

**IDENTIFIKASI SPESIES DAN KEANEKARAGAMAN GENETIK PENYU
PADA TELUR YANG GAGAL TETAS DI KAWASAN PENANGKARAN
BALI SELATAN MENGGUNAKAN METODE DNA *BARCODING* LOKUS
CONTROL REGION MITOKONDRIA**

Oleh

I Gede Jose Dewana, NIM 2113091025

Jurusan Biologi dan Perikanan Kelautan

ABSTRAK

Data genetik penyu di Bali Selatan masih terbatas dengan sebagian besar penelitian terdahulu memanfaatkan sampel indukan hidup, sedangkan pemanfaatan telur gagal tetas sebagai sumber informasi genetik masih jarang dilakukan. Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi spesies dan keanekaragaman genetik telur penyu gagal tetas di kawasan penangkaran Bali Selatan menggunakan metode DNA *barcoding* lokus *control region*. Penelitian ini menggunakan jenis penelitian deskriptif eksploratif. Penelitian dilakukan di tiga penangkaran berbeda yang ada di wilayah Bali Selatan, yaitu Sari Segara (Biaung), Sindu Dwarawati (Sanur), dan Pulau Penyu Bulih (Tanjung Benoa). Sampel yang digunakan adalah telur penyu gagal tetas sebanyak total 6 (enam) sampel yang dianalisis secara molekuler menggunakan DNA *barcoding* dan analisis data genetik. Hasil identifikasi menunjukkan seluruh sampel adalah spesies *Lepidochelys olivacea* (penyu lekang) dengan tingkat kemiripan sekuen sebesar 99,54% - 100% dan *query coverage* sebesar 89 - 99% terhadap data *GenBank*. Analisis filogenetik menunjukkan pengelompokan keenam sampel dalam satu *clade* yang sama dengan nilai jarak genetik intraspesifik berkisar antara 0 - 0,008. Analisis keanekaragaman genetik menunjukkan nilai keragaman haplotipe (Hd) sebesar 0,86667 dan keragaman nukleotida (π) sebesar 0,00306, dengan total 4 haplotipe berbeda dan 6 situs polimorfisme. Hasil penelitian menunjukkan telur penyu gagal tetas masih mengandung materi genetik yang layak untuk dianalisis, serta mengindikasikan penyu lekang merupakan spesies yang dominan ditemukan di wilayah Bali Selatan.

Kata kunci: Penyu, DNA *barcoding*, *control region*, keanekaragaman genetik, Bali Selatan

**IDENTIFICATION OF SEA TURTLE SPECIES AND GENETIC
DIVERSITY FROM UNHATCHED EGGS IN SOUTHERN BALI
HATCHERIES USING DNA BARCODING METHOD TARGETING THE
MITOCHONDRIAL CONTROL REGION**

By

I Gede Jose Dewana, NIM 2113091025

Department of Biology and Marine Fisheries

ABSTRACT

Genetic data on sea turtles in Southern Bali remains limited with most previous studies utilizing live adult samples, while the use of unhatched eggs as a source of genetic information is still rare. This study aims to identify the species and analyze the genetic diversity of unhatched sea turtle eggs from conservation sites in Southern Bali using the DNA barcoding method targeting the mitochondrial control region. This research is descriptive and exploratory in nature. The study was conducted at three different hatchery sites located in the southern region of Bali, namely Sari Segara (Biaung), Sindu Dwarawati (Sanur), and Pulau Penyu Bulih (Tanjung Benoa). A total of six unhatched sea turtle egg samples were analyzed molecularly using DNA barcoding and genetic data analysis. The identification results revealed that all samples belonged to the species *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 in 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.

Keywords: Sea turtle, DNA barcoding, control region, genetic diversity, Southern Bali