

ABSTRAK

Ikan tenggiri atau *Scomberomorus* sp. merupakan jenis ikan pelagis komoditas perikanan unggulan dan memiliki nilai ekonomis yang tinggi di Indonesia. Permintaan pasar dan daya beli masyarakat terhadap ikan tenggiri dan produk olahannya yang cenderung meningkat setiap tahunnya dapat memicu terjadinya penangkapan ikan yang tidak terkontrol yang mengakibatkan penurunan populasi sehingga diperlukan analisis keragaman genetik sebagai dasar penetapan kebijakan pengelolaan dalam pengamatan stabilitas populasi ikan tenggiri. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi kekerabatan dan variasi spesies pada ikan tenggiri asal Cilacap, Rembang, Fakfak, dan Manggarai Barat berdasarkan gen penyandi *cytochrome b* (*cyt b*) pada DNA mitokondria. Sampel diamplifikasi dengan metode PCR menggunakan primer *forward* *cytBF* dan *reverse* *cytBR* menghasilkan produk PCR sepanjang 1.141 bp yang kemudian disekuensing. Analisis hasil sekuensing dilakukan dengan membandingkan sampel dengan basis data spesies pembandingan dari *GenBank*. Hasil sekuensing berupa 1141 situs nukleotida yang menyandi 380 asam amino. Berdasarkan hasil analisis diketahui bahwa sampel ikan tenggiri asal Cilacap (C1, C2, C3) merupakan spesies *Scomberomorus guttatus* (PP437201.1) dengan jarak genetik 1,69%; sampel asal Rembang (R1, R2, R3), Pulau Papagarang (P1A, P2A, P3A), dan dua sampel asal Labuan Bajo (B2 dan B3) teridentifikasi sebagai spesies *Scomberomorus commerson* (PP43720) dengan jarak genetik 0,18%-1,06%; sampel asal Fakfak (P1B, P2B, P3B) teridentifikasi sebagai spesies *Scomberomorus semifasciatus strain* GREY-SsPD211135 (NC021392.1) dengan rata-rata jarak genetik 0,26%; serta satu sampel asal Labuan Bajo (B1) teridentifikasi sebagai spesies *Acanthocybium solandri* (OP035261.1) dengan jarak genetik 0,26%.

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

ABSTRACT

Mackerels or *Scomberomorus* sp. is a pelagic fish species of superior fishery commodities that has high economic value in Indonesia. Market demand and public purchasing power for mackerel and its processed products which tend to increase every year can trigger uncontrolled fishing which results in population decline so that genetic diversity analysis is needed as a basis for determining management policies in observing mackerel population stability. This study aims to identify kinship and species variation in mackerel from Cilacap, Rembang, Fakfak, and West Manggarai based on *cytochrome b* (*cyt b*) encoding genes in mitochondrial DNA. Samples were amplified by PCR method using primers forward *cytBF* and reverse *cytBR* resulting in PCR products of 1.141 bp which were then sequenced. Sequencing results were analyzed by comparing samples with the database of comparator species from GenBank. Sequencing results in the form of 1141 nucleotide sites encoding 380 amino acids, Based on the results of the analysis, it is known that the mackerel samples from Cilacap (C1, C2, C3) were identified *Scomberomorus guttatus* species (PP437201. 1) with average genetic distance of 1,69%; samples from Rembang (R1, R2, R3), Papagarang Island (P1A, P2A, P3A), and two samples from Labuan Bajo (B2 and B3) were identified as *Scomberomorus commerson* (PP43720) with average genetic distance of 0,18%-1,06%; samples from Fakfak (P1B, P2B, P3B) were identified as *Scomberomorus semifasciatus* strain GREY-SsPD211135 (NC021392.1) with average genetic distance of 0,26%; and one sample from Labuan Bajo (B1) was identified as *Acanthocybium solandri* (OP035261. 1) with average genetic distance of 0,26%.

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