada kelompok Alphacoronavirus dan Betacoronavirus, serta tersebar luas di berbagai wilayah, khususnya Asia Tenggara. Beberapa penelitian juga menunjukkan adanya potensi transmisi lintas spesies (spillover) yang dipengaruhi oleh adaptasi virus dan faktor lingkungan. Kesimpulannya, kelelawar berperan penting dalam menjaga keragaman dan distribusi coronavirus, sehingga diperlukan pemantauan yang berkelanjutan untuk mencegah munculnya penyakit zoonotik di masa depan.

Kata kunci: *coronavirus kelelawar, zoonosis, keragaman genetik, distribusi, reservoir*

PENDAHULUAN

Coronavirus merupakan kelompok virus RNA untai tunggal positif (+ssRNA) yang termasuk dalam famili *Coronaviridae* dan dikenal memiliki ukuran genom yang relatif besar dibandingkan virus RNA lainnya, yaitu sekitar 26–32 kilobase (Yadav et al., 2021). Coronavirus memiliki kemampuan evolusi yang tinggi melalui mekanisme mutasi dan rekombinasi genetik, sehingga memungkinkan terbentuknya varian baru dengan karakteristik biologis yang berbeda (Wulandari, 2021). Beberapa dekade terakhir, perhatian terhadap coronavirus meningkat secara signifikan seiring dengan munculnya penyakit zoonotik seperti Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS), Middle East Respiratory Syndrome (MERS), dan Coronavirus Disease 2019 (COVID19) yang berdampak luas terhadap kesehatan global (Maharani et al., 2025).

Kelelawar dikenal sebagai salah satu reservoir alami berbagai virus zoonotik, termasuk coronavirus. Sebagai reservoir, kelelawar mampu membawa virus tanpa menunjukkan gejala klinis yang signifikan, sehingga berperan penting dalam mempertahankan keberadaan virus di alam (Boanerges et al., 2025). Keunikan sistem imun kelelawar, kemampuan terbang, serta pola hidup berkoloni dalam jumlah besar menjadikan kelelawar sebagai inang yang sesuai bagi keberlangsungan dan penyebaran virus. Selain itu, distribusi geografis kelelawar yang sangat luas dan keanekaragaman spesies yang tinggi turut berkontribusi terhadap tingginya keragaman virus yang dibawanya (Banerjee et al., 2019).

Berbagai penelitian menunjukkan bahwa coronavirus yang ditemukan pada kelelawar memiliki keanekaragaman genetik yang sangat tinggi, khususnya dalam kelompok *Alphacoronavirus* dan *Betacoronavirus* (Chidoti et al., 2022). Analisis molekuler, terutama berbasis gen RNA-dependent RNA polymerase (RdRp), sering digunakan untuk mengidentifikasi dan mengklasifikasikan virus ini karena sifatnya yang relatif konservatif. Variasi pada gen yang mengkode protein spike (S) menunjukkan adanya adaptasi terhadap berbagai jenis inang, yang berpotensi memfasilitasi terjadinya transmisi lintas spesies (spillover) (Yeriska et al., 2021). Fenomena ini menjadi perhatian penting karena dapat memicu

munculnya penyakit infeksi baru pada manusia maupun hewan.

Distribusi coronavirus pada kelelawar telah dilaporkan mencakup berbagai wilayah di dunia, termasuk Asia, Afrika, Eropa, dan Amerika. Kawasan Asia, khususnya Asia Tenggara, dikenal sebagai hotspot keanekaragaman kelelawar sekaligus pusat keragaman coronavirus (Ruiz-Aravena et al., 2022). Faktor ekologis seperti perubahan lingkungan, deforestasi, dan interaksi antara manusia dengan satwa liar diduga turut memengaruhi dinamika penyebaran virus ini. Selain itu, mobilitas kelelawar yang tinggi memungkinkan terjadinya penyebaran virus antar wilayah, sehingga memperluas jangkauan distribusi coronavirus secara global (Cohen et al., 2023).

Sebagai reservoir alami, kelelawar memainkan peran penting dalam siklus hidup dan evolusi coronavirus. Virus dapat bertahan dalam populasi kelelawar dalam jangka waktu lama tanpa menyebabkan kematian massal, sehingga menciptakan keseimbangan antara inang dan patogen (Banerjee et al., 2019). Perubahan kondisi lingkungan atau meningkatnya kontak antara manusia dan kelelawar dapat meningkatkan risiko terjadinya spillover, yaitu perpindahan virus dari hewan ke manusia, baik secara langsung maupun melalui inang perantara (Septiyani et al., 2025). Oleh karena itu, pemahaman mengenai karakteristik dan distribusi coronavirus pada kelelawar menjadi sangat penting dalam upaya pencegahan dan pengendalian penyakit zoonotik.

Review artikel ini disusun dengan tujuan untuk menganalisis, membandingkan, dan mensintesis berbagai temuan penelitian mengenai karakteristik dan distribusi coronavirus pada kelelawar sebagai reservoir alami, serta mengidentifikasi faktor-faktor yang mempengaruhi keragaman genetik dan penyebarannya, guna memberikan pemahaman yang komprehensif serta menjadi dasar dalam upaya pencegahan dan pengendalian penyakit zoonotik di masa depan.

METODE

Artikel review ini disusun dengan menggunakan pendekatan kajian *literature review* yang berfokus pada karakteristik dan distribusi coronavirus pada kelelawar sebagai

reservoir alami. Proses pencarian literatur dilakukan melalui beberapa basis data ilmiah, seperti Google Scholar, PubMed, dan ScienceDirect. Proporsi sumber literatur yang digunakan berasal dari Google Scholar ($\pm 50\%$), PubMed ($\pm 30\%$), dan ScienceDirect ($\pm 20\%$), sehingga memastikan data yang diperoleh bersifat kredibel dan relevan. Pencarian dilakukan dengan menggunakan kombinasi kata kunci yang relevan, antara lain “bat coronavirus”, “coronavirus in bats”, “bat as reservoir coronavirus”, “distribution of bat coronavirus”, “genetic diversity of bat coronavirus”, serta “zoonotic coronavirus in bats”. Pencarian literatur difokuskan pada artikel yang dipublikasikan dalam kurun waktu 10 tahun terakhir, baik dalam bahasa Inggris maupun bahasa Indonesia, untuk memastikan data yang digunakan bersifat terbaru dan relevan dengan perkembangan penelitian saat ini.

Proses seleksi artikel dilakukan secara bertahap. Dari hasil pencarian awal diperoleh sekitar 50–100 artikel. Artikel kemudian diseleksi berdasarkan judul dan abstrak untuk memastikan kesesuaian dengan topik penelitian. Artikel yang tidak relevan dieliminasi, kemudian dilakukan penyaringan lanjutan berdasarkan kesesuaian topik, metode penelitian, serta kelengkapan data yang

disajikan. Artikel yang memenuhi kriteria awal selanjutnya diunduh dan dianalisis secara mendalam guna mengevaluasi kualitas serta relevansinya terhadap tujuan kajian. Setelah melalui proses seleksi dan evaluasi, diperoleh 10 artikel yang memenuhi kriteria untuk dianalisis lebih lanjut. Data yang dikumpulkan dari masing-masing artikel meliputi judul penelitian, nama penulis, tahun publikasi, jenis sampel (spesies kelelawar), metode penelitian, serta hasil utama penelitian terkait karakteristik dan distribusi coronavirus. Data-data tersebut kemudian disusun dalam bentuk tabel untuk memudahkan proses analisis dan sintesis.

HASIL PENELITIAN

Berdasarkan penelusuran literatur yang telah dilakukan, diperoleh berbagai informasi dari sejumlah penelitian terkait karakteristik dan distribusi coronavirus pada kelelawar sebagai reservoir alami. Dalam bagian ini akan dijelaskan temuan utama dari setiap artikel yang dikaji, kemudian dianalisis secara menyeluruh untuk mengidentifikasi pola keragaman genetik, metode deteksi yang digunakan, serta distribusi geografis coronavirus pada berbagai spesies kelelawar. Ringkasan hasil dari sepuluh jurnal atau karya ilmiah yang telah dianalisis disajikan dalam tabel berikut:

No	Judul Penelitian	Jenis Sampel	Tahapan Penelitian	Hasil Penelitian	Referensi
1	A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin	Manusia (BALF, swab oral/anal, darah)	RT-PCR, qPCR, NGS, isolasi virus, filogenetik, uji serologi	SARS-CoV-2 diidentifikasi sebagai penyebab pneumonia di Wuhan dengan kemiripan $\pm 96\%$ terhadap coronavirus kelelawar. Virus mampu menginfeksi sel manusia melalui reseptor ACE2 dan memicu respons antibodi, mendukung asal zoonotik	(Zhou et al., 2020)
2	Evidence for SARS-CoV-2 related coronaviruses circulating in bats and pangolins in Southeast Asia	Kelelawar dan trenggiling (swab rektal, serum)	PCR, sequencing, filogenetik, uji serologi	Ditemukan virus terkait SARS-CoV-2 pada kelelawar serta antibodi pada kelelawar dan trenggiling, menunjukkan adanya paparan virus dan memperluas distribusi geografisnyamemperluas pemahaman distribusi geografis coronavirus terkait SARS-CoV-2.	(Wacharaplu esadee et al., 2021)

3	Bat coronaviruses related to SARS-CoV-2 and infectious for human cells	Kelelawar (darah, saliva, feses, urin)	RT-PCR, sequencing, analisis struktur RBD, uji reseptor ACE2	Ditemukan coronavirus kelelawar dengan kemiripan tinggi pada RBD yang mampu berikatan dengan reseptor ACE2 manusia dan menginfeksi sel, menunjukkan potensi zoonotik tinggi.	(Temmam et al., 2022)
4	Origin and cross-species transmission of bat coronaviruses in China	Kelelawar (swab rektal, data genom)	Sequencing, filogenetik, analisis evolusi	Coronavirus pada kelelawar menunjukkan keragaman genetik tinggi dan sering mengalami perpindahan antarspesies. Genus <i>Rhinolophus</i> diidentifikasi sebagai reservoir utama dan wilayah dengan keanekaragaman tinggi berpotensi menjadi hotspot zoonosis.	(Latinne et al., 2024)
5	Co-circulation of alpha- and beta-coronaviruses in <i>Pteropus vampyrus</i> flying foxes from Indonesia	Kelelawar (feses)	NGS, PCR, Sequencing, filogenetik	Ditemukan adanya ko-sirkulasi alphacoronavirus dan betacoronavirus dalam satu koloni <i>Pteropus vampyrus</i> . Analisis filogenetik mengidentifikasi beberapa subgenus seperti Nobecovirus, Decacovirus, dan Pedacovirus. Tingginya keragaman virus ini menunjukkan potensi rekombinasi genetik serta meningkatkan risiko transmisi zoonosis ke manusia.	(Ch'ng et al., 2022)
6	Bat coronavirus phylogeography in the Western Indian Ocean	Kelelawar (berbagai spesies dari beberapa wilayah; sampel jaringan/biologis)	RT-PCR, sequencing, filogenetik, analisis prevalensi	Dari 1.013 sampel, 8,7% positif coronavirus. Ditemukan keragaman tinggi α dan β -CoV serta hubungan ko-evolusi dengan inang. Host-switching terbatas terjadi pada spesies yang berbagi habitat.	(Joffrin et al., 2020)
7	Phylogenetic Analysis and Mutation of SARS-CoV-2 in Bats in Karst Malang City, Indonesia	Kelelawar (organ: usus, paru, darah, dll)	RNA extraction, Real-Time PCR, sequencing, analisis mutasi, filogenetik	Ditemukan hanya satu sampel usus dari <i>Cynopterus brachyotis</i> yang terdeteksi positif SARS-CoV-2. Analisis genetik menunjukkan adanya variasi pada bagian receptor binding domain (RBD) protein spike yang merupakan bagian paling variabel. Temuan ini mengindikasikan adanya mutasi genetik yang berpotensi memengaruhi kemampuan virus dalam beradaptasi dan berikatan dengan reseptor inang.	(Keman et al., 2024)

8	Deteksi coronavirus pada kelelawar di Kabupaten Lamongan	Kelelawar (swab orofaring)	Sampling, isolasi RNA, RT-PCR, sequencing	Seluruh sampel menunjukkan hasil negatif terhadap coronavirus. Namun, hasil ini tidak menutup kemungkinan keberadaan virus karena keterbatasan jumlah sampel dan lokasi penelitian. Diperlukan studi lanjutan dengan cakupan lebih luas.	(Tamam et al., 2022)
9	Molecular detection of bat coronaviruses in three bat species in Indonesia	Kelelawar (swab rektal, serum)	RT-PCR, ELISA, sequencing, filogenetik	Ditemukan BatCoV pada 72 dari 182 sampel (39,56%) pada beberapa spesies kelelawar. Virus termasuk kelompok coronavirus yang belum terklasifikasi. Namun, tidak ditemukan RNA maupun antibodi SARS-CoV-2, menunjukkan tidak adanya bukti infeksi SARS-CoV-2 pada sampel tersebut.	(Dharmayanti et al., 2021)
10	Recombination alters the receptor binding and furin cleavage site in novel bat-borne HKU5-CoV-2 coronavirus	Kelelawar	RT-PCR, sequencing, filogenetik	Penelitian menunjukkan tingginya keragaman genetik coronavirus serta hubungan erat dengan inang dan faktor geografis. Kelelawar berperan sebagai reservoir penting dalam dinamika evolusi virus.	(Yeh et al., 2025)

Pembahasan

Berdasarkan hasil kajian terhadap sepuluh artikel ilmiah, diketahui bahwa coronavirus pada kelelawar menunjukkan tingkat keragaman genetik yang sangat tinggi, terutama dalam kelompok Alphacoronavirus dan Betacoronavirus (Dharmayanti et al., 2021; Latinne et al., 2024). Keragaman ini dipengaruhi oleh kemampuan virus dalam mengalami mutasi dan rekombinasi genetik yang memungkinkan terbentuknya varian baru dengan karakteristik biologis yang berbeda. Hal ini sejalan dengan temuan bahwa rekombinasi pada coronavirus dapat mengubah kemampuan virus dalam berikatan dengan reseptor sel inang, sehingga meningkatkan potensi adaptasi terhadap spesies baru (Yeh et al., 2025).

Selain itu, hasil penelitian menunjukkan bahwa beberapa coronavirus yang ditemukan pada kelelawar memiliki kemiripan genetik yang tinggi dengan virus yang menginfeksi manusia, seperti SARS-CoV-2 (Wacharapluesadee et al., 2021; Zhou et al., 2020). Kemiripan ini mengindikasikan bahwa

kelelawar berperan sebagai reservoir alami utama yang berkontribusi dalam asal-usul virus zoonotik. Bahkan, penelitian eksperimental menunjukkan bahwa beberapa virus dari kelelawar mampu menginfeksi sel manusia secara *in vitro*, yang menegaskan adanya potensi spillover ke manusia (Temmam et al., 2022).

Dari sisi distribusi geografis, coronavirus pada kelelawar ditemukan tersebar luas di berbagai wilayah dunia, termasuk Asia, Eropa, dan Indonesia (Dharmayanti et al., 2021; Joffrin et al., 2020). Kawasan Asia, khususnya Asia Tenggara, menjadi wilayah dengan tingkat keragaman coronavirus yang tinggi, yang didukung oleh keanekaragaman spesies kelelawar serta kondisi ekologi yang mendukung (Wacharapluesadee et al., 2021). Di Indonesia, beberapa penelitian menunjukkan bahwa coronavirus dapat ditemukan pada berbagai spesies kelelawar dan habitat yang berbeda, baik di daerah hutan maupun area yang berdekatan dengan aktivitas manusia (Keman et al., 2024; Tamam et al., 2022).

Faktor ekologis dan perilaku kelelawar juga berperan penting dalam distribusi dan dinamika penyebaran virus. Mobilitas kelelawar yang tinggi memungkinkan terjadinya penyebaran virus antar wilayah, sementara pola hidup berkoloni meningkatkan peluang transmisi intra-spesies (Joffrin et al., 2020). Selain itu, perubahan lingkungan seperti deforestasi dan urbanisasi dapat meningkatkan interaksi antara manusia dan kelelawar, sehingga memperbesar risiko terjadinya transmisi lintas spesies (Latinne et al., 2024).

Sintesis dari berbagai penelitian juga menunjukkan bahwa dalam satu populasi kelelawar dapat terjadi ko-sirkulasi beberapa jenis coronavirus sekaligus, seperti Alphacoronavirus dan Betacoronavirus (Ch'ng et al., 2022). Kondisi ini meningkatkan peluang terjadinya rekombinasi genetik antar virus yang berbeda, yang pada akhirnya dapat menghasilkan varian baru dengan potensi patogenisitas yang lebih tinggi. Sehingga, keberadaan kelelawar sebagai reservoir alami tidak hanya penting dalam mempertahankan virus di alam, tetapi juga berperan dalam evolusi virus itu sendiri.

Secara keseluruhan, hasil kajian ini menegaskan bahwa karakteristik coronavirus pada kelelawar yang meliputi keragaman genetik tinggi, kemampuan adaptasi, serta distribusi geografis yang luas menjadikan virus ini berpotensi besar sebagai sumber penyakit zoonotik di masa depan. Oleh karena itu, diperlukan upaya pengawasan (*surveillance*) yang berkelanjutan serta penelitian lebih lanjut untuk memahami dinamika evolusi virus dan mencegah terjadinya wabah baru di masa mendatang.

SIMPULAN DAN SARAN

Secara keseluruhan, hasil perbandingan sepuluh penelitian yang dikaji menunjukkan bahwa karakteristik coronavirus pada kelelawar dipengaruhi oleh evolusi virus melalui mutasi, rekombinasi, serta interaksi antara virus, inang, dan lingkungan. Tingginya keragaman genetik, khususnya pada Alphacoronavirus dan Betacoronavirus, meningkatkan kemampuan adaptasi virus dan potensi terjadinya transmisi lintas spesies (*spillover*). Virus ini juga memiliki distribusi geografis yang luas, dengan Asia Tenggara sebagai hotspot utama, yang dipengaruhi oleh faktor ekologis seperti keanekaragaman spesies, habitat, dan mobilitas

kelelawar. Selain itu, ko-sirkulasi beberapa jenis coronavirus dalam satu populasi meningkatkan peluang rekombinasi genetik dan potensi infektivitas virus.

Penelitian selanjutnya sebaiknya lebih fokus pada analisis gen coronavirus, terutama bagian yang berperan dalam proses infeksi. Selain itu, penggunaan teknologi seperti NGS bisa membantu mendeteksi virus dengan lebih akurat. Perlu juga dilakukan pemantauan (*surveilans*) secara rutin dengan pendekatan *One Health*, serta memperhatikan faktor lingkungan, agar potensi penularan dari hewan ke manusia bisa dideteksi dan dicegah lebih awal, terutama di wilayah seperti Indonesia yang memiliki keanekaragaman hayati tinggi.

DAFTAR RUJUKAN

- Banerjee, A., Kulcsar, K., Misra, V., Frieman, M., & Mossman, K. (2019). Bats and coronaviruses. *Viruses*, *11*(1). <https://doi.org/10.3390/v11010041>
- Boanerges, A., Shabirah, R. M., & Sopiah, P. (2025). Perbandingan Mekanisme Klinis yang Disebabkan oleh Kelelawar Terhadap Sars-Cov-2 dan Ebola: Comparison of Clinical Mechanism Caused by Bats Against Sars-Cov-2 and Ebola. *Jurnal Ilmiah Keperawatan (Scientific Journal of Nursing)*, *11*(2), 196–208.
- Chidoti, V., De Nys, H., Pinarello, V., Mashura, G., Missé, D., Guerrini, L., Pfukenyi, D., Cappelle, J., Chiweshe, N., Ayouba, A., Matope, G., Peeters, M., Gori, E., Bourgarel, M., & Liégeois, F. (2022). Longitudinal Survey of Coronavirus Circulation and Diversity in Insectivorous Bat Colonies in Zimbabwe. *Viruses*, *14*(4). <https://doi.org/10.3390/v14040781>
- Ch'ng, L., Tsang, S. M., Ong, Z. A., Low, D. H. W., Wiantoro, S., Smith, I. L., Simmons, N. B., Su, Y. C. F., Lohman, D. J., Smith, G. J. D., & Mendenhall, I. H. (2022). Co-circulation of alpha- and beta-coronaviruses in *Pteropus vampyrus* flying foxes from Indonesia. *Transboundary and Emerging Diseases*, *69*(6), 3917–3925. <https://doi.org/10.1111/tbed.14762>
- Cohen, L. E., Fagre, A. C., Chen, B., Carlson, C. J., & Becker, D. J. (2023). Coronavirus sampling and surveillance in bats from

- 1996–2019: a systematic review and meta-analysis. *Nature Microbiology*, 8(6), 1176–1186.
<https://doi.org/10.1038/s41564-023-01375-1>
- Dharmayanti, N. L. P. I., Nurjanah, D., Nuradji, H., Maryanto, I., Exploitasia, I., & Indriani, R. (2021). Molecular detection of bat coronaviruses in three bat species in Indonesia. *Journal of Veterinary Science*, 22, 1–12.
<https://doi.org/10.4142/jvs.2021.22.e70>
- Joffrin, L., Goodman, S. M., Wilkinson, D. A., Ramasindrazana, B., Lagadec, E., Gomard, Y., Le Minter, G., Dos Santos, A., Corrie Schoeman, M., Sookhareea, R., Tortosa, P., Julienne, S., Gudo, E. S., Mavingui, P., & Lebarbenchon, C. (2020). Bat coronavirus phylogeography in the Western Indian Ocean. *Scientific Reports*, 10(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-020-63799-7>
- Keman, S., Hadi, M. I., Suprayogi, D., & Mirasa, Y. A. (2024). PHYLOGENETIC ANALYSIS AND MUTATION OF SARS-COV-2 IN BATS IN KARST MALANG CITY, INDONESIA. *Jurnal Kesehatan Lingkungan*, 16(2), 173–180.
<https://doi.org/10.20473/jkl.v16i2.2024.173-180>
- Latinne, A., Hu, B., Olival, K. J., Zhu, G., Zhang, L. B., Li, H., Chmura, A. A., Field, H. E., Zambrana-Torrel, C., Epstein, J. H., Li, B., Zhang, W., Wang, L. F., Shi, Z. L., & Daszak, P. (2024). Origin and cross-species transmission of bat coronaviruses in China. *Nature Communications*, 15(1).
<https://doi.org/10.1038/s41467-024-55384-7>
- Maharani, N. B., Fadillah, A. A. P., & Kabubu, R. D. (2025). Wabah Corona dan Politik Kesehatan: Studi Perbandingan Penanganan SARS, MERS, dan Covid-19. *Menulis: Jurnal Penelitian Nusantara*, 1(5), 341–350.
<https://doi.org/10.59435/menulis.v1i5.234>
- Ruiz-Aravena, M., McKee, C., Gamble, A., Lunn, T., Morris, A., Snedden, C. E., Yinda, C. K., Port, J. R., Buchholz, D. W., Yeo, Y. Y., Faust, C., Jax, E., Dee, L., Jones, D. N., Kessler, M. K., Falvo, C., Crowley, D., Bharti, N., Brook, C. E., ... Plowright, R. K. (2022). Ecology, evolution and spillover of coronaviruses from bats. *Nature Reviews Microbiology*, 20(5), 299–314.
<https://doi.org/10.1038/s41579-021-00652-2>
- Septiyani, Windria, S., & Krissanti, I. (2025). Edukasi Penularan Penyakit Zoonosis dari Bahan Pangan asal Hewan pada Masyarakat di Wilayah Antapani Bandung. *Farmers: Journal of Community Services*, 6(1), 85–89.
- Tamam, M. B., Ramadani, A. H., & Mahbubillah, M. A. (2022). Deteksi coronavirus pada kelelawar di Kabupaten Lamongan. *Livestock and Animal Research*, 20(1), 83.
<https://doi.org/10.20961/lar.v20i1.56667>
- Temmam, S., Vongphayloth, K., Baquero, E., Munier, S., Bonomi, M., Regnault, B., Douangboubpha, B., Karami, Y., Chrétien, D., Sanamxay, D., Xayaphet, V., Paphaphanh, P., Lacoste, V., Somlor, S., Lakeomany, K., Phommavanh, N., Pérot, P., Dehan, O., Amara, F., ... Eloit, M. (2022). Bat coronaviruses related to SARS-CoV-2 and infectious for human cells. *Nature*, 604(7905), 330–336.
<https://doi.org/10.1038/s41586-022-04532-4>
- Wacharapluesadee, S., Tan, C. W., Maneorn, P., Duengkae, P., Zhu, F., Joyjinda, Y., Kaewpom, T., Chia, W. N., Ampoot, W., Lim, B. L., Worachotsueptrakun, K., Chen, V. C. W., Sirichan, N., Ruchisrisarod, C., Rodpan, A., Noradechanon, K., Phaichana, T., Jantararat, N., Thongnumchaima, B., ... Wang, L. F. (2021). Evidence for SARS-CoV-2 related coronaviruses circulating in bats and pangolins in Southeast Asia. *Nature Communications*, 12(1).
<https://doi.org/10.1038/s41467-021-21240-1>
- Wulandari, D. (2021). *Mutasi Genetik Virus SARS COV-2 dan Dampaknya pada Pemeriksaan Laboratorium dan Vaksinasi*. Pendidikan Berkesinambungan Patologi Klinik 2021: Challenges and Opportunities in COVID-19 Laboratory Testing.
- Yadav, R., Chaudhary, J. K., Jain, N., Chaudhary, P. K., Khanra, S., Dhamija, P., Sharma, A., Kumar, A., & Handu, S. (2021). Role of structural and non-

- structural proteins and therapeutic targets of SARS-CoV-2 for COVID-19. *Cells*, *10*(4), 821. <https://doi.org/10.3390/cells10040821>
- Yeh, T.-Y., Tsai, V., Liao, S. M., Hong, C.-E., Kuo, F.-Y., Wang, Y. C., Feehley, M. C., Feehley, P. J., Lai, Y.-C., & Contreras, G. P. (2025). Recombination alters the receptor binding and furin cleavage site in novel bat-borne HKU5-CoV-2 coronavirus. *Microbiology Spectrum*, *13*(10). <https://doi.org/10.1128/spectrum.01420-25>
- Yeriska, F., Umar, M. Z., Hijriah, N. W., Fadhlurrohman, R., & Achyar, A. (2021). Analisis Variasi Genetik Sekuen Gen Pengkode Protein Spike Virus MERS-CoV (PopSet : 1843801421) Menggunakan RFLP Secara In Silico. *Prosiding Seminar Nasional Biologi*, *1*(2), 898–906.
- Zhou, P., Yang, X. Lou, Wang, X. G., Hu, B., Zhang, L., Zhang, W., Si, H. R., Zhu, Y., Li, B., Huang, C. L., Chen, H. D., Chen, J., Luo, Y., Guo, H., Jiang, R. Di, Liu, M. Q., Chen, Y., Shen, X. R., Wang, X., ... Shi, Z. L. (2020). A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*, *579*(7798), 270–273. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2012-7>