

Analisis Metagenomik Feses Gajah Sumatra (*Elephas maximus sumatranus*) dari Taman Margasatwa Ragunan Menggunakan Next-generation Sequencing (NGS) = Metagenomic Analysis of Sumatran Elephant (*Elephas maximus sumatranus*) Feces from Ragunan Zoo Using Next-generation Sequencing (NGS)

Farrah Nabilla Irfan, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920550192&lokasi=lokal>

Abstrak

Identifikasi komunitas mikrobiota menjadi salah satu pendekatan penting untuk meningkatkan kualitas hidup dan kesehatan gajah sumatra dalam konservasi exsitu. Penelitian ini memfokuskan pada analisis mikrobiota usus berdasarkan empat sampel feses (anak betina/jantan, induk betina/jantan) menggunakan Nextgeneration Sequencing dan analisis metagenomik. Analisis metagenomik yang mencakup alpha dan beta diversity memberikan pengetahuan terkait komposisi mikrobiota dari kelimpahan, pemerataan dan perbedaan diantara keempat sampel. Analisis alpha diversity menunjukkan variasi mikrobiota yang signifikan, dengan gajah jantan dewasa memiliki keanekaragaman dan kelimpahan mikrobiota tertinggi, sementara gajah betina dewasa menunjukkan keanekaragaman yang paling rendah. Analisis beta diversity menunjukkan gajah anak jantan memiliki perbedaan signifikan dari kedua gajah dewasa karena perbedaan umur yang signifikan. Komunitas mikrobiota didominasi oleh filum Bacillota (40-70%) dan Bacteroidota (20-40%), dengan Clostridia (~90%) menjadi kelas paling melimpah dalam Bacillota, sementara Sphingobacteriia (~50%) dan Bacteroidia (~50%) kelas dominan dalam Bacteroidota. Temuan ini mengindikasikan adanya variasi yang signifikan dalam komposisi mikrobiota usus di antara sampel, yang mungkin dipengaruhi oleh faktor seperti jenis makanan dan usia. Pemahaman lebih lanjut tentang hubungan ini penting untuk merancang strategi konservasi yang efektif guna meningkatkan kesehatan dan kesejahteraan gajah sumatra di lingkungan konservasi.

.....Identification of the microbiota community is an important approach to improve the quality of life and health of Sumatran elephants in ex-situ conservation contexts. This research focuses on analyzing gut microbiota based on four fecal samples (female/male child, female/male adults) using Next-generation Sequencing and metagenomic analysis. Alpha diversity analysis shows significant microbiota variation, with adult males having the highest diversity and abundance, while adult females exhibit lower diversity. Beta diversity analysis indicates moderate differences between female and male juveniles, with male juveniles significantly differing from both adult elephants. The prokaryotic community is dominated by Bacillota (40-70%) and Bacteroidota (20-40%), with Clostridia (~90%) being the most abundant group within Bacillota, and Sphingobacteriia (~50%) and Bacteroidia (~50%) dominant within Bacteroidota. These findings indicate significant variations in gut microbiota composition among samples, likely influenced by factors such as diet and age. Further understanding of these relationships is crucial for designing effective conservation strategies to enhance the health and well-being of Sumatran elephants in conservation environments.