

ABSTRAK

KAJIAN KERAGAMAN GENETIK IKAN TENGGIRI (*Scomberomorus* sp.) ASAL KUPANG, MANGGARAI BARAT, PALEMBANG, DAN REMBANG BERDASARKAN SEKUEN GEN CYTOCHROME B

Frencelia Putri Widia Salam
21/473036/KH/10826

Ikan tenggiri (*Scomberomorus* sp.) merupakan ikan pelagis besar yang memiliki nilai ekonomis penting dan tersebar luas di lautan Indonesia. Tingginya minat pasar terhadap tenggiri menyebabkan permintaan terhadap ikan tenggiri kian meningkat seiring berjalannya waktu. Hal tersebut dapat memicu penangkapan yang tidak terkendali sehingga berdampak pada penurunan populasi semakin pesat jika tidak diimbangi dengan upaya konservasi aktif. Namun, taksonomi tenggiri serta hubungan filogeni yang belum jelas, dapat menyebabkan upaya konservasi menjadi terhambat. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman genetik dan kekerabatan ikan tenggiri (*Scomberomorus* sp.) yang berasal dari beberapa daerah di Indonesia berdasarkan sekuens gen *cytochrome b*. Sampel yang digunakan yaitu 15 ikan tenggiri yang berasal dari Bajo, Kupang, Palembang, Papagarang, dan Rembang. Sampel diisolasi, kemudian diamplifikasi dengan metode PCR menggunakan *primer forward* (cytbF) dan *primer reverse* (cytbR) menghasilkan amplicon sebanyak 1311 bp. Amplicon kemudian disekuensing dan hasil menunjukkan gen *cytochrome b* berukuran 1141 nukleotida yang diterjemahkan menjadi 380 asam amino. Hasil sekuensing dianalisis menggunakan aplikasi MEGA 11 untuk melihat keragaman genetik dan hubungan kekerabatan antara sampel ikan tenggiri dengan sampel pembanding asal Genbank. Hasil analisis menunjukkan sampel ikan tenggiri asal Bajo (B2, B3), Kupang (AU, BU, CU), Papagarang (P1, P2, P3), dan Rembang (1) merupakan spesies *Scomberomorus commerson* (EF 141176.1) dengan jarak genetik 0,02%, sampel Palembang (D, E, F) dan Rembang (2 dan 3) merupakan spesies *Scomberomorus commerson* KSMJ-3 (PP 437202.1) dengan jarak genetik 0,9-0,44%, sementara sampel ikan tenggiri asal Bajo (B1B) teridentifikasi sebagai *Acanthocybium solandri* (NC 067731.1) dengan jarak genetik 0,53%.

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

ABSTRACT

GENETIC DIVERSITY ANALYSIS OF MACKEREL (*Scomberomorus* sp.) ORIGIN FROM KUPANG, MANGGARAI BARAT, PALEMBANG, DAN REMBANG BASED ON CYTOCHROME B GENE SEQUENCE

Frencelia Putri Widia Salam
21/473036/KH/10826

Mackerel fish (*Scomberomorus* sp.) is a large pelagic fish that has important roles in economic value and is widespread in the seas of Indonesia. The increasing market interest in mackerel gradually drives its demand. This can trigger uncontrolled fishing that can drive population decline if not balanced with active conservation efforts. However, mackerel taxonomy and phylogeny relationships are still unclear and could cause conservation efforts to be hampered. This study aims to analyse the genetic diversity and kinship of Spanish mackerel (*Scomberomorus* sp.) that came from various regions in Indonesia based on cytochrome b gene sequences. Fifteen muscle tissue samples were collected from Bajo, Kupang, Palembang, Papagarang, and Rembang. Sample was isolated from muscle tissue and amplified by PCR using forward primer (cytbF) and reverse primer (cytbR) to produce 1311 bp amplicon. The amplicon was sequenced, showing 1141 nt cytochrome b gene and translated into 380 amino acids. The results of the sequence were analysed using the MEGA 11 application to analyse genetic diversity and kinship between the sample and comparison samples from Genbank. The analysis showed that mackerel samples from Bajo (B2, B3), Kupang (AU, BU, CU), Papagarang (P1, P2, P3), and Rembang (1) were identified as *Scomberomorus commerson* (EF 141176.1) species with 0-0,02% of genetic distance, sample from Palembang (D, E, F) and Rembang were identified as *Scomberomorus commerson* KSMJ (PP 437202.1) species with 0,09-0,44% genetic distance, while mackerel sample from Bajo (B1B) were identified as *Achantocybium solandri* (NC 067731.1) species with 0,53% of genetic distance.

Keywords: Spanish mackerel, cytochrome b (cyt b) gene, PCR, *Scomberomorus* sp., sequencing