

**IDENTIFIKASI SPESIES DAN KEANEKARAGAMAN GENETIK TELUR
PENYU GAGAL TETAS YANG DITANGKARKAN DI KAWASAN
BULELENG MENGGUNAKAN ANALISIS DNA *BARCODING* LOKUS
CONTROL REGION MITOKONDRIA**

Oleh

Immanuel Pratama, NIM 2113091022

Jurusan Biologi dan Perikanan Kelautan

Program Studi Biologi

ABSTRAK

Penyu merupakan satwa dilindungi yang terancam punah akibat faktor alami dan antropogenik seperti erosi pantai dan perdagangan ilegal. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keanekaragaman genetik populasi penyu di Buleleng, Bali Utara, melalui analisis DNA mitokondria dari sampel telur gagal tetas. Sampel diambil dari dua sarang di beberapa lokasi penangkaran untuk mengetahui variasi genetik di satu area konservasi. Analisis molekuler dilakukan pada lokus *control region* dengan panjang sekuens 869 bp. Hasil identifikasi menunjukkan sampel berasal dari tiga spesies penyu: penyu hijau (*Chelonia mydas*), penyu lekang (*Lepidochelys olivacea*), dan penyu sisik (*Eretmochelys imbricata*), dengan kemiripan sekuen 99,44%–99,77%. Pohon filogenetik membentuk empat clade dengan nilai bootstrap 79–100%, mendukung klasifikasi dan hubungan kekerabatan antar spesies. Analisis jarak genetik intraspesifik yang rendah (0–0,02%) dan jarak genetik interspesifik (16,4–21,4%) mengindikasikan kemiripan tinggi dalam satu spesies dan perbedaan signifikan antar spesies. Hasil penelitian ini dapat digunakan untuk memperkuat program konservasi penyu berbasis genetika yang efektif dan berkelanjutan di wilayah Buleleng, Bali Utara.

Kata kunci: Keanekaragaman genetik, DNA *barcoding*, *control region*, penyu

SPECIES IDENTIFICATION AND GENETIC DIVERSITY OF FAILED TURTLE EGGS HATCHED IN THE BULELENG AREA USING DNA BARCODING ANALYSIS OF MITOCHONDRIAL CONTROL REGION LOCUS

By

Immanuel Pratama, NIM 2113091022

Department of Biology and Marine Fisheries

Biology Study Program

ABSTRACT

Sea turtles are protected animals that are threatened with extinction due to natural and anthropogenic factors such as coastal erosion and illegal trade. This study aims to analyze the genetic diversity of sea turtle populations in Buleleng, North Bali, through mitochondrial DNA analysis of failed egg samples. Samples were collected from two nests at several breeding sites to assess genetic variation within a single conservation area. Molecular analysis was conducted on the control region locus with a sequence length of 869 bp. The results of the identification showed that the samples originated from three sea turtle species: green sea turtle (*Chelonia mydas*), olive ridley sea turtle (*Lepidochelys olivacea*), and hawksbill sea turtle (*Eretmochelys imbricata*), with sequence similarities of 99.44%–99.77%. The phylogenetic tree formed four clades with bootstrap values of 79–100%, supporting the classification and kinship relationships between species. Low intraspecific genetic distance (0–0.02%) and interspecific genetic distance (16.4–21.4%) indicate high similarity within a species and significant differences between species. The results of this study can be used to strengthen effective and sustainable genetics-based sea turtle conservation programs in the Buleleng region of North Bali.

Keyword: Genetic diversity, DNA *barcoding*, *control region*, sea turtle