UNIVERSITAS
GADJAH MADA
**ANALISIS KERAGAMAN GENETIK IKAN TENGGIRI (Scomberomorus sp.) ASAL CILACAP , GRESIK, MOROWALI UTARA,
MANGGARAI BARAT, DAN KUPANG BERDASARKAN SEKUEN GEN ATP SINTASE 6**
Fayza Najma Athiya, Prof. Dr. drh. Rini Widayanti, M.P.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

ABSTRAK

ANALISIS KERAGAMAN GENETIK IKAN TENGGIRI (*Scomberomorus* sp.) ASAL CILACAP , GRESIK, MOROWALI UTARA, MANGGARAI BARAT, DAN KUPANG BERDASARKAN SEKUEN GEN ATP SINTASE 6

Fayza Najma Athiya
22/493615/KH/11226

Ikan tenggiri (*Scomberomorus* sp*.)* merupakan ikan pelagis migratoris bernilai ekonomis tinggi yang tersebar di wilayah Indonesia. Keberadaan ikan tenggiri terancam punah oleh *overfishing* akibat permintaan yang terus meningkat, perubahan iklim, serta pencemaran laut. Strategi pengelolaan berkelanjutan diperlukan sebagai upaya pelestarian ikan tenggiri Indonesia. Studi genetika berperan penting dalam penetapan kebijakan konservasi terkait. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui kekerabatan dan variasi genetik sampel ikan tenggiri asal Cilacap, Gresik, Morowali Utara, Manggarai Barat, dan Kupang berdasarkan sekuen gen ATP6 pada DNA mitokondria. Total sampel sejumlah 12 diambil masing-masing dari jaringan muskulus ikan kemudian DNA diisolasi serta diamplifikasi dengan metode PCR menggunakan primer ATPScomF dan ATPScomR. Amplikon sepanjang 1072 bp selanjutnya disekuensing dengan Sanger sekuensing. Analisis hasil sekuensing dibandingkan dengan spesies dari *Genbank* untuk mengetahui kekerabatan dan filogeninya menggunakan *software* MEGA11. Hasil sekuensing ialah gen ATP6 memiliki 684 situs nukleotida yang menyandi 228 asam amino. Hasil identifikasi spesies didapati bahwa sampel asal Cilacap (C1, C2, C3) merupakan *Scomberomorus aff. guttatus* (OM363534.1) dengan jarak genetik sebesar 1,3% – 1,5%. Sampel asal Gresik (TB1, TB2), Morowali Utara (TM), Manggarai Barat (PG1, PG2, PG3), dan Kupang (AU,BU,CU) diidentifikasi sebagai *Scomberomorus commerson* (PP437202.1) dengan jarak genetik secara berturut sebesar 0,3% - 0,6%, 1,5%, 1,5%, 1,5-1,6%.

Kata kunci: filogeni, gen ATP6, ikan tenggiri, PCR, sekuensing

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
**ANALISIS KERAGAMAN GENETIK IKAN TENGGIRI (Scomberomorus sp.) ASAL CILACAP , GRESIK, MOROWALI UTARA,
MANGGARAI BARAT, DAN KUPANG BERDASARKAN SEKUEN GEN ATP SINTASE 6**
Fayza Najma Athiya, Prof. Dr. drh. Rini Widayanti, M.P.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

ABSTRACT
GENETIC DIVERSITY ANALYSIS OF MACKEREL FISH (*Scomberomorus sp*.) FROM CILACAP, GRESIK, NORTH MOROWALI, WEST MANGGARAI, AND KUPANG BASED ON ATP6 GEN SEQUENCES

Fayza Najma Athiya
22/493615/KH/11226

Mackerel (*Scomberomorus* sp.) is a migratory pelagic fish with high economic values and is widely distributed throughout Indonesian waters. Mackerels population is currently threatened by overfishing due to increasing demand, climate change, and marine pollution. Sustainable management strategies are needed to conserve mackerels resources in Indonesia. Genetic studies play an important role in establishing related conservation policies. This study aims to determine the kinship and genetic variation of mackerel samples from Cilacap, Gresik, North Morowali, West Manggarai, and Kupang based on ATP6 gene sequences in mitochondrial DNA. A total 12 samples of DNA were each isolated from the muscle tissue then amplificated using PCR method with ATPScomF and ATPScomR primers. The 1072 bp amplicon was then sequenced by the Sanger method. Sequence analysis was conducted by comparison of sample with reference spesies from Genbank to determine their kinship and phylogeny using MEGA11 software. The ATP6 gene sequencing results have 684 nucleotide sites encoding 228 amino acids. Species identification revealed that samples from Cilacap (C1, C2, C3) were identified as *Scomberomorus aff. guttatus* (OM363534.1) with genetic distance ranging from 1,3% – 1,5%. Meanwhile samples from Gresik (TB1, TB2), North Morowali (TM), West Manggarai (PG1, PG2, PG3), and Kupang (AU, BU, CU) were identified as *Scomberomorus commerson* (PP437202.1) with genetic distances of 0,3% - 0,6%, 1,5%, 1,5%, 1,5-1,6%, respectively.

Keywords: ATP6 gene, mackerel, PCR, phylogeny, sequencing