

ABSTRAK

ANALISIS KERAGAMAN GENETIK IKAN TENGGIRI (*Scomberomorus sp.*) ASAL KUPANG, KENDARI, DAN FAKFAK BERDASAR SEKUENS GEN SITOKROM B

Muhammad Raihan Alfarabi
20/455281/KH/10443

Ikan tenggiri (*Scomberomorus sp.*) merupakan salah satu ikan yang masuk dalam komoditas perairan unggulan di Indonesia. Spesies ikan ini banyak dimanfaatkan sebagai bahan dalam pembuatan olahan makanan hampir di seluruh dunia. Sebagai negara kepulauan yang memiliki luas lautan cukup besar, Indonesia memiliki berbagai jenis spesies ikan tenggiri yang tersebar di seluruh wilayah perairannya. Permintaan pasar yang tinggi terhadap komoditas ikan ini dapat meningkatkan potensi eksploitasi yang berlebihan dan mengganggu keseimbangan terhadap spesies ikan ini di alam bebas. Berdasarkan data IUCN, ikan tenggiri berada dalam kategori *Near Threatened*. Oleh karena itu, usaha dalam menjaga kelestarian ikan ini secara berkelanjutan harus terus dilakukan salah satunya dengan melalui pendekatan genetik. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui kekerabatan dan filogenetik ikan tenggiri (*Scomberomorus sp.*) yang berasal dari Kupang, Kendari, dan Fakfak berdasarkan sekuens gen sitokrom b.

Sampel yang digunakan dalam penelitian merupakan isolat DNA yang diambil dari muskulus dorsalis ikan tenggiri asal Kendari, Kupang, dan Fakfak. Isolat DNA diamplifikasi dengan PCR menggunakan *primer forward* cytBbaruF dan *primer reverse* cytBbaruR. Pada proses PCR didapatkan 1.311 bp produk PCR yang kemudian dilakukan sekuensing. Hasil sekuensing dianalisis dengan menggunakan MEGA versi 11 dan dibandingkan dengan sampel pembanding asal GenBank untuk mengetahui hubungan kekerabatan dan filogenetiknya.

Hasil analisis menunjukkan bahwa gen sitokrom b tersusun dari 1.141 basa nukleotida yang diterjemahkan menjadi 380 asam amino dengan 141 situs nukleotida dan 12 asam amino yang bervariasi. Analisis hubungan kekerabatan dan filogenetik menunjukkan bahwa sampel ikan tenggiri asal Kendari dan Kupang berkerabat dekat dengan *Scomberomorus commerson* (EF141176.1) dengan jarak genetik berkisar 0 - 2%, sedangkan sampel ikan tenggiri asal Fakfak berkerabat dekat dengan *Scomberomorus semifasciatus* strain GREY-SsPD211135 (NC_021391.1) dengan jarak genetik berkisar 0 - 1%.

Kata kunci: ikan tenggiri, gen sitokrom b, PCR, sekuensing DNA

ABSTRACT

GENETIC DIVERSITY ANALYSIS OF MACKEREL FISH (*Scomberomorus* sp.) FROM KUPANG, KENDARI, AND FAKFAK BASED ON SITOCROM B GENE SEQUENCES

Muhammad Raihan Alfarabi
20/455281/KH/10443

Mackerel (*Scomberomorus* sp.) is one of the leading aquatic commodities in Indonesia. This species is widely used as an ingredient in the manufacture of processed food almost all over the world. As an archipelago that is dominated by ocean area, Indonesia has various types of mackerel species spread throughout its waters. The high market demand for this commodity can increase the potential for overexploitation and disrupt the balance of this species in the wild. Based on IUCN data, mackerel is categorized as Near Threatened. Therefore, attempts to preserve this fish sustainably must continue, one of which is through a genetic approach. This study aims to determine the kinship and phylogenetics of mackerel (*Scomberomorus* sp.) originating from Kupang, Kendari, and Fakfak based on cytochrome b gene sequences.

The samples used in the study were DNA isolates taken from the musculus dorsalis of mackerel from Kendari, Kupang and Fakfak. DNA isolates were amplified by PCR using forward primer cytBbaruF and reverse primer cytBbaruR. In the PCR process, 1,311 bp PCR products were obtained which were then sequenced. Sequencing results were analyzed using MEGA version 11 and compared with GenBank comparison samples to determine kinship and phylogenetic relationships.

The results of this study showed that the cytochrome b gene is composed of 1,141 nucleotide bases that are translated into 380 amino acids with 141 nucleotide sites and 12 amino acids that vary. Kinship and phylogenetic analysis showed that mackerel samples from Kendari and Kupang were closely related to *Scomberomorus commerson* (EF141176.1) with genetic distances ranging from 0 - 2%, while mackerel samples from Fakfak were closely related to *Scomberomorus semifasciatus* strain GREY-SsPD211135 (NC_021391.1) with genetic distances ranging from 0 - 1%.

Keywords: mackerel, cytochrome b gene, PCR, DNA sequence