

Abstrak

Penyu sisik (*Eretmochelys imbricata*) merupakan hewan yang terancam punah versi IUCN, memainkan peran penting dalam menjaga keseimbangan ekosistem terumbu karang, namun populasi di Indonesia, khususnya di Pantai Barat Sumatra, menghadapi ancaman eksploitasi dan perdagangan ilegal tanpa didukung data genetik yang memadai untuk konservasi berbasis populasi. Penelitian ini menganalisis 20 sekuens *mtDNA D-loop* dari Pulau Pandan dan Pulau Karabak Ketek bersama 28 sekuens referensi dari *GenBank*, mencakup populasi dari India, Malaysia, Myanmar, Thailand, Filipina, Iran/ UAE, Australia/ PNG, Meksiko, dan Kepulauan Chagos, menggunakan perangkat lunak Mesquite, BioEdit, MEGA, DnaSP, *Arlequin*, PopArt, RStudio dan BEAST. Hasilnya teridentifikasi 16 *haplotype* penyu sisik dengan dua *haplotype* di Sumatra, Hap_1 sebagai *haplotype* dominan yang tersebar luas di Indo-Pasifik, Hap_2 merupakan satu *haplotype* baru yang unik dari Karabak Ketek. Analisis filogenetik menunjukkan lima klad utama dengan divergensi kuat pada populasi India dan Chagos, sementara *Bayesian Skyline Plot* mengindikasikan penurunan populasi signifikan beberapa tahun terakhir. Temuan ini menegaskan pentingnya konservasi genetik penyu sisik di Sumatra Barat serta mendukung integrasinya ke dalam *Regional Management Unit* (RMU) dan *Evolutionarily Significant Unit* (ESU), sekaligus menekankan urgensi strategi konservasi lintas negara berbasis data genetik.

Kata Kunci: Kawasan Konservasi Pulau Pieh; *Eretmochelys imbricata*; filogenetik; Teluk Benggala; *D-loop mtDNA*

Abstract

The hawksbill turtle (*Eretmochelys imbricata*), classified as critically endangered by the IUCN, plays a vital role in maintaining coral reef ecosystem balance. However, populations in Indonesia, particularly along the West Sumatra coast, face threats from exploitation and illegal trade, compounded by a lack of genetic data for population-based conservation planning. This study analysed 20 *mtDNA D-loop* sequences from Pandan Island and Karabak Ketek Island, alongside 28 reference sequences from GenBank, encompassing populations from India, Malaysia, Myanmar, Thailand, the Philippines, Iran/UAE, Australia/PNG, Mexico, and the Chagos Archipelago. Analyses were conducted using Mesquite, BioEdit, MEGA, DnaSP, *Arlequin*, PopArt, RStudio, and BEAST. Results identified 16 hawksbill *haplotypes*, including two from Sumatra: Hap_1 (a dominant *haplotype* widespread in the Indo-Pacific) and Hap_2 (a novel *haplotype* unique to Karabak Ketek). Phylogenetic analysis revealed five major clades with strong divergence in Indian and Chagos populations, while Bayesian Skyline Plot indicated a significant recent population decline. These findings underscore the importance of genetic conservation for West Sumatran hawksbills and support their integration into both Regional Management Units (RMUs) and Evolutionarily Significant Units (ESUs). The study highlights the urgency of cross-border conservation strategies grounded in genetic data.

Keywords: Hawksbill Turtle, Genetic Diversity, Phylogenetics, *mtDNA D-loop*, Pih Island Conservation Area, Bay of Bengal.