

ABSTRAK

ANALISIS KERAGAMAN GENETIK IKAN TENGGIRI (*Scomberomorus* sp.) ASAL BAWEAN, MOROWALI UTARA, LABUAN BAJO, KENDARI, BANJARMASIN BERDASARKAN SEKUEN GEN ADENOSINE TRIFOSFAT 6

Julia Evelyn

22/505140/KH/11382

Ikan tenggiri merupakan salah satu kelompok ikan pelagis yang dimanfaatkan dalam berbagai produk olahan dan tersebar di pasaran dalam jumlah yang besar. Berdasarkan data statistik dari Kementerian Kelautan dan Perikanan, produksi tangkapan ikan tenggiri setiap tahunnya dapat mendorong aktivitas yang berlebihan dan berkelanjutan seiring dengan permintaan pasar yang tinggi. Salah satu upaya yang dapat dilakukan adalah melalui konservasi genetik yang memerlukan kajian genetik. Penelitian ini dilakukan untuk mengidentifikasi kekerabatan dan variasi genetik spesies ikan tenggiri yang berasal dari Bawean, Morowali, Labuan Bajo, Kendari, dan Banjarmasin berdasarkan gen penyandi Adenosine Trifosfat-6 (ATP6). Pada penelitian ini menggunakan 12 sampel yang berasal dari Bawean, Morowali, Labuan Bajo, Kendari, dan Banjarmasin. Sampel kemudian diisolasi DNA, diamplifikasi dengan primer ATP6F dan ATP6R dengan metode PCR, selanjutnya dilakukan sekuensing DNA dan dianalisis menggunakan aplikasi MEGA 11.0. Hasil sekuensing menunjukkan adanya 684 nukleotida yang mengodekan 227 asam amino dengan 122 nukleotida dan 15 asam amino yang beragam. Berdasarkan hasil analisis, Ikan tenggiri yang berasal dari Bawean (TB1 dan TB2), Kendari 2 (KB), dan Banjarmasin 1 (KA) teridentifikasi sebagai *Scomberomorus commerson* (PP437202.1) dengan rata-rata jarak genetik 0,2-1,8% Ikan tenggiri yang berasal dari Kendari 1 dan 3 (KA dan KC), Labuan Bajo 2 dan 3 (BJ2 dan BJ3), Morowali (TM) teridentifikasi sebagai *Scomberomorus commerson* (PP437202.1) dengan rata-rata jarak genetik adalah 1,6% Ikan tenggiri yang berasal dari Banjarmasin 2 dan Banjarmasin 3 (KB dan KC) teridentifikasi sebagai *Scomberomorus guttatus* (PP437201.1) dengan rata-rata jarak genetik adalah 0,3% Ikan tenggiri yang berasal dari Labuan Bajo (B1) teridentifikasi sebagai *Acanthocybium solandri* (OL628870.1) dengan 0,6%. Dengan demikian, analisis gen ATP6 mampu mengidentifikasi kekerabatan dan variasi genetik ikan tenggiri dari berbagai wilayah Indonesia, sehingga penting sebagai dasar pengelolaan dan konservasi sumber daya secara berkelanjutan.

Kata kunci: gen ATP-6, tenggiri, *Scomberomorus* sp., sekuensing, PCR

ABSTRACT

GENETIC DIVERSITY ANALYSIS AND PHYLOGENETIC RELATIONSHIPS ADENOSINE TRIPHOSPHATE-6 GENE IN MACKEREL (*Scomberomorus* sp.) FROM BAWEAN, MOROWALI UTARA, LABUAN BAJO, KENDARI, BANJARMASIN

Julia Evelyn

22/505140/KH/11382

Spanish mackerel is a group of pelagic fish widely utilized in various processed products and distributed extensively in the market. Based on statistical data from the Ministry of Marine Affairs and Fisheries, the annual catch production of Spanish mackerel continues to increase, potentially driving excessive and unsustainable exploitation in response to high market demand. One effort to address this issue is through genetic conservation, which requires genetic studies. This study was conducted to identify the phylogenetic relationships and genetic variation of Spanish mackerel species originating from Bawean, Morowali, Labuan Bajo, Kendari, and Banjarmasin based on the Adenosine Triphosphate-6 (ATP6) coding gene. A total of 12 samples from these locations were used. DNA was extracted from the samples, amplified using ATP6F and ATP6R primers through PCR, followed by DNA sequencing and analysis using MEGA 11.0 software. The sequencing results revealed 684 nucleotides encoding 227 amino acids, with 122 variable nucleotides and 15 variable amino acids. Based on the analysis, samples from Bawean (TB1 and TB2), Kendari 2 (KB), and Banjarmasin 1 (KA) were identified as *Scomberomorus commerson* (PP437202.1), with an average genetic distance of 0.2–1.8%. Samples from Kendari 1 and 3 (KA and KC), Labuan Bajo 2 and 3 (BJ2 and BJ3), and Morowali (TM) were also identified as *Scomberomorus commerson* (PP437202.1), with an average genetic distance of 1.6%. Samples from Banjarmasin 2 and 3 (KB and KC) were identified as *Scomberomorus guttatus* (PP437201.1), with an average genetic distance of 0.3%. Meanwhile, the sample from Labuan Bajo (B1) was identified as *Acanthocybium solandri* (OL628870.1), with a genetic distance of 0.6%. These findings indicate that ATP6 gene analysis effectively reveals phylogenetic relationships and genetic variation among Spanish mackerel across Indonesian regions, providing an important basis for sustainable management and conservation.

Key words: ATP-6 gene, mackerel, *Scomberomorus* sp., sequencing, PCR