

Genetic Diversity and Species Identification of Unhatched Sea Turtle Eggs from Southern Bali Hatcheries

I Gede Jose Dewana^{1*}, Ni Putu Dian Pertiwi^{1,2}, Yuliasuti¹, Ni Luh Astria Yusmalinda²,
Luh Putu Candra Apriliani², Ni Komang Rossa Sri Savitri², Rita Rachmawati³,
Andrianus Sembiring²

¹Jurusan Biologi dan Perikanan Kelautan, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Pendidikan Ganesha, Singaraja, Indonesia;

²Yayasan Biodiversitas Indonesia (Bionesia), Denpasar, Indonesia;

³Pusat Riset Konservasi Sumber Daya Laut dan Perairan Darat, Badan Riset dan Inovasi Nasional (BRIN), Bogor, Indonesia;

Article History

Received : August 04th, 2025

Revised : September 17th, 2025

Accepted : September 26th, 2025

*Corresponding Author: **I Gede**

Jose Dewana, Jurusan Biologi dan Perikanan Kelautan, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Pendidikan Ganesha, Singaraja, Bali, Indonesia;

Email:

josedewana13@gmail.com

Abstract: Genetic data of sea turtles in Southern Bali remains limited as most previous studies rely on adult or live samples, while unhatched eggs are rarely utilized as a genetic resource. This study aims to identify the species and genetic diversity of unhatched sea turtle eggs from conservation sites in Southern Bali using mitochondrial control region. A total of six non-viable eggs were analyzed through DNA extraction, PCR, sequencing, and data analysis using MEGA 11, NCBI BLAST, and DnaSP v6. The identification results revealed that all samples belonged to the species of *Lepidochelys olivacea* (olive ridley turtle), with sequence similarity ranging from 99.54% to 100% and query coverage of 89% to 99% compared to reference data from *GenBank*. Phylogenetic analysis showed that all samples clustered within the same *clade*, with intraspecific genetic distances ranging from 0 to 0.008. Genetic diversity analysis revealed a haplotype diversity (H_d) of 0.86667 and nucleotide diversity (π) of 0.00306, with a total of four distinct haplotypes and six polymorphic sites. These findings indicate that unhatched sea turtle eggs still contain viable genetic material for analysis and suggest that *Lepidochelys olivacea* is the dominant nesting species found in Southern Bali. This study carries important implications for advancing conservation policy, enhancing habitat protection, minimizing inbreeding risks, and strengthening the use of species identification through forensic genetics.

Keywords: Control region, DNA barcoding, genetic diversity, sea turtle, unhatched eggs.

Pendahuluan

Penyu salah satu kelompok reptil yang memiliki peran penting dalam menjaga keseimbangan ekosistem laut (Sudrajat *et al.*, 2023). Saat ini, semua jenis penyu dimasukkan ke dalam *red list* di IUCN (*International Union for Conservation of Nature*) dan Appendiks I CITES (*Convention on International Trade in Endangered Species*) yang berarti keberadaannya di alam telah terancam punah, sehingga segala bentuk pemanfaatan dan peredarannya harus dikendalikan (Utama *et al.*,

2023). Namun ancaman terhadap kelangsungan hidup penyu masih cukup tinggi, baik dari faktor alami seperti perubahan iklim, penyakit, dan ancaman predator (Ario *et al.*, 2016), maupun dari aktivitas manusia (faktor antropogenik) seperti degradasi habitat, tangkap tangan, dan perdagangan ilegal (Suryawan & Tehupeiory, 2023). Berbagai upaya konservasi penyu telah dilakukan, salah satunya adalah dengan memindahkan telur ke sarang semi alami (*hatchery*) (Umama *et al.*, 2020).

Wilayah pesisir Bali Selatan merupakan kawasan penting bagi aktivitas konservasi penyu

di Provinsi Bali yang memanfaatkan sistem penangkaran dan relokasi telur ke sarang semi alami. Teknik ini terbukti meningkatkan keberhasilan tetas tukik hingga 70-80% (Faddilah *et al.*, 2024; Umama *et al.*, 2020). Beberapa lokasi seperti Pantai Biaung, Pantai Sanur, dan Tanjung Benoa menjadi lokasi penangkaran semi alami yang aktif dalam kegiatan pelestarian penyu. Ketiga lokasi ini adalah sebagian dari pusat konservasi di Bali Selatan yang memainkan peran penting dalam mendukung upaya pelestarian penyu yang mendarat dan bertelur di wilayah tersebut. Meskipun upaya konservasi telah dilakukan, informasi genetik penyu di Bali Selatan masih terbatas.

Beberapa penelitian sebelumnya di Bali Selatan berfokus pada aspek seperti pengelolaan penangkaran, karakteristik habitat, persentase keberhasilan penetasan telur penyu, dan pengamatan morfologi (Firliansyah *et al.*, 2017; Mansula & Romadhon, 2020). Informasi genetik dapat diperoleh melalui identifikasi molekuler menggunakan teknik DNA *barcoding* (Ningsih *et al.*, 2021). DNA *barcoding* memanfaatkan sekuen gen tertentu untuk mengidentifikasi spesies secara genetik (Antil *et al.*, 2023; Shokralla *et al.*, 2015). Salah satu lokus gen yang sering digunakan adalah *control region* DNA mitokondria (mtDNA), yang memiliki tingkat variasi tinggi dan ideal untuk studi filogenetik serta keragaman genetik (Mohd Salleh *et al.*, 2023).

Penelitian terdahulu mengenai genetik penyu umumnya menggunakan jaringan tubuh penyu atau tukik sebagai sampel (Pertiwi *et al.*, 2020; Sani *et al.*, 2024). Pemanfaatan telur penyu gagal tetas sebagai sumber materi genetik masih jarang dilakukan. Studi menunjukkan bahwa telur penyu gagal tetas tetap mengandung materi genetik yang layak untuk dianalisis secara molekuler (Hays *et al.*, 2025). Selain itu, penggunaan telur penyu gagal tetas sebagai sampel bersifat non-invasif dan mengganggu kestabilan populasi penyu. Penelitian ini dilakukan untuk mengidentifikasi spesies dan keragaman genetik penyu dari telur gagal tetas yang dikumpulkan di kawasan penangkaran Bali Selatan. Hasil yang diperoleh diharapkan dapat menjadi sumber data genetik untuk mendukung pelestarian penyu di Bali Selatan.

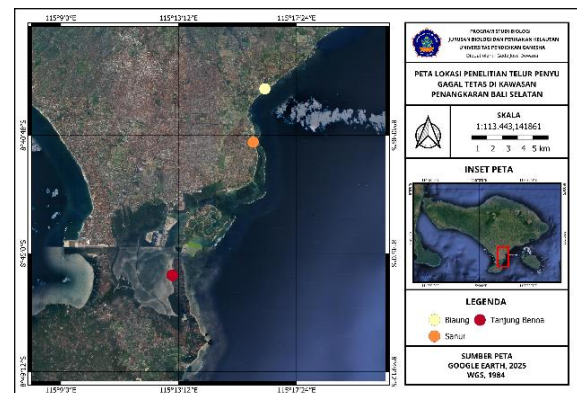
Bahan dan Metode

Jenis penelitian

Penelitian ini termasuk dalam kategori deskriptif eksploratif, dengan tujuan untuk mengidentifikasi spesies serta memberikan gambaran awal mengenai keragaman genetik penyu berdasarkan sampel telur gagal tetas yang diperoleh dari kawasan penangkaran di Bali Selatan.

Waktu dan tempat

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Mei 2024 sampai Juli 2025. Proses pengambilan sampel dilakukan di tiga lokasi penangkaran penyu di wilayah Bali Selatan, yaitu Sari Segara (Pantai Biaung), Sindu Dwarawati (Pantai Sanur), dan Pulau Penyu (Tanjung Benoa). Uji laboratorium dan analisis data dilakukan di Laboratorium Yayasan Biodiversitas Indonesia, yang berlokasi di Denpasar, Bali. Informasi mengenai titik lokasi pengambilan sampel dapat dilihat pada Gambar 1.



Gambar 1. Peta Lokasi Penelitian

Alat dan bahan

Alat penelitian ini antara lain mikropipet, tips, plastik *ziplock*, *gloves*, *dissecting set*, *infrared sterilizer*, *microtube*, *tray*, *vortex*, *centrifuge*, *heating block*, *erlenmeyer*, *microwave*, *thermal cycler*, neraca analitik, mesin elektroforesis, UV *transilluminator*, dan kamera. Bahan yang digunakan yaitu *ethanol* 70%, ddH₂O, *Genomic DNA Mini Kit* (*Tissue*), *MyTaq HS Red Mix*, primer *forward* LCM15382 (5'-GCT TAA CCC TAA AGC ATT GG-3') dan primer *reverse* H950g (5'-GTC TCG GAT TTA GGG GGT TG-3') (Abreu-Grobois *et al.*, 2006),

sodium borate buffer, bubuk agarosa, *loading dye*, *biotium*, dan *hyperladder*.

Preparasi Sampel

Sampel yang digunakan adalah telur penyu gagal tetas yang tidak mengalami pembusukan. Pengambilan sampel telur penyu dilakukan pada sarang yang memiliki telur gagal tetas dan dilakukan penggalan sarang secara perlahan hingga mencapai tempat telur berada (kedalaman ± 50 cm). Sampel berhasil dikoleksi sebanyak total 6 sampel dengan dengan rincian 2 sampel per lokasi. Selanjutnya, sampel dimasukkan dalam plastik *ziplock* dan diberi label sesuai lokasi pengambilan sebelum dibawa ke laboratorium. Sampel dibersihkan menggunakan air mengalir untuk menghilangkan pasir serta kotoran yang menempel dan disimpan dalam *freezer* bersuhu -20°C agar tetap terpreservasi dengan baik sebelum dilakukan uji laboratorium.

Analisis Laboratorium

Ekstraksi DNA dari sampel telur penyu gagal tetas menggunakan *Genomic DNA Mini Kit*. Proses amplifikasi DNA melalui *Polymerase Chain Reaction* (PCR) terhadap *control region* mtDNA dengan primer *forward* LCM15382 dan primer *reverse* H950g. PCR dilakukan dengan kondisi *denaturation* pada suhu 94°C selama 45 detik, *annealing* pada 50°C selama 30 detik, dan *extention* pada 72°C selama 30 detik. Tahap PCR berlangsung selama 38 siklus. Pengecekan kualitas hasil amplifikasi PCR dilakukan melalui elektroforesis gel agarosa 1% dengan menggunakan *loading dye*, pewarna *biotium*, dan *hyperladder* 100 bp sebagai estimasi ukuran

fragmen DNA. Hasil Produk PCR dikirim ke fasilitas sekuensing.

Analisis Data

Data sekuen yang diperoleh dianalisis menggunakan beberapa perangkat lunak bioinformatika. Identifikasi spesies dilakukan melalui analisis BLAST terhadap *GenBank*. Analisis filogenetik menggunakan MEGA 11 dengan metode *Neighbor-Joining* dan model *Kimura 2-Parameter* serta *bootstrap* 1000 kali pengulangan (Bahri *et al.*, 2022). Analisis keragaman genetik menggunakan DnaSP v6 dengan menghitung jumlah haplotipe, keragaman haplotipe (Hd), keragaman nukleotida (π), dan jumlah situs polimorfisme (Nei, 1987; Rozas *et al.*, 2017). Hasil analisis data diinterpretasikan untuk menilai tingkat variasi genetik, mengidentifikasi hubungan kekerabatan antar individu, serta memahami pola distribusi genetik yang berimplikasi pada strategi konservasi.

Hasil dan Pembahasan

Hasil Penelitian I

Identifikasi Spesies

Sampel berhasil dikoleksi dan diamplifikasi dengan lokus *control region* mtDNA. Panjang sekuen DNA dari seluruh sampel berkisar antara 875-876 bp. Semua sampel menunjukkan hasil identifikasi sebagai *Lepidochelys olivacea* (penyu lekang). Hasil BLAST lokus *control region* ditunjukkan seperti pada Tabel 1.

Tabel 1. Hasil analisis BLAST lokus *control region*

No	Kode Sampel	Panjang Sekuen	Hasil Spesies	Max Score	Percent Identity	Query Coverage	Accession
1	SS01	876	<i>L. olivacea</i>	1596	99.88%	99%	OR400416.1
2	SS02	876	<i>L. olivacea</i>	1596	99.88%	99%	OR400416.1
3	SD01	876	<i>L. olivacea</i>	1581	100.00%	98%	MH375632.1
4	SD02	876	<i>L. olivacea</i>	1581	100.00%	98%	MH375632.1
5	TB01	875	<i>L. olivacea</i>	1445	100.00%	89%	JN391463.1
6	TB02	876	<i>L. olivacea</i>	1581	99.54%	99%	KY091840.1

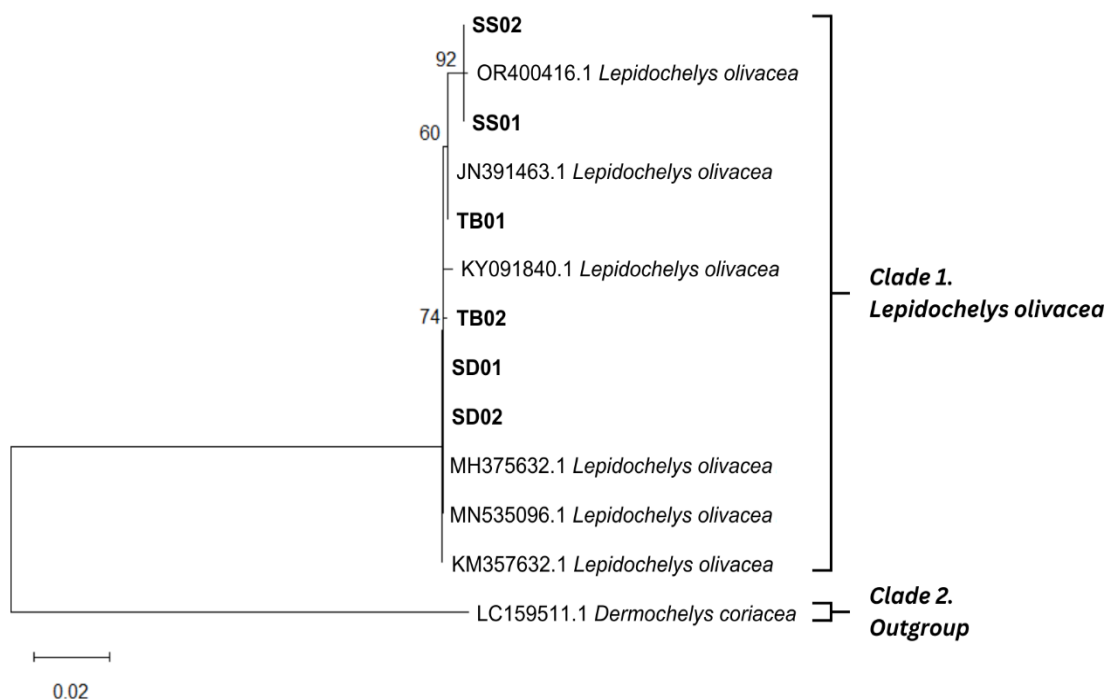
Analisis BLAST terhadap sekuen DNA sampel dengan data pembanding di *GenBank* menunjukkan tingkat kemiripan sekuen (*percent identity*) sebesar $\geq 99\%$ dan kesamaan panjang nukleotida (*query coverage*) sebesar $\geq 89\%$

dengan spesies *L. olivacea*. *Percent identity* menunjukkan persentase jumlah nukleotida yang sama antara sampel dan sekuen pembanding, semakin tinggi nilainya menunjukkan semakin tinggi kesamaan spesiesnya (Pertiwi *et al.*, 2020).

Sementara *query cover* menunjukkan kesamaan panjang nukleotida antara sampel dan sekuen pembandingan (Newell *et al.*, 2013; Pertiwi, 2022). Keseluruhan data sekuen sampel penelitian ini dapat dinyatakan memiliki tingkat kemiripan dengan data *GenBank*, sehingga dapat dianggap sebagai spesies yang sama dengan sekuen pembandingan sekaligus menegaskan reliabilitas metode DNA *barcoding* dalam mengidentifikasi spesies penyu (Natalia & Pertiwi, 2024).

Analisis Filogenetik

Pohon filogenetik dikonstruksi menggunakan keenam sampel penelitian. Analisis dilengkapi 6 sekuen data pembandingan spesies *L. Olivacea* dari *GenBank* dengan *accession* OR400416.1, MH375632.1, JN391463.1, MN535096.1, KM357632.1, KY091840.1, dan sekuen *outgroup* dari genus berbeda yaitu *Dermochelys coriacea* (penyu belimbing) dengan *accession* LC159511.1. Hasil analisis pohon filogenetik dapat dilihat pada Gambar 2.



Gambar 2. Pohon filogenetik dengan metode *Neighbor-Joining* model *Kimura 2-Parameter* dengan *bootstrap* 1000 kali pengulangan

Pohon filogenetik menunjukkan dua *clade* yang berbeda, yaitu *clade* 1 yang mencakup seluruh sampel penelitian yang terkelompok bersama dengan sekuen pembandingan *L. olivacea*, dan *clade* 2 yang terdiri dari *D. coriacea* sebagai *outgroup*. Nilai *bootstrap* pada percabangan di *clade* *L. olivacea* berkisar antara 74 - 92%, yang menunjukkan dukungan yang cukup terhadap percabangan namun tetap dapat dipercaya (Dharmayanti, 2011; Rafsanjani *et al.*, 2024).

Pemilihan sekuen pembandingan *ingroup* dilakukan berdasarkan hasil analisis BLAST dengan memilih sekuen yang memiliki kemiripan genetik dengan masing-masing

sampel. Pemilihan *outgroup* dilakukan untuk memberikan pembandingan luar yang diambil dari genus berbeda namun masih cukup dekat secara evolusi dengan tujuan untuk meyakinkan bahwa sampel termasuk ke dalam *ingroup* yang benar (Ardiana *et al.*, 2021; T. Grant, 2019). Pengelompokan ini mengindikasikan bahwa keenam sampel memiliki kemiripan sekuen dengan spesies *L. olivacea* dan dibuktikan melalui sekuen *outgroup* yang tidak terkelompok bersama dengan *ingroup*. Analisis filogenetik diperkuat dengan perhitungan jarak genetik yang ditunjukkan pada Tabel 2.

Tabel 2. Jarak genetik keseluruhan sekuen

	Sampel						Ingroup						Outgroup
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1. SS01													
2. SS02	0.000												
3. SD01	0.005	0.005											
4. SD02	0.005	0.005	0.000										
5. TB01	0.004	0.004	0.001	0.001									
6. TB02	0.007	0.007	0.001	0.001	0.003								
7. OR400416.1	0.001	0.001	0.007	0.007	0.005	0.008							
8. MH375632.1	0.005	0.005	0.000	0.000	0.001	0.001	0.007						
9. JN391463.1	0.004	0.004	0.001	0.001	0.000	0.003	0.005	0.001					
10. MN535096.1	0.005	0.005	0.000	0.000	0.001	0.001	0.007	0.000	0.001				
11. KM357632.1	0.005	0.005	0.000	0.000	0.001	0.001	0.007	0.000	0.001	0.000			
12. KY091840.1	0.008	0.008	0.003	0.003	0.004	0.004	0.008	0.003	0.004	0.003	0.003		
13. LC159511.1	0.241	0.241	0.233	0.233	0.236	0.236	0.243	0.233	0.236	0.233	0.233	0.238	

Hasil analisis jarak genetik menunjukkan keenam sampel memiliki nilai jarak genetik yang dekat dengan spesies *L. olivacea* yaitu berkisar antara 0.000 hingga 0.008, hal ini didukung dengan hasil analisis nilai intraspesifik yaitu jarak genetik antar individu dalam satu *clade* yang sama menunjukkan nilai sebesar 0.003, yang menandakan tingkat kemiripan genetik yang tinggi antar individu, namun masih mengandung variasi genetik intraspesifik. Sementara itu, nilai jarak genetik sampel dengan *D. coriacea* jauh lebih tinggi yaitu berkisar antara 0.233 hingga 0.243, didukung dengan nilai interspesifik yaitu jarak genetik antar spesies atau *clade* yang berbeda menunjukkan nilai yang tinggi sebesar 0.236, yang menandakan adanya perbedaan genetik yang signifikan antara *clade* 1 dengan *clade* 2. Tinggi rendahnya jarak genetik menjadi indikator seberapa jauh atau dekat hubungan genetik antar individu. Jarak genetik yang tinggi mengindikasikan perbedaan genetik yang besar dan jarak yang rendah menunjukkan kedekatan genetik (Subari *et al.*, 2021).

Berdasarkan keseluruhan hasil identifikasi menggunakan BLAST dan analisis filogenetik, sampel telur penyu gagal tetas pada penelitian ini teridentifikasi sebagai spesies *Lepidochelys olivacea*. Penggunaan metode DNA *barcoding* pada sampel telur penyu gagal tetas berhasil membuktikan bahwa materi genetik yang terkandung di dalamnya masih dapat digunakan untuk identifikasi spesies dan menjadi opsi

pendekatan non-invasif untuk penelitian pada spesies penyu yang dilindungi.

Temuan spesies *L. olivacea* di Bali Selatan sejalan dengan penelitian sebelumnya yang menunjukkan adanya konektivitas populasi penyu lekang yang menghubungkan arus laut antara wilayah barat dan tengah Indonesia. Arus laut tersebut memungkinkan penyu melakukan migrasi untuk bertelur dan mencari makan, sehingga populasi penyu tetap terhubung secara genetik (Bahri *et al.*, 2022; Manurung *et al.*, 2013). Selain itu, karakteristik habitat peneluran penyu lekang di Bali Selatan juga mendukung aktivitas peneluran, diantaranya kelembaban sarang, suhu substrat yang ideal, serta vegetasi pantai yang sesuai (Parawangsa *et al.*, 2024). Dengan demikian, keberadaan spesies *L. olivacea* di kawasan penangkaran Bali Selatan mengindikasikan distribusi alami dan pola migrasi spesies tersebut dipengaruhi oleh faktor lingkungan dan arus laut.

Hasil Penelitian II

Keragaman Genetik

Hasil analisis keragaman genetik menunjukkan adanya total 4 haplotipe berbeda. Informasi haplotipe keenam sampel dapat dilihat pada Tabel 3. Haplotipe 1 terdiri dari 2 individu, haplotipe 2 terdiri dari 2 individu, haplotipe 3 terdiri dari 1 individu, dan haplotipe 4 terdiri dari 1 individu.

Tabel 3. Haplotipe keenam sampel

No	Haplotipe	Jumlah	Kode Sampel	Lokasi
1	Haplotipe 1	2	SS01 dan SS02	Biaung
2	Haplotipe 2	2	SD01 dan SD02	Sanur
3	Haplotipe 3	1	TB01	Tanjung Benoa
4	Haplotipe 4	1	TB02	Tanjung Benoa

Haplotype dikelompokkan berdasarkan perbedaan sekuen nukleotida dari setiap individu dengan mengidentifikasi situs polimorfisme atau mutasi pada sekuen DNA seperti pada Tabel 4.

Tabel 4. Polimorfisme

Kode sampel	433	482	483	485	660	875
SS01	G	A	C	C	G	T
SS02	.	.	.	.	.	.
SD01	.	G	T	T	A	.
SD02	.	G	T	T	A	.
TB01	.	G	T	.	A	A
TB02	A	G	T	T	A	.

Hasil analisis polimorfisme menunjukkan bahwa sekuen sampel memiliki 6 situs polimorfisme pada lokus *control region*. Semakin beragam situs polimorfisme, maka semakin tinggi variasi haplotype yang dapat terbentuk, sehingga nilai keragaman haplotype akan meningkat, sedangkan semakin banyak perbedaan nukleotida antar individu pada tiap situs, maka semakin tinggi nilai keragaman nukleotida (Milansari *et al.*, 2025). Informasi mengenai keragaman haplotype dan nukleotida dapat dilihat pada Tabel 5. Hasil analisis keragaman haplotype dan nukleotida menunjukkan nilai keragaman haplotype yang tinggi sebesar 0.86667 dan nilai keragaman nukleotida yang rendah sebesar 0.00328.

Tabel 5. Keragaman haplotype dan nukleotida

Lokasi	N	h	Hd	π
Biaung	2	1	0,00000	0,00000
Sanur	2	1	0,00000	0,00000
Tanjung Benoa	2	2	1,00000	0,00343
Keseluruhan	6	4	0,86667	0,00328

Keterangan: N = jumlah sampel, h = jumlah haplotype, Hd = keragaman haplotype, π = keragaman nukleotida

Menurut Nei (1987), nilai keragaman haplotype berkisar dari 0.8 - 1.0 masuk dalam kategori tinggi, 0.5 - 0.7 tergolong dalam kategori sedang, dan 0.1 - 0.4 merupakan kategori rendah (Ardiana *et al.*, 2021; Nei, 1987). Berdasarkan interpretasi tersebut, seluruh sampel dapat dikategorikan memiliki haplotype yang tinggi. Hasil analisis juga menunjukkan nilai keragaman nukleotida yang rendah mengindikasikan bahwa hampir setiap sampel

memiliki perbedaan nukleotida yang kecil dan sampel telur penyu gagal tetas memiliki hubungan genetik yang dekat dan populasi yang saling berhubungan (Ningsih *et al.*, 2021).

Berdasarkan keseluruhan hasil analisis keragaman genetik, spesies *L. olivacea* memiliki nilai keragaman haplotype yang tinggi dan keragaman nukleotida yang rendah. Kondisi ini dapat disebabkan oleh sejarah demografis seperti *bottleneck*, diikuti dengan ekspansi populasi yang cepat, perilaku *natal homing* yang menyebabkan isolasi reproduktif, serta tingkat migrasi antar populasi yang cukup mempertahankan keragaman haplotype namun belum cukup waktu berlalu untuk menghasilkan mutasi-mutasi baru (Grant & Bowen, 1998). Hasil analisis keragaman genetik juga dipengaruhi oleh karakteristik lokus yang digunakan, yaitu *control region* mtDNA yang memiliki laju mutasi dan polimorfisme yang tinggi dalam mendeteksi perbedaan sekuen antar individu dalam spesies yang sama (Wirdateti, 2012).

Kesimpulan

Sampel yang dianalisis menggunakan metode DNA *barcoding* lokus *control region* mtDNA berhasil teridentifikasi sebagai spesies *Lepidochelys olivacea* dengan persentase kemiripan sekuen (*percent identity*) sebesar 99.54% - 100% dan persentase kesamaan panjang nukleotida (*query coverage*) sebesar 89% - 99%. Keenam sampel tergabung dalam satu *clade* yang sama dengan sekuen pembandingan dan menunjukkan nilai intraspesifik yang rendah sebesar 0.003. Analisis keragaman genetik menunjukkan adanya 4 haplotype berbeda dengan total 6 situs polimorfisme dengan nilai keragaman haplotype yang tinggi sebesar 0,86667 dan nilai keragaman nukleotida yang rendah sebesar 0,00328. Hasil ini menegaskan dominasi penyu lekang di kawasan Bali Selatan dan menunjukkan bahwa telur gagal tetas dapat menjadi sumber genetik yang valid untuk studi identifikasi spesies dan keragaman genetik.

Ucapan Terima Kasih

Penulis mengucapkan terima kasih kepada dosen pembimbing atas bimbingan dan

dukungan selama proses penelitian dan penulisan artikel ini. Ucapan terima kasih juga disampaikan kepada Yayasan Biodiversitas Indonesia melalui MTCA Grant No. F22AP03775 bekerja sama dengan Large Marine Vertebrates Research Institute Philippines (LAMAVE) atas dukungan pendanaan, Badan Riset dan Inovasi Nasional (BRIN) atas penerbitan Surat Keterangan Klirens Etik Riset No. 045/KE.02/SK/03/2024, serta Kementerian Lingkungan Hidup dan Kehutanan Republik Indonesia (KLHK) atas penerbitan Surat Izin Akses Sumber Daya Genetik No. SK.130/KSDAE/SETKSDAE/KSA.2/7/2024. Apresiasi juga diberikan kepada masyarakat dan pengelola penangkaran penyu di Bali Selatan atas izin dan bantuan selama pengambilan sampel di lapangan.

Referensi

- Antil, S., Abraham, J. S., Sripoorna, S., Maurya, S., Dagar, J., Makhija, S., Bhagat, P., Gupta, R., Sood, U., Lal, R., & Toteja, R. (2023). DNA barcoding, an effective tool for species identification: a review. *Molecular Biology Reports*, 50(1), 761–775. <https://doi.org/10.1007/s11033-022-08015-7>
- Ardiana, S. A., Astarini, I. A., Putra, I. N. G., Pertiwi, P. D., Sembiring, A., Yusmalinda, N. L. A., & Al Malik, D. (2021). Genetic diversity and phylogenetic of longtail tuna (*Thunnus tonggol*) landed in Pabean Fish Market, Surabaya. *Musamus Fisheries and Marine Journal*, 3(2), 107–115. <https://doi.org/10.35724/mfmj.v3i2.3375>
- Ario, R., Wibowo, E., Pratikto, I., & Fajar, S. (2016). Pelestarian habitat penyu dari ancaman kepunahan di Turtle Conservation and Education Centre (TCEC), Bali. *Jurnal Kelautan Tropis*, 19(1), 60–66. <https://doi.org/10.14710/jkt.v19i1.602>
- Bahri, S., Madduppa, H. H., & Atmadipoera, A. S. (2022). Keragaman genetik penyu lelang (*Lepidochelys olivacea*) dan kaitannya dengan pola arus di perairan Samudera Hindia dan perairan tengah Indonesia. *Journal of Marine and Aquatic Sciences*, 8(2), 254–266. <https://doi.org/10.24843/jmas.2022.v08.i02.p10>
- Dharmayanti, N. L. P. I. (2011). Filogenetika molekuler: Metode taksonomi organisme berdasarkan sejarah evolusi. *Wartazoa*, 21(1), 1–10. <https://doi.org/10.14334/wartazoa.v21i1.948>
- Faddilah, T. N., Hasan, Z., Arief, M. C. W., & Herawati, T. (2024). A study on characteristics of semi-natural hatchery habitat for olive ridley sea turtle *Lepidochelys olivacea* (Eschscholtz, 1829) conservation: A case study of Batu Hiu Beach, Pangandaran, West Java, Indonesia. *Omni-Akuatika*, 20(2), 86–99. <https://doi.org/10.20884/1.oa.2024.20.2.1146>
- Firliansyah, E., Kusri, M. D., & Sunkar, A. (2017). Pemanfaatan dan efektivitas kegiatan penangkaran penyu di Bali bagi konservasi penyu. *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology*, 2(1), 21–27. <https://doi.org/10.22146/jtbb.25690>
- Grant, T. (2019). Outgroup sampling in phylogenetics: Severity of test and successive outgroup expansion. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 57(4), 748–763. <https://doi.org/10.1111/jzs.12317>
- Grant, W. S., & Bowen, B. W. (1998). Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: Insights from sardines and anchovies and lessons for conservation. *Journal of Heredity*, 89(5), 415–426. <https://doi.org/10.1093/jhered/89.5.415>
- Hays, G. C., Laloë, J.-O., & Seminoff, J. A. (2025). Status, trends and conservation of global sea turtle populations. *Nature Reviews Biodiversity*, 1(2), 119–133. <https://doi.org/10.1038/s44358-024-00011-y>
- Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. (2016). MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7), 1870–1874. <https://doi.org/10.1093/MOLBEV/MSW054>
- Mansula, J. G., & Romadhon, A. (2020). Analisis kesesuaian habitat peneluran penyu di Pantai Saba, Gianyar, Bali. *Juvenil: Jurnal Ilmiah Kelautan Dan Perikanan*, 1(1), 8–

18.
<https://doi.org/10.21107/juvenil.v1i1.6669>
 Manurung, M. E. S., Hartoko, A., & Subiyanto. (2013). Hubungan jalur migrasi penyu lekang (*Lepidochelys olivacea*) terhadap tinggi muka laut, suhu permukaan laut, klorofil-a di perairan Indonesia. *Journal of Management of Aquatic Resources*, 2(3), 150–160.
<https://doi.org/10.14710/marj.v2i3.4210>
 Mohd Salleh, M. H., Esa, Y., Mohd Izam, N. A., Zainudin, A. A., Romli, K. A., Wan Nawang, W. N. F. S., Bakri, A. M., Hussin, N. J., & Abdul Halim, S. A. A. (2023). The first mitochondrial control region dataset: Critically endangered freshwater turtles in Malaysia, *Orlitia borneensis* and *Batagur borneoensis*. *Malaysian Journal of Fundamental and Applied Sciences*, 19(4), 679–684.
<https://doi.org/10.11113/mjfas.v19n4.2963>
 Natalia, K. D., & Pertiwi, N. P. D. (2024). Identifikasi spesies ikan *Lutjanus* yang didaratkan di PPI Kedonganan berdasarkan karakter morfologi, morfometri dan DNA barcoding. *Wahana Matematika Dan Sains: Jurnal Matematika, Sains, Dan Pembelajarannya*, 18(3), 33–43.
<https://doi.org/10.23887/wms.v18i3.87683>
 Nei, M. (1987). *Molecular Evolutionary Genetics*. Cambridge University Press.
 Newell, P. D., Fricker, A. D., Roco, C. A., Chandrangsu, P., & Merkel, S. M. (2013). A small-group activity introducing the use and Interpretation of BLAST. *Journal of Microbiology & Biology Education*, 14(2), 238–243.
<https://doi.org/10.1128/jmbe.v14i2.637>
 Ningsih, E. Y., Faiqoh, E., Astarini, I. A., Pertiwi, P. D., Sembiring, A., Yusmalinda, N. L. A., & Al Malik, M. D. (2021). Identifikasi dan keragaman genetik longtail tuna (*Thunnus tonggol*) yang didaratkan di PPI Kedonganan dan PPP Muncar menggunakan marka D-loop mitokondria. *Journal of Marine and Aquatic Sciences*, 7(1), 94–102.
<https://doi.org/10.24843/jmas.2021.v07.i01.p13>
 Parawangsa, I. N. Y., Sukanta, I. M., Budi, E. S., & Utami, D. H. (2024). Tendensi asal sarang penyu yang direlokasi ke pusat pendidikan dan konservasi penyu, Serangan-Bali. *Jurnal Sumberdaya Akuatik Indopasifik*, 8(1), 101–112.
<https://doi.org/10.46252/jsai-fpik-unipa.2024.vol.8.no.1.147>
 Pertiwi, N. P. D. (2022). Identifikasi spesies ikan pelagis yang dijual di pasar kota Denpasar menggunakan marka control region mitokondria (mtDNA). *Jurnal Pendidikan Biologi Undiksha*, 9(1), 95–102.
<https://doi.org/10.23887/jjpb.v9i1>
 Pertiwi, N. P. D., Suhendro, M. D., Yusmalinda, N. L. A., Putra, I. N. G., Putri, I. G. R. M., Artiningsih, E. Y., Al-Malik, M. D., Cahyani, N. K. D., & Sembiring, A. (2020). Forensic genetic case study: Species identification and traceability of sea turtle caught in illegal trade in Bali, Indonesia. *Biodiversitas*, 21(9), 4276–4283.
<https://doi.org/10.13057/biodiv/d210945>
 Rafsanjani, D., Nugraha, W. A., & Insaftiri, I. (2024). DNA barcoding dan filogeni molekuler belangkas *Tachypleus* (Horseshoe crab) dari Pulau Madura, Jawa Timur, Indonesia. *Jurnal Sumberdaya Akuatik Indopasifik*, 8(3), 259–268.
<https://doi.org/10.46252/jsai-fpik-unipa.2024.vol.8.no.3.395>
 Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sanchez-DelBarrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E., & Sanchez-Gracia, A. (2017). DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular Biology and Evolution*, 34(12), 3299–3302.
<https://doi.org/10.1093/molbev/msx248>
 Sani, L. M. I., Jamaludin, Hadiko, G., Herma, E., Inoguchi, E., Jensen, M. P., Madden, C. A., Nishizawa, H., Maryani, L., Farajallah, A., Subhan, B., Bengen, D. G., & Madduppa, H. (2024). Unraveling fine-scale genetic structure in endangered hawksbill turtle (*Eretmochelys imbricata*) in Indonesia: implications for management strategies. *Frontiers in Marine Science*, 11, 1–12.
<https://doi.org/10.3389/fmars.2024.135869>
 Shokralla, S., Hellberg, R. S., Handy, S. M., King, I., & Hajibabaei, M. (2015). A DNA mini-barcoding system for authentication of processed fish products. *Scientific Reports*, 5, 1–11.
<https://doi.org/10.1038/srep15894>

- Subari, A., Razak, A., & Sumarmin, R. (2021). Phylogenetic analysis of *Rasbora* spp. based on the mitochondrial DNA COI gene in Harapan Forest. *Jurnal Biologi Tropis*, 21(1), 89–94. <https://doi.org/10.29303/jbt.v21i1.2351>
- Sudrajat, I., Ernaningsih, D., & Patanda, M. (2023). Strategi Pelestarian Penyu Hijau (*Chelonia mydas*) di Suaka Margasatwa Sindangkerte, Tasikmalaya. *Jurnal Ilmiah Satya Minabahari*, 8(2), 43–55. <https://doi.org/10.53676/jism.v8i2.166>
- Suryawan, I. W. K., & Tehupeiory, A. (2023). Strategi partisipatif masyarakat dalam mitigasi dampak alami dan manusia terhadap konservasi penyu di Indonesia. *Indonesian Journal of Conservation*, 12(1), 88–100. <https://doi.org/10.15294/jsi.v12i1.41919>
- Umama, A. R., Restiadi, T. I., Prastiya, R. A., Safitri, E., Saputro, A. L., Yudhana, A., & Haditanojo, W. (2020). Tingkat keberhasilan penetasan telur penyu lekang (*Lepidochelys olivacea*) pada sarang semi alami di Pantai Boom Banyuwangi periode tahun 2018. *Jurnal Medik Veteriner*, 3(1), 17–24. <https://doi.org/10.20473/jmv.vol3.iss1.2020.17-24>
- Utama, G. I., Pangesti, S., & Vatesia, L. C. (2023). Preserving the existence of sea turtles: The government policies and roles on conservations. *Law Review*, 22(3), 360–378. <https://doi.org/10.19166/lr.v20i1.7871>
- Wirdateti. (2012). Keragaman genetik rusa sambar (*Rusa unicolor*), pemanfaatan dan implikasinya untuk konservasi. *Jurnal Biologi Indonesia*, 8(1), 131–139.