

ABSTRAK

KAJIAN KERAGAMAN GENETIK IKAN TENGGIRI (*Scomberomorus* sp.) ASAL KENDARI, KUPANG, DAN PALEMBANG BERDASARKAN GEN SITOKROM B

Angelina Felianjani Kunti Wulanditya
20/459000/KH/10624

Tenggiri merupakan salah satu hasil tangkapan laut Indonesia dengan jumlah hasil tangkapan yang termasuk dalam lima besar di dunia. Ikan tenggiri memiliki status konservasi yang hampir terancam punah karena penangkapan pelagis besar yang tergolong overeksploitasi di Indonesia. Sebagai salah satu langkah konservasi, pemusatan konservasi dapat dilakukan dengan bantuan adanya identifikasi pola keanekaragaman hayati, yaitu penentuan spesies. Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi dan mengetahui kekerabatan ikan tenggiri (*Scomberomorus* sp.) asal Kendari (AH, BH, CH), Kupang (AU, BU, CU), dan Palembang (D, E, F) berdasarkan gen penyandi sitokrom b (cyt b). Seluruh sampel diamplifikasi dengan primer forward cytBbaruF dan primer reverse cytBbaruF dengan metode PCR. Produk PCR yang dihasilkan sepanjang 1.141 bp yang kemudian dilakukan sekuensing. Hasil sekuensing dianalisis dengan membandingkan spesies dari GenBank untuk mengetahui keragaman genetik dan filogenetik menggunakan MEGA 11. Berdasarkan sekuensing, diketahui bahwa sampel tenggiri yang berasal dari Kendari (AH, BH, CH), Kupang (AU, BU, CU), dan Palembang (D, E, F) teridentifikasi sebagai spesies *Scomberomorus commerson* (EF141176.1) dengan jarak genetik 0 – 0,2% terhadap sampel yang berasal dari Kendari dan Kupang dan 1,8 – 1,9% terhadap sampel yang berasal dari Palembang.

Kata kunci: gen sitokrom b, ikan tenggiri, PCR, *Scomberomorus* sp., sekuensing

ABSTRACT

GENETIC DIVERSITY STUDY OF MACKEREL (*Scomberomorus* sp.) FROM KENDARI, KUPANG, AND PALEMBANG BASED ON THE CYTOCHROME B GENE

Angelina Felianjani Kunti Wulanditya

20/459000/KH/10624

Mackerel is one of Indonesia's major marine catches, ranking among the top five globally. The conservation status of mackerel is near threatened due to the overexploitation of large pelagic fish in Indonesia. As a conservation measure, it is crucial to focus on biodiversity pattern identification, specifically species determination. This study aims to identify and ascertain the phylogenetic relationships of mackerel (*Scomberomorus* sp.) from Kendari (AH, BH, CH), Kupang (AU, BU, CU), and Palembang (D, E, F) based on the cytochrome b (cyt b) gene. All samples were amplified using forward primer cytBbaruF and reverse primer cytBbaruR via the PCR method. The PCR products, approximately 1.141 bp in length, were subsequently sequenced. The sequencing results were analyzed by comparing the species with those in GenBank to determine genetic and phylogenetic diversity using MEGA 11. The sequencing revealed that mackerel samples from Kendari (AH, BH, CH), Kupang (AU, BU, CU), and Palembang (D, E, F) were identified as *Scomberomorus commerson* (EF141176.1), with a genetic distance of 0 – 0.2% for samples from Kendari and Kupang, and 1.8 – 1.9% for samples from Palembang.

Keywords: cytochrome b gene, mackerel, PCR, *Scomberomorus* sp., sequencing