

ABSTRAK

ANALISIS KERAGAMAN DAN KEKERABATAN GENETIK GEN ATP6 IKAN TENGGIRI (*Scomberomorus* spp.) ASAL CILACAP, REMBANG, GRESIK, LABUAN BAJO, DAN MOROWALI UTARA

Szaqqia Framoedita
22/497570/KH/11273

Indonesia merupakan negara kepulauan dengan wilayah yang didominasi oleh perairan sehingga memiliki potensi sumber daya kelautan yang besar. Kondisi ini menjadikan Indonesia memiliki keanekaragaman sumber daya kelautan yang tinggi serta potensi besar dalam sektor perikanan. Salah satu komoditas unggulan adalah ikan tenggiri (*Scomberomorus* spp.), ikan pelagis yang tersebar luas di berbagai perairan Indonesia dan bernilai ekonomis penting. Tingginya permintaan untuk konsumsi, produk olahan, dan ekspor berpotensi meningkatkan tekanan eksploitasi yang dapat mengancam keberlanjutan stok, terlebih beberapa spesies telah dikategorikan *near threatened* (NT) oleh IUCN. Kajian keragaman genetik diperlukan sebagai dasar pengelolaan dan konservasi sumber daya perikanan. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman dan kekerabatan genetik ikan tenggiri asal Cilacap, Rembang, Gresik, Labuan Bajo, dan Morowali Utara berdasarkan analisis gen ATP6 pada DNA mitokondria. Penelitian ini menggunakan 12 sampel ikan tenggiri, isolasi DNA berasal dari jaringan muskulus epaksial. Sampel diamplifikasi menggunakan primer *forward* (ATPScromF) dan *reverse* (ATPScromR) Hasil PCR menghasilkan fragmen sepanjang 1.072 bp. Produk PCR disekuensing dan dianalisis menggunakan perangkat lunak MEGA versi 11 dengan sekuens pembandingan dari *GenBank*. Hasil analisis menunjukkan gen ATP6 tersusun atas 684 situs nukleotida yang menyandi 227 asam amino, dengan 177 situs nukleotida dan 14 situs asam amino yang bervariasi. Analisis filogenetik menunjukkan bahwa sampel asal Rembang (R1, R2, R3), Gresik (TB1, TB2), Labuan Bajo (BJ2, BJ3), dan Morowali Utara (TM) teridentifikasi sebagai *Scomberomorus commerson* dengan rata-rata jarak genetik masing-masing 0,733%; 0,45%; 1,5%; dan 1,5%. Sampel asal Cilacap (C1, C2, C3) teridentifikasi sebagai *Scomberomorus guttatus* dengan jarak genetik 1,56%, sedangkan satu sampel Labuan Bajo (B1) teridentifikasi sebagai *Acanthocybium solandri* dengan jarak genetik 0,6%.

Kata kunci: ATP6, ikan tenggiri, keragaman genetik, PCR, sekuensing.

ABSTRACT

GENETIC DIVERSITY AND PHYLOGENETIC ANALYSIS OF THE ATP6 GENE IN SPANISH MACKEREL (*Scomberomorus* spp.) FROM CILACAP, REMBANG, GRESIK, LABUAN BAJO, AND NORTH MOROWALI

Szaqqia Framoedita
22/497570/KH/11273

Indonesia is an archipelagic country dominated by marine waters, resulting in vast marine resource potential. This condition contributes to high marine biodiversity and significant potential in the fisheries sector. One of the important fishery commodities is Spanish mackerel (*Scomberomorus* spp.), a pelagic fish widely distributed in Indonesian waters and of high economic value. The increasing demand for consumption, processed products, and export may intensify exploitation pressure, potentially threatening stock sustainability, particularly as several species have been categorized as Near Threatened (NT) by the IUCN. Genetic diversity studies are essential to support fisheries management and conservation strategies. This study aimed to determine the genetic variation and phylogenetic relationships of Spanish mackerel from Cilacap, Rembang, Gresik, Labuan Bajo, and North Morowali based on mitochondrial ATP6 gene analysis. This study used 12 Spanish mackerel samples, with DNA isolates obtained from epaxial muscle tissue. Samples were amplified using forward (ATPScromF) and reverse (ATPScromR) primers. PCR amplification produced a fragment of 1,072 bp. PCR products were sequenced and analyzed using MEGA version 11 software with reference sequences obtained from GenBank. The results showed that the ATP6 gene consisted of 684 nucleotide sites encoding 227 amino acids, with 177 variable nucleotide sites and 14 variable amino acid sites. Phylogenetic analysis indicated that samples from Rembang (R1, R2, R3), Gresik (TB1, TB2), Labuan Bajo (BJ2, BJ3), and North Morowali (TM) were identified as *Scomberomorus commerson* with average genetic distances of 0.733%, 0.45%, 1.5%, and 1.5%, respectively. Samples from Cilacap (C1, C2, C3) were identified as *Scomberomorus guttatus* with a genetic distance of 1.56%, while one sample from Labuan Bajo (B1) was identified as *Acanthocybium solandri* with a genetic distance of 0.6%.

Keywords: ATP6, Spanish mackerel, genetic diversity, PCR, sequencing.