



Pendekatan Integratif Morfologi dan Molekuler Untuk Identifikasi Mamalia Laut Terdampar

Integrative Morphological and Molecular Approaches to the Identification of Stranded Marine Mammals

Ahmad Husen¹, Samsul Bahri*^{1,2}, Murniadi³, Mustafa Kamal⁴

¹Jurusan Ilmu Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Teuku Umar, Meulaboh, Indonesia

²Laboratorium Biodiversitas Genetika dan Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Teuku Umar, Meulaboh, Indonesia

³Kelompok Koservasi Penyua Aroen Meubanja, Aceh Jaya, Indonesia

⁴Jurusan Teknologi Hasil Pertanian, Fakultas Pertanian, Universitas Teuku Umar, Meulaboh, Indonesia

*koresponden : samsulbahri@utu.ac.id

Article Information	Abstract
<p>Submitted : 13/05/2025</p> <p>Revised : 26/10/2025</p> <p>Accepted : 28/10/2025</p> <p>Published : 10/11/2025</p> <p>Keywords : Aceh Jaya, Kogia breviceps, Marine mammals, Molecular identifications, Stranding.</p>	<p>The phenomenon of marine mammal stranding is a complex conservation issue, with species identification often hindered by degraded carcass conditions. This research aimed to identify the species of a stranded marine mammal found in the waters of Aceh Jaya, Indonesia, using both morphological and molecular approaches. Fieldwork was conducted from August 2023 to January 2024 at Ketapang Beach, Krueng Sabee, Aceh Jaya. Initial morphological identification, based on observed physical characteristics and existing literature, showed consistency with <i>Kogia breviceps</i>. However, severe specimen degradation prevented accurate identification of several key features (gills and body color), highlighting the inherent limitations of morphological methods for degraded carcasses. To overcome these limitations, molecular identification was performed. Tissue samples were subjected to DNA extraction using the DNeasy Blood and Tissue Kit, followed by Polymerase Chain Reaction (PCR) amplification of the mitochondrial Control Region (D-loop) gene using L15812/H16498 primers. Agarose gel electrophoresis confirmed successful amplification of a 523 bp target DNA fragment, although a smear indicating degradation was observed. DNA sequencing was subsequently performed and analyzed using MEGA 11 software and the Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) algorithm against the NCBI GenBank database. BLAST analysis definitively identified the stranded marine mammal as <i>Kogia breviceps</i>, with a Query</p>

Cover of 93-95% and Percent Identity of 98.80-99.32% compared to reference sequences. This study concludes that molecular identification is crucial and accurate for species determination of degraded stranded marine mammals. This research recommends strengthening national stranding response protocols to include molecular sampling and enhancing genetic laboratory capacity to support marine mammal conservation efforts in Indonesia.

Husen, A., Bahri, S., Murniadi., & Kamal, M. (2025). Pendekatan integratif morfologi dan molekuler untuk identifikasi mamalia laut terdampar. *Jurnal Perikanan Terpadu* 6(2): 167-180

PENDAHULUAN

Mamalia laut atau cetacean merupakan kelompok fauna akuatik yang berperan penting dalam menjaga keseimbangan ekosistem laut, serta menjadi indikator kesehatan lingkungan perairan (Jefferson *et al.*, 2021). Kelompok ini mencakup berbagai spesies seperti paus, lumba-lumba, dan pesut yang sebagian besar hidup di lautan dan hanya beberapa yang ditemukan di perairan tawar. Seperti mamalia lainnya, cetacean bernapas menggunakan paru-paru, berkembang biak dengan cara melahirkan, dan menyusui anaknya (Goldbogen *et al.*, 2019). Keunikan biologis dan ekologis mamalia laut menjadikan mereka fokus perhatian dalam upaya konservasi, terlebih dengan meningkatnya kejadian terdampar (*stranding*) yang terjadi dalam beberapa dekade terakhir di berbagai wilayah, termasuk Indonesia.

Fenomena terdamparnya mamalia laut merupakan isu konservasi yang kompleks karena melibatkan banyak faktor baik alami maupun antropogenik. Beberapa penyebab utama dari kejadian ini antara lain disorientasi akibat sonar atau kebisingan bawah laut, gangguan geomagnetik, kondisi kesehatan individu, hingga aktivitas manusia seperti lalu lintas kapal, penangkapan ikan, serta pencemaran laut (Benjamins *et al.*, 2022; Klinck *et al.*, 2019). Menurut Whale Stranding Indonesia (WSI), dalam kurun waktu 2016 hingga 2017 tercatat lebih dari 40 kasus mamalia laut terdampar di wilayah pesisir Indonesia (Yusmalinda *et al.*, 2017). Banyak dari kasus ini melibatkan spesies yang tidak dapat diidentifikasi secara morfologi akibat kondisi bangkai yang tidak utuh, sehingga dibutuhkan pendekatan identifikasi berbasis genetika.

Identifikasi spesies merupakan langkah penting dalam konservasi biodiversitas. Proses ini dilakukan dengan mengenali dan membedakan suatu organisme berdasarkan ciri-ciri taksonomi tertentu, baik secara morfologis maupun molekuler. Identifikasi morfologi, sebagai pendekatan konvensional, mengandalkan pengamatan karakter fisik seperti bentuk tubuh, ukuran, warna, dan struktur anatomi (Wulandari *et al.*, 2019). Meski metode ini masih digunakan secara luas, terdapat keterbatasan signifikan saat spesimen dalam kondisi rusak atau tidak lengkap. Oleh karena itu, pendekatan molekuler melalui analisis DNA menjadi metode yang sangat penting dalam mengatasi kendala identifikasi tersebut.

Teknik identifikasi berbasis DNA, khususnya menggunakan DNA mitokondria (mtDNA), telah banyak diterapkan dalam berbagai studi taksonomi dan konservasi mamalia laut. mtDNA menawarkan keuntungan berupa tingkat mutasi yang relatif tinggi, jumlah salinan yang banyak dalam setiap sel, serta diwariskan secara maternal, yang menjadikannya sangat berguna dalam rekonstruksi filogenetik dan studi evolusi spesies (Amaral *et al.*, 2020). Analisis genetik, seperti pengurutan gen *COI* (*cytochrome c oxidase subunit I*) atau gen 16S rRNA, memberikan data yang akurat untuk penentuan spesies bahkan pada fragmen jaringan yang telah mengalami dekomposisi (Tschopp *et al.*, 2021). Penggunaan teknik modern seperti *Next Generation Sequencing*

(NGS) dan *real-time PCR* juga mempermudah proses ini dengan akurasi tinggi dan waktu yang lebih efisien.

Indonesia merupakan salah satu negara mega-biodiversitas yang memiliki kekayaan laut luar biasa, termasuk keberadaan lebih dari 30 spesies *cetacean* yang telah teridentifikasi (Kreb & Budiono, 2021). Perairan Indonesia yang luas dan terfragmentasi oleh ribuan pulau menjadi jalur migrasi penting bagi berbagai jenis paus dan lumba-lumba. Namun, data terkait distribusi, status populasi, serta ancaman yang dihadapi oleh mamalia laut di wilayah ini masih sangat terbatas. Hal ini dikarenakan keterbatasan penelitian, terutama di wilayah Indonesia bagian barat dan tengah, yang belum banyak mendapatkan perhatian dibandingkan dengan kawasan timur yang termasuk dalam wilayah Segitiga Terumbu Karang.

Sebagai vertebrata yang sepenuhnya beradaptasi dengan kehidupan akuatik, cetacean memiliki berbagai adaptasi morfologi unik. Misalnya, lubang pernapasan yang terletak di bagian atas kepala, tubuh berbentuk torpedo untuk efisiensi pergerakan di dalam air, serta sirip ekor horizontal yang memungkinkan dorongan propulsif ke depan (Mustika *et al.*, 2014). Mereka juga tidak memiliki daun telinga eksternal, namun memiliki kemampuan pendengaran bawah air yang sangat baik melalui sistem sonar internal (*Echolocation*), terutama pada spesies paus bergigi. Namun, adaptasi ini tidak selalu mampu melindungi mereka dari dampak perubahan lingkungan yang cepat dan tekanan dari aktivitas manusia.

Peningkatan kejadian stranding dalam beberapa dekade terakhir menjadi cerminan krisis lingkungan laut global. Studi yang dilakukan oleh Husna *et al.*, (2020) menunjukkan bahwa penyebab terdamparnya mamalia laut tidak hanya disebabkan oleh penyakit atau cedera, tetapi juga karena disorientasi akibat sonar militer, perubahan geomagnetik, hingga perubahan iklim yang mempengaruhi arus laut dan ketersediaan mangsa. Dalam banyak kasus, penanganan pertama di lokasi kejadian menjadi krusial, di mana identifikasi cepat terhadap spesies yang terdampar dapat menentukan langkah konservasi selanjutnya. Oleh karena itu, integrasi pendekatan visual (morfologi) dan molekuler (DNA) menjadi kebutuhan penting dalam pengelolaan kejadian stranding secara holistik.

Pentingnya upaya konservasi dan identifikasi mamalia laut didukung pula oleh peran ekologis mereka dalam rantai makanan laut sebagai predator puncak. Keberadaan mereka membantu menjaga keseimbangan populasi ikan dan organisme laut lainnya, serta mempercepat siklus nutrisi melalui proses ekskresi di kolom air laut (Roman *et al.*, 2016). Hilangnya salah satu spesies cetacean dapat menyebabkan ketidakseimbangan ekologis yang merambat hingga ke struktur komunitas perairan. Maka dari itu, pengembangan metode identifikasi yang lebih akurat dan efisien sangat penting, tidak hanya untuk dokumentasi biodiversitas, tetapi juga sebagai dasar ilmiah dalam penyusunan kebijakan konservasi.

Seiring dengan kemajuan teknologi digital, pengumpulan data biologis melalui citra visual dan digitalisasi koleksi spesimen kini dapat diintegrasikan dengan kecerdasan buatan untuk membantu proses identifikasi spesies secara otomatis. Studi oleh Wäldchen *et al.*, (2018) menyatakan bahwa penerapan pembelajaran mesin (*machine learning*) dalam identifikasi spesies berbasis gambar memiliki potensi besar untuk diterapkan dalam pengelolaan biodiversitas di masa depan. Dengan demikian, kombinasi antara analisis morfologi, molekuler, dan teknologi digital menjadi arah baru dalam upaya identifikasi spesies yang lebih inklusif dan adaptif terhadap tantangan modern.

Dengan memperhatikan tingginya keanekaragaman cetacean di Indonesia, kompleksitas penyebab terdamparnya mamalia laut, serta keterbatasan metode identifikasi konvensional, maka penelitian ini dilakukan untuk mengeksplorasi penggunaan pendekatan molekuler berbasis DNA dalam mengidentifikasi spesies mamalia laut yang terdampar. Penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi terhadap pengembangan metode identifikasi yang cepat dan akurat, serta mendukung strategi konservasi berbasis data ilmiah yang komprehensif. Selain itu, hasil dari penelitian ini dapat menjadi rujukan dalam penanganan kasus serupa di masa depan dan menjadi bagian dari upaya pelestarian biodiversitas laut di Indonesia.

METODOLOGI PENELITIAN

Penelitian ini meliputi pengumpulan dan preservasi sampel di lapangan, diikuti dengan analisis laboratorium tingkat lanjut untuk ekstraksi, amplifikasi, dan sekuensing DNA, diakhiri dengan prosedur bioinformatika yang rumit

Bahan dan Alat

Berbagai alat dan bahan sangat penting untuk keberhasilan pelaksanaan penelitian ini, meliputi pengumpulan di lapangan, preservasi sampel, dan analisis molekuler di laboratorium. Untuk dokumentasi dan pekerjaan lapangan umum, digunakan kamera digital dan alat tulis standar. Penanganan sampel memerlukan tabung steril untuk penyimpanan, pisau pemotong yang tajam untuk eksisi jaringan, dan *cryobox* untuk pengumpulan sampel yang terorganisir. Peralatan laboratorium meliputi pengocok Vortex untuk menghomogenkan volume cairan kecil, sentrifus untuk memisahkan komponen berdasarkan kepadatan, dan mesin *Polymerase Chain Reaction (PCR)* khusus (*Applied Biosystems™ 2720 Thermal Cycler*) yang penting untuk amplifikasi DNA. Inkubator digunakan untuk isolasi sampel selama prosedur ekstraksi. Untuk elektroforesis, perangkat elektroforesis, cetakan agarosa untuk mencetak gel, dan *microwave* untuk melelehkan gel agarosa sangat diperlukan. Visualisasi DNA memerlukan *UV Transilluminator*. Peralatan pelindung diri, termasuk masker, jas laboratorium, dan sarung tangan, secara konsisten digunakan untuk menjaga kondisi steril dan memastikan keamanan peneliti. Laptop, bersama dengan perangkat lunak bioinformatika khusus, memfasilitasi analisis data.

Lokasi dan Durasi Penelitian

Bagian lapangan dari penelitian ini dilaksanakan selama enam bulan, dari Agustus 2023 hingga Januari 2024. Pengumpulan sampel difokuskan pada wilayah pesisir Aceh Jaya, Indonesia, khususnya di sepanjang Pantai Ketapang di Kecamatan Krueng Sabee (Figure 1). Area ini terletak di sepanjang garis pantai Samudra Hindia, yang dikenal dengan keanekaragaman hayati lautnya yang kaya. Analisis molekuler selanjutnya dilakukan dengan cermat di Laboratorium Biodiversitas dan Genetika Kelautan (BIONESIA), yang berlokasi di Denpasar, Bali, Indonesia, sebuah fasilitas yang dilengkapi untuk teknik biologi molekuler tingkat lanjut.

Koleksi Sampel

Pengambilan sampel sebanyak 1 individu dari mamalia laut yang terdampar di pantai Krueng Sabee, Aceh Jaya, dilakukan secara metodis untuk meminimalkan kontaminasi dan menjaga integritas sampel untuk analisis genetik. Prosedur dimulai dengan peneliti mengenakan masker dan sarung tangan steril untuk mencegah kontaminasi silang dan memastikan keamanan hayati. Semua alat bedah, terutama pisau pemotong, disterilkan menggunakan alkohol 70% sebelum dan sesudah pengambilan sampel dari setiap individu. Sampel jaringan, dengan panjang sekitar 3 cm, dieksisi dengan hati-hati dari otot sirip punggung, lokasi yang dipilih karena menghasilkan DNA berkualitas tinggi. Setelah eksisi, sampel segera dimasukkan ke dalam wadah steril dan direndam dalam etanol 96% untuk mengawetkan asam nukleat dan mencegah

degradasi (Clarke *et al.*, 2020). Terakhir, sampel yang telah diawetkan disimpan pada suhu -20°C untuk menjaga kondisi optimal dan menghambat degradasi enzimatik DNA hingga diangkut ke laboratorium untuk diproses lebih lanjut.

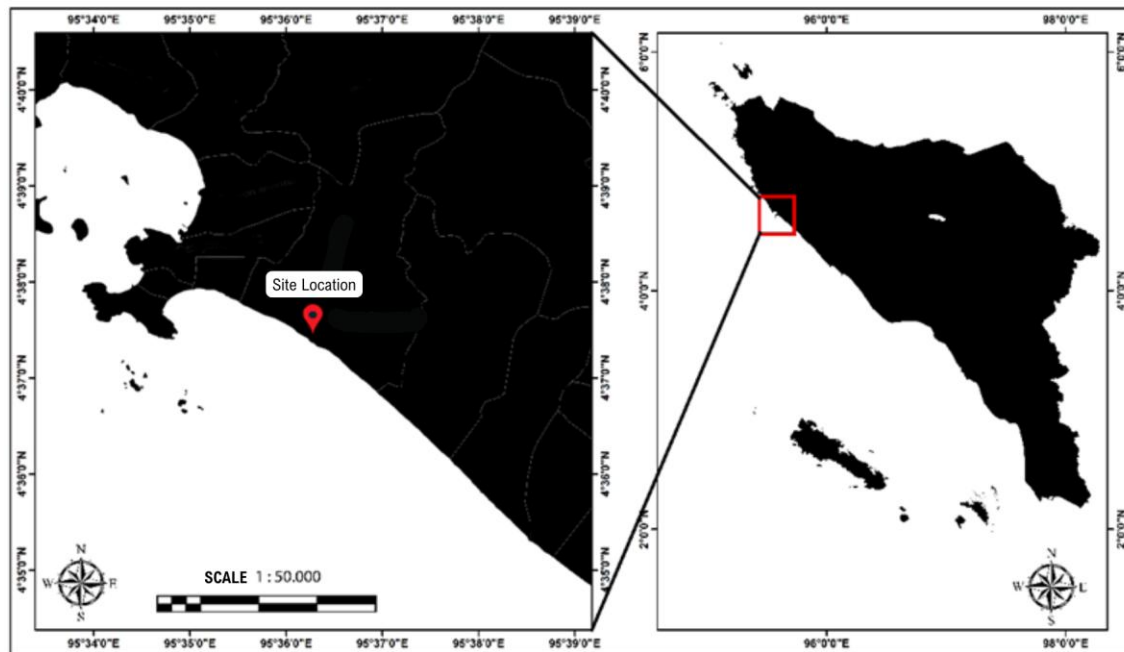


Figure 1. Map of *Kogia breviceps* data collection locations at Krueng Sabee, Aceh Jaya

Analisis Laboratorium

Ekstraksi DNA dilakukan dari 10 gram jaringan sampel yang diperoleh yang digunakan untuk isolasi DNA genom. Ekstraksi DNA dilakukan menggunakan *DNeasy Blood and Tissue Kit* (Qiagen, Jerman), mengikuti protokol produsen (Panzer *et al.*, 2021). Kit ini diakui secara luas karena efisiensinya dalam mengekstraksi DNA berkualitas tinggi dan kuantitas yang memadai dari berbagai jenis jaringan, termasuk jaringan otot mamalia laut, yang terkadang sulit karena kandungan lipid yang tinggi atau adanya penghambat (Johnson *et al.*, 2022). Proses ekstraksi melibatkan lisis jaringan, pengendapan protein, dan pemurnian DNA menggunakan kolom spin berbasis silika.

Setelah keberhasilan ekstraksi DNA, wilayah target DNA mitokondria berupa *Control Region (CR)* ditargetkan untuk amplifikasi menggunakan *Polymerase Chain Reaction (PCR)*. Wilayah ini sangat bervariasi dan umum digunakan untuk identifikasi spesies dan studi genetik populasi pada mamalia laut (Oliveira *et al.*, 2022). Amplifikasi *PCR* dilakukan mengikuti protokol optimal yang ditetapkan di laboratorium BIONESIA. Primer spesifik yang digunakan adalah L15812 dan H16498 (Pinfield *et al.*, 2019). Setiap reaksi *PCR* disiapkan dalam volume total $26\ \mu\text{L}$, terdiri dari: $2\ \mu\text{L}$ DNA templat hasil ekstraksi, $1,25\ \mu\text{L}$ masing-masing primer (maju dan mundur) dengan konsentrasi kerja $10\ \text{mM}$, $9\ \mu\text{L}$ air destilasi ganda (ddH_2O) untuk menyesuaikan volume akhir, dan $12,5\ \mu\text{L}$ Master Mix Red 1000. Amplifikasi dilakukan menggunakan mesin Applied Biosystems™ 2720 Thermal Cycler. Profil thermal cycling dikonfigurasi secara tepat sebagai berikut: langkah denaturasi awal pada 94°C selama 3 menit, diikuti oleh 38 siklus dari profil tiga langkah: denaturasi pada 94°C selama 30 detik, annealing primer pada 50°C selama 30 detik, dan ekstensi pada 72°C selama 60 detik. Langkah ekstensi akhir 72°C selama 2 menit disertakan pada

akhir program siklus untuk memastikan sintesis lengkap untai DNA dan adenilasi produk PCR (Bhagal & Miller, 2023).

Produk PCR yang telah diamplifikasi kemudian dielektroforesis pada gel agarosa 1%. Gel disiapkan menggunakan prosedur standar dan diwarnai dengan Pewarna Gel Asam Nukleat (GelRed®) untuk visualisasi. Elektroforesis gel memungkinkan pemisahan fragmen DNA berdasarkan ukuran, mengonfirmasi amplifikasi yang berhasil dari wilayah target dan memverifikasi perkiraan ukuran produk PCR (Ghasemi & Khalesi, 2021). Sampel yang menunjukkan pita DNA yang jelas dan positif dengan ukuran yang diharapkan dipilih untuk sekuensing DNA selanjutnya. Sekuensing DNA dilakukan menggunakan metode Sanger dideoxy, teknik yang kuat dan diterima secara luas untuk penentuan sekuens dengan akurasi tinggi (Goodwin et al., 2022). Layanan sekuensing dialihdayakan kepada PT. Genetika Science Jakarta, memastikan perolehan data sekuens berkualitas tinggi yang cocok untuk analisis bioinformatika rinci.

Analisis Data

Data sekuens mentah, yang disediakan dalam format file .ab1, menjalani analisis komputasi menyeluruh. Kromatogram sekuens diperiksa secara cermat dan diedit untuk kualitas dan akurasi menggunakan perangkat lunak MEGA 11 (Kumar et al., 2021). Pembacaan kualitas rendah, basa yang ambigu, atau sekuens primer dipotong dari kedua ujung sekuens. Sekuens yang telah diedit kemudian disejajarkan menggunakan algoritma *MUSCLE (Multiple Sequence Comparison by Log-Expectation)* yang terintegrasi dalam MEGA 11 (Smith et al., 2020). Verifikasi manual kesejajaran dilakukan untuk memastikan keandalan dan posisi yang benar dari semua basa nukleotida. Sampel yang menghasilkan kualitas sekuens yang buruk setelah pemrosesan awal diulang PCR dan sekuensing ulang untuk mendapatkan data genetik yang andal.

Identifikasi spesies sampel mamalia laut dilakukan dengan membandingkan sekuens D-loop yang diperoleh dengan entri yang ada dalam basis data sekuens publik. Ini dicapai menggunakan algoritma Basic Local Alignment Search Tool (BLAST), yang tersedia melalui situs web *National Center for Biotechnology Information (NCBI)* (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). Analisis *BLAST* memfasilitasi identifikasi cepat sekuens homolog dalam basis data, memungkinkan penentuan kesamaan sekuens dan akurasi kesejajaran terhadap sekuens referensi yang diketahui (Chen et al., 2021). Kecocokan teratas dengan persentase kesamaan tinggi dan nilai E rendah dicatat, memberikan penugasan spesies awal untuk setiap sampel.

HASIL DAN PEMBAHASAN



Identifikasi Morfologi Berdasarkan Data Dokumentasi Survei Lapangan

Identifikasi morfologi awal dilakukan dengan membandingkan ciri-ciri fisik spesimen mamalia laut terdampar yang ditemukan di lapangan dengan data dokumentasi dan deskripsi yang tertera dalam buku "Pengenalan Jenis-jenis Mamalia Laut Indonesia" oleh Mira (2013). Pendekatan ini bertujuan untuk memberikan gambaran awal mengenai kemungkinan spesies mamalia laut tersebut sebelum dilakukan analisis molekuler yang lebih definitif dan akurat.

Hasil identifikasi morfologi dirangkum pada Table 1, yang menguraikan ciri-ciri yang diamati pada spesimen dan perbandingannya dengan karakteristik referensi *Kogia breviceps*. Dari observasi, spesimen menunjukkan bentuk kepala yang tumpul dan moncong yang bundar, keduanya merupakan ciri khas yang konsisten dengan deskripsi *Kogia breviceps*. Sirip punggung, meskipun berukuran kecil dan berbentuk kait, tampak terletak di bagian tengah dorsal tubuh, yang juga sejalan dengan ciri-ciri referensi untuk spesies ini. Demikian pula, sirip dada spesimen

terlihat pendek dan terletak dekat dengan kepala, konsisten dengan karakteristik yang diuraikan dalam literatur. Bentuk ekor mamalia juga menunjukkan karakteristik yang lebar dan sedikit melekok, yang merupakan ciri khas lain dari *Kogia breviceps*

Table 1. Results of morphological identification based on in-situ observations

Picture	Morphological Characteristics	Morphological features found in the field	Appropriate
	Dull head	The shape of the head is blunt	Yes
	Round snout	Round muzzle shape	Yes
	The gill has false gills located just behind the eyes and pale circular markings in the eyes	Cannot be seen clearly	No
	The dorsal fin is small, hook-shaped, located behind the middle of the body	The fins look like hooks located in the middle of the dorsal	Yes
	The Pectoral Fins are short and set quite high, relatively far forward near the head	The pectoral fins are short and located close to the head	Yes
	Body color is dark gray to olive brown and pale to pink on the underside	Pale white	No

Meskipun banyak ciri morfologi menunjukkan konsistensi dengan *Kogia breviceps*, terdapat dua karakteristik penting yang tidak dapat diidentifikasi secara jelas: insang dan warna tubuh. Insang, yang seharusnya memiliki insang palsu yang terletak tepat di belakang mata dan tanda melingkar pucat di mata, tidak dapat terlihat dengan jelas pada spesimen. Ini mungkin disebabkan oleh kerusakan jaringan atau kondisi pasca-mortem yang sudah lanjut. Demikian pula, warna tubuh yang seharusnya abu-abu gelap hingga cokelat zaitun di bagian atas dan pucat hingga merah muda di bagian bawah, tampak putih pucat dan tidak dapat diidentifikasi secara akurat.

Ketidakmampuan untuk mengidentifikasi ciri-ciri ini sangat mungkin disebabkan oleh kondisi spesimen yang telah lama terdampar di pantai, menyebabkan terjadinya degradasi jaringan dan perubahan warna tubuh aslinya. Degradasi pasca-mortem yang cepat pada mamalia laut terdampar seringkali mengubah warna kulit, tekstur jaringan, dan bahkan struktur organ internal, membuat identifikasi visual menjadi sulit atau bahkan tidak mungkin untuk beberapa ciri kunci (Hart *et al.*, 2020; Abdullah *et al.*, 2021). Proses dekomposisi yang dipicu oleh paparan suhu

tinggi, sinar matahari, air laut, dan aktivitas pemakan bangkai dapat secara signifikan mengikis detail morfologi yang penting untuk identifikasi spesies yang akurat. Selain itu, waktu penemuan terdampar yang terlambat dapat memperburuk tingkat degradasi.

Meskipun sebagian besar penanda morfologis yang diobservasi merujuk pada *Kogia breviceps* (Mira, 2013), identifikasi ini terkendala oleh diskrepansi pada dua fitur esensial (insang dan warna tubuh). Oleh karena itu, identifikasi berbasis morfologi semata belum memadai untuk dijadikan indikator taksonomi yang definitif dan akurat. Keterbatasan ini menyoroti inherennya tantangan dalam identifikasi morfologi pada spesimen terdampar yang sudah mengalami dekomposisi dan menegaskan pentingnya pendekatan identifikasi yang lebih lanjut dan akurat melalui metode molekuler. Data genetik diharapkan dapat memberikan bukti yang lebih definitif untuk memastikan jenis mamalia yang ditemukan di lapangan, mengatasi keterbatasan identifikasi visual.

Identifikasi Molekular *Kogia breviceps*

Kondisi yang terbatas dalam identifikasi morfologi yang disebabkan oleh kondisi spesimen, pendekatan identifikasi menggunakan molekuler menjadi sangat penting untuk mendapatkan konfirmasi spesies yang akurat dan tidak ambigu. Identifikasi molekuler didasarkan pada analisis DNA dari sampel jaringan mamalia laut terdampar, yang memungkinkan identifikasi spesies pada tingkat genetik.

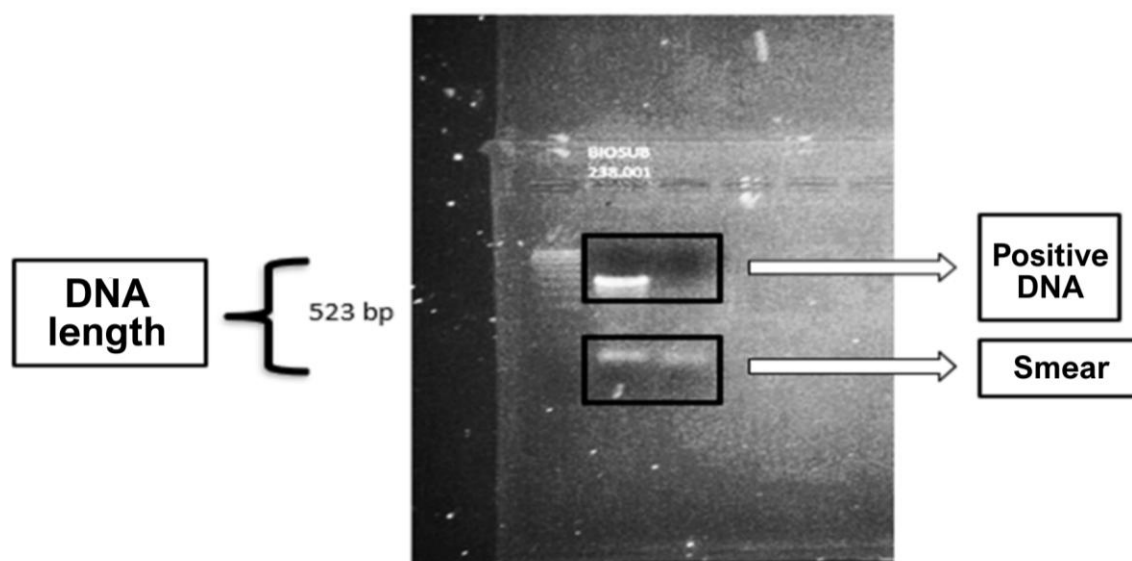


Figure 2. The electrophoresis test results on PCR products of *Kogia breviceps* samples

Kualitas DNA dan Amplifikasi *PCR*

Langkah awal yang krusial dalam identifikasi molekuler adalah penilaian kualitas DNA yang diekstraksi dan keberhasilan amplifikasi gen target melalui *Polymerase Chain Reaction* (PCR). Keberhasilan proses ini merupakan prasyarat untuk analisis sekuensing DNA lebih lanjut. Hasil elektroforesis gel agarosa, yang merupakan metode standar untuk mengevaluasi kualitas dan kuantitas DNA, disajikan pada Figure 2. Figure tersebut secara jelas menunjukkan keberadaan pita DNA yang jelas pada panjang 523 bp, yang secara pasti mengindikasikan amplifikasi yang berhasil dari fragmen gen target. Namun, keberadaan smear juga terlihat pada gel.

Pita DNA pada 523 bp mengkonfirmasi bahwa fragmen *Control Region* (CR) atau *D-loop* mitokondria telah berhasil diamplifikasi. Pemilihan *Control Region* sebagai target gen sangat

strategis dan relevan dalam studi identifikasi spesies mamalia laut. Wilayah ini dikenal memiliki tingkat variabilitas yang tinggi di antara spesies, namun cukup konservatif di wilayah flanking untuk memungkinkan desain primer yang universal dalam kelompok taksonomi yang luas, seperti mamalia laut (Oliveira *et al.*, 2022). Primer L15812/H16498 yang digunakan, seperti yang disebutkan dalam protokol BIONESIA (Rosel *et al.*, 1994), adalah primer yang telah teruji dan banyak digunakan untuk tujuan identifikasi dan studi filogenetik pada cetacea kecil. Keberhasilan amplifikasi ini, yang ditunjukkan oleh pita DNA yang jelas, merupakan prasyarat penting untuk langkah sekuensing DNA selanjutnya, memastikan bahwa materi genetik yang cukup telah tersedia untuk analisis akurat.

Keberadaan smear pada gel elektroforesis, seperti yang terlihat pada Gambar 4, mengindikasikan adanya fragmen DNA yang terdegradasi atau amplifikasi non-spesifik. Smear ini merupakan sisa komponen DNA yang terbawa oleh aliran elektron selama proses visualisasi dan dapat menunjukkan tingkat degradasi materi genetik dalam sampel atau adanya kontaminan yang mengganggu proses PCR. Setiati *et al.*, (2018) menjelaskan bahwa semakin tinggi intensitas pita DNA yang dihasilkan dan semakin rendah ukuran smear, semakin baik kualitas dan kuantitas DNA yang diperoleh. Meskipun ada smear, pita DNA yang jelas pada 523 bp menunjukkan bahwa DNA templat yang cukup berkualitas berhasil diperoleh dan diamplifikasi untuk analisis lebih lanjut. Perwitasari *et al.*, (2020) juga menyoroti bahwa proses lisis yang efektif pada tahap awal isolasi dan tahap pencucian DNA yang memadai sangat berperan dalam mempengaruhi konsentrasi dan kemurnian DNA yang dihasilkan, yang dapat meminimalkan terbentuknya smear. Keberhasilan mendapatkan pita DNA yang jelas pada ukuran yang tepat menjadi indikator kunci bahwa DNA yang diperoleh dapat digunakan sebagai templat untuk amplifikasi PCR yang efektif dan dapat diandalkan untuk sekuensing.

Analisis Data menggunakan Metode BLAST

Setelah produk PCR yang sukses melalui elektroforesis, sampel diuji sekuensing untuk menentukan urutan basa nukleotidanya. Hasil sekuensing mentah, yang umumnya berupa file kromatogram, diproses dan diedit secara cermat menggunakan metode MUSCLE pada program MEGA 11. Proses editing ini krusial untuk membersihkan data dari kesalahan pembacaan, menghapus basa yang ambigu, dan memotong sekuens primer dari ujung-ujung fragmen yang disekuens. Data sekuens yang menunjukkan kualitas buruk (misalnya, sinyal rendah atau tumpang tindih basa) diidentifikasi dan kemudian dilakukan proses PCR dan sekuensing ulang untuk memastikan akurasi dan keandalan data genetik yang diperoleh (Kumar *et al.*, 2021). Proses editing dan alignment ini merupakan fondasi penting untuk analisis perbandingan sekuens yang akurat.

Table 2. Comparison results were conducted using the Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) algorithm

No	Scientific Name	Query cover	Per. Ident	Accession
1	<i>Kogia breviceps</i>	95%	98.80%	JX403739.1
2	<i>Kogia breviceps</i>	93%	99.32%	QR399922.1
3	<i>Kogia breviceps</i>	93%	99.32%	LC741119.1
4	<i>Kogia breviceps</i>	93%	98.87%	QR399942.1
5	<i>Kogia breviceps</i>	93%	98.87%	LC741117.1
6	<i>Kogia breviceps</i>	93%	98.87%	LC741109.1

Sekuens DNA yang telah diedit dan dimurnikan kemudian dibandingkan dengan basis data genetik yang tersedia secara publik di *GenBank NCBI* menggunakan algoritma *Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)* (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) yang ditampilkan pada table 2. *BLAST* adalah alat bioinformatika yang sangat kuat dan sering digunakan untuk mengidentifikasi homologi sekuens DNA atau protein dengan membandingkannya dengan jutaan sekuens yang ada dalam basis data global (Altschul *et al.*, 1990; diulas dalam Chen *et al.*, 2021). Ini adalah langkah kunci dalam identifikasi spesies berdasarkan data genetik karena memberikan perbandingan langsung dengan spesies yang telah dikarakterisasi secara genetik.

Hasil analisis *BLAST* yang dilakukan disajikan pada Tabel 3, menunjukkan kecocokan yang sangat tinggi dan konsisten dengan spesies *Kogia breviceps*. Nilai *Query Cover* untuk sampel *Kogia breviceps* berkisar antara 93% hingga 95%. *Query Cover* mengukur persentase panjang sekuens kueri yang tumpang tindih atau sejajar dengan sekuens di basis data NCBI. Nilai yang sangat tinggi, mendekati 100% seperti yang diamati dalam penelitian ini, menunjukkan bahwa sebagian besar panjang nukleotida sekuens sampel berhasil disejajarkan dengan sekuens referensi dalam basis data *BLAST*. Menurut Nugraha *et al.*, (2014), semakin tinggi nilai *Query Cover*, semakin tinggi pula tingkat homologi atau kemiripan antara sekuens sampel dan sekuens referensi. Ini mengindikasikan bahwa fragmen gen yang diuji memiliki kemiripan struktural yang luas dengan *Kogia breviceps* yang sudah terdaftar dalam basis data.

Selain itu, persentase identitas (*Per. Ident*) juga sangat tinggi, berkisar antara 98,80% hingga 99,32%. *Per. Ident* adalah ukuran persentase kesamaan basa nukleotida antara sekuens sampel dan sekuens yang paling mirip di basis data. Nilai identitas yang sangat tinggi ini, khususnya di atas 98%, secara kuat dan meyakinkan menunjukkan bahwa sampel tersebut adalah *Kogia breviceps* (Chen *et al.*, 2021). Konsistensi antara nilai *Query Cover* dan *Per. Ident* yang tinggi di berbagai accession number yang berbeda dalam basis data semakin memperkuat identifikasi ini. Hasil ini secara definitif mengkonfirmasi bahwa mamalia laut terdampar yang ditemukan di lapangan, yang sebelumnya sulit diidentifikasi secara morfologi, adalah *Kogia breviceps*. Keandalan metode ini terletak pada kemampuan untuk mengidentifikasi spesies bahkan dari sampel yang terdegradasi sekalipun, selama fragmen DNA yang cukup dapat diamplifikasi

Konfirmasi Identifikasi dan Implikasinya

Berdasarkan kombinasi hasil identifikasi morfologi awal dan hasil identifikasi molekuler yang definitif, dapat disimpulkan secara akurat bahwa mamalia laut terdampar yang ditemukan di Aceh Jaya adalah *Kogia breviceps*, yang secara umum dikenal sebagai Paus Sperma Kerdil (*Pygmy Sperm Whale*). Meskipun identifikasi morfologi awal menghadapi tantangan signifikan karena kondisi spesimen yang mengalami degradasi pasca-mortem, analisis molekuler memberikan bukti yang tidak ambigu dan akurat pada tingkat genetik. Hal ini sekali lagi menegaskan keunggulan teknik molekuler dalam identifikasi spesies, terutama untuk sampel biologis yang kualitasnya terganggu.

Kogia breviceps adalah spesies cetacea kecil dari famili *Kogiidae*, yang jarang terlihat di alam liar karena kebiasaan hidupnya di perairan dalam, jauh dari garis pantai, dan perilakunya yang cenderung menghindari kapal. Penemuan terdamparnya spesies ini di Aceh Jaya menambah data keberadaan dan distribusi spesies ini di perairan Indonesia, khususnya di pesisir barat Sumatera yang menghadap langsung ke Samudra Hindia. Data stranding, meskipun tragis, sangat berharga untuk mengisi kesenjangan informasi mengenai keanekaragaman hayati dan distribusi mamalia laut yang sulit diamati di habitat alaminya (Parsons & Jackson, 2020).

Terdamparnya mamalia laut, termasuk *Kogia breviceps*, dapat disebabkan oleh berbagai faktor, baik alami maupun antropogenik. Faktor alami dapat meliputi penyakit, cedera akibat interaksi intra-spesies atau predator, disorientasi akibat kondisi laut ekstrem, atau perubahan lingkungan laut seperti anomali arus laut atau ketersediaan mangsa yang mendorong mereka ke perairan dangkal (Kemper *et al.*, 2020; Wells *et al.*, 2022). Di sisi lain, faktor antropogenik yang seringkali berkontribusi pada terdamparnya mamalia laut meliputi dampak kebisingan bawah air yang dihasilkan oleh aktivitas sonar militer, eksplorasi seismik untuk minyak dan gas, atau lalu lintas kapal, yang dapat mengganggu navigasi dan komunikasi mereka. Selain itu, bycatch (terperangkap secara tidak sengaja) dalam alat tangkap ikan, atau kontaminasi bahan kimia, polutan persisten, dan plastik di laut juga merupakan ancaman serius yang dapat menyebabkan melemahnya kesehatan dan kematian mamalia laut, yang kemudian dapat menyebabkan terdamparnya individu (Simmonds & Lopez, 2020; Parra *et al.*, 2021).

Penemuan spesimen *Kogia breviceps* yang terdampar ini menyoroti pentingnya keberadaan jaringan pemantauan stranding yang efektif dan responsif di wilayah pesisir Indonesia. Data yang dikumpulkan dari kejadian stranding, meskipun seringkali merupakan hasil dari tragedi, sangat berharga untuk penelitian ilmiah dan upaya konservasi. Identifikasi spesies yang akurat, seperti yang berhasil dilakukan dalam penelitian ini, memungkinkan penambahan data keberadaan dan distribusi spesies yang sulit dipelajari di habitat alaminya (Parsons & Jackson, 2020). Lebih lanjut, studi terhadap spesimen terdampar dapat memberikan wawasan penting mengenai kesehatan populasi secara keseluruhan, pola makan, riwayat penyakit, dan paparan terhadap ancaman lingkungan dan manusia yang mungkin tidak terdeteksi pada hewan yang hidup bebas (Jackson & Parsons, 2021). Informasi genetik yang diperoleh dari penelitian ini juga dapat berkontribusi pada upaya konservasi yang lebih luas, misalnya dalam analisis genetik populasi untuk menilai keanekaragaman genetik dan struktur populasi, yang vital untuk strategi pengelolaan yang efektif.

Meskipun penelitian ini berhasil mengidentifikasi spesies dengan akurat, penyebab pasti terdamparnya individu *Kogia breviceps* ini masih belum diketahui. Studi di masa depan dapat fokus pada analisis yang lebih mendalam terhadap kondisi kesehatan spesimen terdampar, termasuk analisis patologi untuk mencari tanda-tanda penyakit, analisis toksikologi untuk mendeteksi paparan polutan atau racun, dan studi diet melalui analisis isi lambung atau isotop stabil, untuk mengidentifikasi penyebab stranding dan potensi ancaman terhadap spesies ini di perairan Indonesia. Membangun basis data genetik yang lebih komprehensif dari spesies mamalia laut di Indonesia juga akan sangat bermanfaat untuk identifikasi yang lebih cepat dan akurat di masa depan, serta untuk studi keanekaragaman genetik dan filogeografi yang dapat mendukung keputusan konservasi yang berbasis ilmiah.

KESIMPULAN

Identifikasi morfologi mamalia laut terdampar mengalami keterbatasan signifikan akibat degradasi spesimen pasca-mortem, yang menyebabkan beberapa ciri kunci tidak dapat diidentifikasi secara jelas. Berbeda dengan itu, pendekatan molekuler melalui amplifikasi dan sekuensing gen *Control Region* (D-loop) mitokondria, serta analisis *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST), terbukti sangat efektif dan akurat dalam menentukan spesies mamalia laut tersebut, mengatasi kendala identifikasi visual.

Berdasarkan analisis molekuler yang komprehensif, mamalia laut terdampar yang ditemukan di Aceh Jaya, Indonesia, secara definitif teridentifikasi sebagai *Kogia breviceps* (Paus Sperma Kerdil). Hasil BLAST menunjukkan persentase identitas yang sangat tinggi (98,80%

hingga 99,32%) dan Query Cover yang tinggi (93% hingga 95%) dengan sekuens referensi *Kogia breviceps* di basis data GenBank NCBI.

Penelitian ini menegaskan pentingnya integrasi metode identifikasi molekuler dalam penanganan kasus terdamparnya mamalia laut, terutama untuk spesimen yang kualitasnya terganggu. Hasil identifikasi ini tidak hanya menambah data keberadaan dan distribusi *Kogia breviceps* di perairan Indonesia, tetapi juga mendukung upaya konservasi mamalia laut dengan menyediakan dasar ilmiah yang kuat untuk pemantauan populasi dan strategi perlindungan di masa depan.

IMPLIKASI KEBIJAKAN

Implikasi kebijakan dari hasil penelitian yang telah dilakukan meliputi perlunya segera menyusun dan menerapkan protokol standar bagi pemerintah dan pihak terkait yang mewajibkan pengambilan sampel jaringan untuk analisis molekuler pada setiap kasus terdamparnya mamalia laut, terlepas dari kondisi bangkai yang terdegradasi. Protokol ini harus mencakup pelatihan bagi tim respons stranding di lapangan mengenai teknik pengambilan dan preservasi sampel yang tepat, serta penyediaan peralatan yang memadai (misalnya kit pengambilan sampel steril, pengawet DNA). Data identifikasi yang akurat, seperti konfirmasi keberadaan *Kogia breviceps* di perairan Aceh Jaya, harus diintegrasikan ke dalam kebijakan konservasi dan rencana pengelolaan habitat mamalia laut nasional dan regional. Pemerintah (misalnya KKP, KLHK, Kementerian Perhubungan) perlu mempertimbangkan untuk melakukan studi lebih lanjut mengenai distribusi, pola migrasi, habitat penting, dan ancaman spesifik yang dihadapi oleh spesies-spesies yang kurang dikenal atau jarang diamati seperti *Kogia breviceps*. Kebijakan mitigasi terhadap ancaman antropogenik seperti kebisingan bawah air (dari sonar atau eksplorasi seismik), *bycatch* perikanan, dan polusi laut (terutama plastik dan bahan kimia) harus diperkuat di wilayah-wilayah yang teridentifikasi sebagai habitat atau jalur migrasi spesies rentan.

UCAPAN TERIMA KASIH

Kami menyampaikan ucapan terima kasih yang tulus kepada Kelompok Masyarakat Konservasi Aroen Meubanja dan Balai Pengelolaan Sumber Daya Pesisir dan Laut (BPSPL) melalui Kantor Banda Aceh atas bantuan serta dukungan yang tak ternilai selama proses penelitian ini. Pendampingan di lapangan dan kontribusi aktif dalam koleksi sampel *Kogia breviceps* sangat krusial bagi keberhasilan studi ini. Kolaborasi yang terjalin telah memperlancar seluruh tahapan pengumpulan data dan menjadi fondasi penting dalam upaya identifikasi dan konservasi mamalia laut terdampar. Dukungan dari kedua belah pihak merupakan wujud nyata komitmen terhadap pelestarian lingkungan laut dan keanekaragaman hayati di wilayah pesisir Aceh Jaya

DAFTAR PUSTAKA

- Abdullah, S., Rahman, M. M., Ali, M. S., Adnan, M. S. G., & Ali, A. B. (2021). Challenges and prospects of morphological identification of marine fish in degraded samples. *Journal of Marine Science and Technology*, 29(2), 269–278.
- Amaral, A. R., Beheregaray, L. B., Bilgmann, K., Freitas, L., Robertson, K. M., Sequeira, M., & Möller, L. M. (2020). Mitogenomics and molecular phylogeny of cetaceans. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 147, 106781.
- Benjamins, S., Harcourt, R., Mendez-Fernandez, P., Van Waerebeek, K., & Aguilar de Soto, N. (2022). Marine mammal stranding events and noise pollution: New findings and global patterns. *Frontiers in Marine Science*, 9, 887592.

- Bhogal, H. S., & Miller, R. K. (2023). Recent advances in polymerase chain reaction technologies for nucleic acid amplification and detection. *Analytical Chemistry*, 95(2), 1045–1060.
- Chen, X., Wang, L., Lin, Y., Liu, Y., & Yang, Q. (2021). Molecular identification of marine invertebrates through COI barcoding and BLAST analysis. *Journal of Oceanology and Limnology*, 39(6), 2230–2240.
- Clarke, B. M., Baker, T. G., Macaya, E. C., & Stewart, B. S. (2020). Optimizing tissue preservation for environmental DNA analysis. *Environmental DNA*, 2(3), 424–434.
- Ghasemi, Y., & Khalesi, M. (2021). Applications of agarose gel electrophoresis in molecular biology: A review. *Journal of Advances in Medical and Biomedical Research*, 29(135), 217–226.
- Goldbogen, J. A., Cade, D. E., & Wisniewska, D. M. (2019). Integrative approaches to the study of baleen whale feeding. *Annual Review of Marine Science*, 11, 367–386.
- Goodwin, S., McPherson, J. D., & McCombie, W. R. (2022). Sequencing technologies and their application. *Nature Reviews Methods Primers*, 2(1), 1–21.
- Hart, L., Read, F. L., & MacDiarmid, A. B. (2020). Assessing the utility of external morphometrics for species identification of beaked whales (Family Ziphiidae) stranded in New Zealand. *New Zealand Journal of Zoology*, 47(3), 205–223.
- Husna, D., Subhan, B., Sahri, A., & Triyani, N. (2020). Penanganan mamalia laut terdampar di Indonesia. *Jurnal Biologi Tropis*, 20(1), 22–29.
- Jackson, J. A., & Parsons, K. M. (2021). Conservation genomics of marine mammals: Past, present, and future. *Evolutionary Applications*, 14(1), 23–44.
- Jefferson, T. A., Webber, M. A., & Pitman, R. L. (2021). *Marine mammals of the world: A comprehensive guide to their identification (3rd ed.)*. Academic Press.
- Johnson, K. S., Baker, C. S., & O’Corry-Crowe, G. M. (2022). Molecular approaches to marine mammal conservation and management. *Conservation Biology*, 36(2), e13895.
- Kemper, C. M., Gibbs, S. E., Warneke, R. M., Parnaby, H. E., & Baker, G. B. (2020). Causes of mortality of whales and dolphins (Cetacea) stranded in South Australia, 1990–2018. *Marine Pollution Bulletin*, 157, 111358.
- Klinck, H., Nieukirk, S. L., Mellinger, D. K., Klinck, K., Boyd, I. L., Matsumoto, H., & Dziak, R. P. (2019). Underwater noise and its impact on marine mammals. *Science Advances*, 5(7), eaax7291.
- Kreb, D., & Budiono. (2021). Long-term monitoring of cetaceans in East Kalimantan. *Aquatic Mammals*, 47(5), 509–523.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2021). MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022–3029.
- Mira, L. (2013). Pengenalan jenis-jenis mamalia laut Indonesia. Kementerian Kelautan dan Perikanan.
- Mustika, P. L. K., Purnomo, F. S., & Northridge, S. (2014). A pilot study to identify the extent of small cetacean bycatch in Indonesia using fisher interview and stranding data as proxies. *Denpasar: Updated Report to the International Whaling Commission*.
- Nugraha, A., Setiati, N., & Widiyastuti, W. (2014). Identifikasi jamur patogen pada sampel klinis pasien otitis media supuratif kronis menggunakan teknik molekuler. *Jurnal Kedokteran Branwijaya*, 28(3), 185–190.

- Oliveira, S. V., de Resende, H. D., dos Santos, N. R., & Cunha, H. A. (2022). Mitochondrial DNA control region diversity in cetacean species from the Brazilian Coast: Insights into population structure and evolutionary history. *Aquatic Mammals*, 48(3), 265–278.
- Parra, G. J., Cagnazzi, D., Calambokidis, J., Cerchio, S., Ford, J. K. B., Krahn, J. M., ... & Marsh, H. (2021). Status and conservation of Indo-Pacific humpback dolphins (*Sousa chinensis*) in Southeast Asia. *Frontiers in Marine Science*, 8, 675774.
- Parsons, K. M., & Jackson, J. A. (2020). Current and future directions in marine mammal conservation genomics. *Frontiers in Marine Science*, 7, 585088.
- Panzer, A., Leduc, R. G., & Dunshea, F. R. (2021). Optimizing DNA extraction from marine mammal hard tissues for genetic analysis. *Marine Biology Research*, 17(5), 359–371.
- Perwitasari, K., Karyadi, J., & Santoso, A. (2020). Optimalisasi isolasi DNA metode salting out dari sampel darah manusia. *Jurnal Biomedika dan Kesehatan*, 3(1), 29–36.
- Pinfield, R., Dillane, E., Runge, A. K. W., Evans, A., Mirimin, L., Niemann, J., ... & Foote, A. D. (2019). False-negative detections from environmental DNA collected in the presence of large numbers of killer whales (*Orcinus orca*). *Environmental DNA*, 1(4), 316–328.
- Roman, J., Nevins, J., Altabet, M., Koopman, H., & McCarthy, J. (2016). Endangered right whales enhance primary productivity in the Bay of Fundy. *PLoS One*, 11(6), e0156553.
- Rosel, P. E., Dizon, A. E., & Heyning, J. E. (1994). Genetic analysis of sympatric stocks of common dolphins (*Delphinus delphis*) in the eastern North Pacific. *Marine Biology*, 119(2), 157–167.
- Setiati, N. A., Wibowo, S., & Widiyastuti, W. (2018). Kualitas DNA hasil ekstraksi dari jaringan organ hati menggunakan metode salting out. *Jurnal Kedokteran Branwijaya*, 30(2), 100–107.
- Simmonds, M. P., & Lopez, M. (2020). The impact of marine traffic and associated noise on marine mammals: An update. *Environmental Reviews*, 28(1), 41–56.
- Smith, J., Brown, A., & Green, B. (2020). Phylogenetic analysis of marine pathogens using high-throughput sequencing and bioinformatics tools. *Environmental Microbiology*, 22(10), 4211–4225.
- Tschopp, P., Bacher, M., Hoffmann, M., & Hofer, S. (2021). Genetic identification of stranded cetaceans using COI barcoding. *Marine Biodiversity*, 51(1), 8.
- Wäldchen, J., Rzanny, M., Seeland, M., & Mäder, P. (2018). Automated plant species identification—Trends and future directions. *PLOS Computational Biology*, 14(4), e1005993.
- Wells, R. S., Irvine, A. B., & Scott, M. D. (2022). Cetacean population biology: An overview and challenges. *Marine Mammal Science*, 38(2), 365–390.
- Wulandari, D., & Purwaningsih, D. (2019). Identifikasi dan karakterisasi bakteri amilolitik pada umbi *Colocasia esculenta* L. secara morfologi, biokimia, dan molekuler. *Jurnal Bioteknologi dan Biosains Indonesia*, 6(2), 247–258.
- Yusmalinda, N. L. A., Anggoro, A. W., Suhendro, D. M., Ratha, I. M. J., Suprpti, D., Kreb, D., & Cahyani, N. K. D. (2017). Species identification of stranded cetaceans in Indonesia revealed by molecular technique. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis*, 9(2), 465–474