

ABSTRAK

KAJIAN KERAGAMAN GENETIK GEN *CYTOCHROME OXIDASE* SUBUNIT II IKAN TENGGIRI (*Scomberomorus* sp.) ASAL JAWA, KALIMANTAN, DAN MALUKU

Jeannet Budiman Limiano
19/442204/KH/10128

Ikan tenggiri adalah salah satu komoditas perikanan terbesar di Indonesia yang memiliki nilai komersial serta kandungan gizi yang tinggi. Permintaan pasar yang terus meningkat dapat menyebabkan penangkapan yang tak terkendali. Berdasarkan data IUCN, ikan tenggiri berada dalam kategori *Near Threatened*. Oleh karena itu, usaha pengawasan pertumbuhan secara berkelanjutan sangat penting untuk menjaga kelestarian spesies ini, salah satunya dengan kajian substansial seperti genetik. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dan menganalisis keanekaragaman genetik ikan tenggiri asal Jawa, Kalimantan, dan Maluku berdasarkan gen penyandi *Cytochrome C Oxidase Subunit II* (COII).

Sampel merupakan isolat DNA dari muskulus ikan tenggiri yang berasal dari beberapa daerah di Indonesia. Isolat DNA diamplifikasi dengan PCR menggunakan primer CO2TenggiriF dan CO2TenggiriR. Didapatkan 869bp produk PCR yang kemudian dilakukan sekuensing. Hasil sekuensing dianalisis dengan membandingkan spesies dari *GenBank* untuk mengetahui keragaman genetik dan filogenetik menggunakan MEGA11.

Hasil analisis didapatkan gen COII tersusun atas 691bp yang diterjemahkan menjadi 230 asam amino. Analisis menunjukkan adanya situs yang beragam antar sampel, yaitu 85 situs nukleotida dan 10 situs asam amino. Analisis filogenetik gen COII menggunakan metode *Neighbor-Joining* dengan 1000x *bootstrap* didapatkan sampel asal Ambon, Rembang, Banjarmasin (A), dan Cilacap berkerabat dekat dengan *Scomberomorus cavalla* (DQ536428.1) dengan jarak genetik 9–13,3%, sedangkan sampel asal Banjarmasin (B, C) berkerabat dekat dengan *Scomberomorus niphonius* (GU109281.1) dengan jarak genetik 12,6%.

Kata kunci: ikan tenggiri, gen *Cytochrome C Oxidase Subunit II* (COII), PCR, *Scomberomorus* sp., sekuensing

ABSTRACT

STUDY OF GENETIC DIVERSITY BASED ON CYTOCHROME C OXIDASE SUBUNIT II GENE OF TENGGIRI FISH (*Scomberomorus* sp.) FROM JAVA, KALIMANTAN, AND MALUKU

Jeannet Budiman Limiano
19/442204/KH/10128

Tenggiri fish is one of the largest fishery commodities in Indonesia which has high commercial value and nutritional content. Increasing market demand can lead to uncontrollable fishing. Based on IUCN data, tenggiri fish is in the Near Threatened category. Therefore, efforts to monitor growth sustainably are very important to preserve this species, one of which is through genetic studies. This study aims to identify and analyze the genetic diversity of tenggiri fish from Java, Kalimantan, and Maluku based on Cytochrome C Oxidase Subunit II (COII) gene.

The sample is a DNA isolate from mackerel musculus originating from several regions in Indonesia. DNA isolates were amplified by PCR using CO2TenggiriF and CO2TenggiriR primers. 869bp of PCR product was obtained which was then sequenced. Sequencing results were analyzed by comparing species from GenBank to determine genetic and phylogenetic diversity using MEGA11.

The analysis results show that the COII gene is composed of 691bp which is translated into 230 amino acids. The analysis showed that there were various sites between samples, namely 85 nucleotide sites and 10 amino acid sites. Phylogenetic analysis of the COII gene using the Neighbor-Joining method with 1000x bootstrap found that samples from Ambon, Rembang, Banjarmasin (A), and Cilacap are closely related to *Scomberomorus cavalla* (DQ536428.1) with a genetic distance of 9–13.3%. In contrast, samples from Banjarmasin (B, C) are closely related to *Scomberomorus niphonius* (GU109281.1) with a genetic distance of 12.6%.

Key words: *Cytochrome C Oxidase Subunit II* (COII) gene, PCR, *Scomberomorus* sp., sequencing, tenggiri fish