



**ANALISIS FILOGENETIK IKAN TUNA (THUNNUS SPP) DI PERAIRAN
MALUKU UTARA MENGGUNAKAN COI (CYTOCHROME OXYDASE I)**

**PHILOGENETIC ANALYSIS OF TUNA FISH (THUNNUS SPP) IN NORTH
MALUKU WATERS USING COI (CYTOCHROME OXYDASE I)**

Winda Ayu Fietri, Abdul Razak, Yuni Ahda

Program Studi Magister Pendidikan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu
Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Padang
Jl. Prof. Dr. Hamka, Air Tawar Barat, Sumatera Barat, Indonesia, 25171

Corresponding author : windaayufietri@gmail.com

Abstrak

Artikel ini bertujuan untuk menjelaskan kekerabatan atau filogeni ikan tuna (*Thunnus* spp) menggunakan COI (*Chytocrome Oxydase I*). Metode dalam penelitian ini menggunakan data sekunder dari situs web NCBI ((Pusat Informasi Bioteknologi Nasional). Data yang diambil yaitu urutan nukleotida dari Sitokrom Oksidasegen I (COI) dalam DNA mitokondria. Spesies *thunnus* yang dianalisis adalah *thunnus* dari hasil identifikasi di Perairan Maluku Utara, terdiri dari *Thunnus obesus*, *Thunnus albacar*, *Thunnus alalunga*, dan *Katsuwonus pelamis*. Dari hasil analisis dengan menggunakan software MEGA X didapatkan tingkat kekerabatan antar spesies yang diuji sangat dekat, antara lain spesies *thunnus obesus*, *T. albacar*, *T. alalunga* dan *Katsuwons pelamis*. Jarak rata-rata genetik dari semua spesies adalah 0,010. Secara umum keterkaitan spesies yang ditemukan adalah beberapa spesies yang ditemukan di lokasi yang sama dengan morfologi dan makanan yang hampir sama. Untuk peneliti selanjutnya, diharapkan ada tambahan famili dari spesies ikan akan dianalisis untuk analisis filogenetik di Perairan Maluku Utara, sehingga mereka dapat mengetahui hubungan beberapa jenis lainnya.

Kata kunci : Analisis filogenetik, Thunuss, Ikan tuna, Penanda COI

Abstract

This article aims to explain the relationship or phylogeny of tuna (*Thunnus* spp) using COI (*Chytocrome Oxydase I*). The method in this study uses secondary data from the NCBI website ((National Center for Biotechnology Information). The data taken is the nucleotide sequence of Cytochrome Oxidasegen I (COI) in mitochondrial DNA. The *thunnus* species analyzed was *thunnus* from the results of identification in North Maluku waters, consisting of *Thunnus obesus*, *Thunnus albacar*, *Thunnus alalunga*, and *Katsuwonus pelamis*. From the analysis using MEGA X software, it was found that the level of kinship between the tested species was very close, including the species *Thunnus obesus*, *T. albacar*, *T. alalunga* and *Katsuwons pelamis*. The average genetic distance of all species is 0.010. In general, the related species found are several species found in the same location with almost the same morphology and food. For future researchers, it is hoped that additional families of fish species will be analyzed for phylogenetic analysis in the waters of North Maluku, so that they can find out the ungan several other types.

Kata kunci : Phylogenetic analysis, Thunnus, Tuna fish, COI markers

Pendahuluan

Tuna (*Thunnus* spp) tergolong jenis scombrid yang sangat aktif berenang dan menyebar di perairan dekat pantai sampai ke perairan oseanik. Tuna dapat digolongkan menjadi 3 kelompok besar berdasarkan wilayah penyebarannya yakni; (1) Jenis tuna yang hidup di perairan oseanik, seperti: tuna sirip biru, albakora, mata besar, dan madidihang; (2) yang hidup tidak jauh dari pantai, seperti cekelang dan tongkol; dan (3) yang belum diketahui penyebarannya, seperti: *Allothunus fallai*. Sebagian besar jenis ikan tuna memiliki penyebaran yang sangat luas dan melakukan ruaya yang jauh mencapai ribuan mil (Wudianto et al., 2003). Ikan tuna memiliki nilai jual dan kandungan gizi yang sangat tinggi. Jenis ikan ini tidak hanya diminati oleh masyarakat di Provinsi Aceh, tetapi juga oleh masyarakat di negara lain sebagai bahan komoditas ekspor (Nasution et al., 2019). Jenis ikan tuna merupakan ikan yang dominan tertangkap sepanjang tahun. Besarnya permintaan pasar akan meningkatkan eksploitasi terhadap perikanan tuna di Indonesia, sehingga dikhawatirkan dapat mengganggu kelestarian sumberdaya tuna (Anggarini et al., 2016).

Penyebaran Ikan tuna di Indonesia meliputi Samudera Indonesia, pantai barat Sumatera, Selatan Jawa, Bali, Nusa Tenggara, perairan Indonesia Timur meliputi Laut Banda, Laut Flores, Laut Maluku, Laut Makassar (Firdaus, 2019). Perairan Maluku Utara merupakan salah satu daerah potensial ikan pelagis besar khususnya ikan tuna. Perairan Maluku Utara masuk dalam kawasan segitiga terumbu karang yang mempunyai biodiversitas spesies laut yang tinggi. Intensitas penangkapan ikan tuna di Perairan Maluku Utara tergolong tinggi. Kondisi ini dikhawatirkan akan menyebabkan terjadi kelebihan tangkap sehingga akan menyebabkan penurunan populasi ikan tuna sirip kuning di perairan Maluku Utara. Untuk mengantisipasi hal tersebut diperlukan suatu program konservasi, untuk melindungi ikan tuna sirip kuning tersebut dari kelangkaan. Salah satu upaya yang dapat dilakukan adalah melalui konservasi genetik, untuk tujuan tersebut perlu adanya kajian tentang keragaman genetik populasi ikan tuna, sehingga dapat dijadikan dasar bagi penetapan kebijakan pengelolaan dan konservasi genetik ikan tuna di kawasan ini (Akbar et al., 2014).

Penelitian terdahulu tentang keragaman genetik ikan tuna sirip kuning telah dilakukan oleh Nebuchadnezzar Akbar (2018) dengan hasil penelitian menemukan empat clade spesies ikan tuna yang berbeda (tuna mata besar, sirip kuning, alalunga, dan cakalang). Jarak genetik tuna mata besar (*Thunnus obesus*) dengan sirip kuning (*Thunnus albacares*) adalah 0,084; tuna mata besar dengan tuna alalunga (*Thunnus albacore*) adalah 0,163; tuna sirip kuning dengan tuna alalunga sebesar 0,174; tuna mata besar dengan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) adalah 0,294; cakalang dengan tuna alalunga adalah 0,312; dan tuna sirip kuning dengan cakalang adalah 0,297. Semua hasil menunjukkan perbedaan genetik signifikan. Namun dapat dijelaskan bahwa spesies tuna berasal dari satu keturunan. Filogeografi tuna tidak memiliki batas distribusi yang nyata spesies (Akbar et al., 2018).

Penelitian lain juga dilakukan oleh Budi Nugraha dkk (2019) dengan hasil penelitian nilai keragaman haplotipe (genetik) yang diperoleh adalah 0,8267 untuk kelompok sampel 1 dan 0,7766 untuk kelompok sampel 2 dengan nilai rata-rata keragaman genetik adalah 0,8017. Jarak genetik antara kelompok sampel ikan tuna mata besar di Samudera Hindia adalah 0,0038. Dendrogram yang dibentuk berdasarkan jarak genetik menunjukkan bahwa kelompok sampel ikan tuna mata besar yang diamati dapat dibagi menjadi dua kelompok populasi (subpopulasi), yaitu kelompok pertama terdiri dari ikan tuna mata besar yang berasal dari Samudera Hindia selatan Jawa dan Nusa Tenggara, sedangkan kelompok kedua yang berasal dari Samudera Hindia barat Sumatera (Nugraha et al., 2011).

Filogenetik merupakan salah satu metode yang digunakan untuk menganalisis hubungan kekerabatan (*phylogenetic relationship*) suatu makhluk hidup. Di dalam filogenetika, kelompok organisme yang memiliki kesamaan karakter atau ciri dianggap memiliki hubungan kekerabatan yang dekat. Kesamaan tersebut dianggap merupakan turunan dari satu induk (nenek moyang) dan nanti akan membentuk kelompok monofiletik (Astarini et al., 2021).

Metode DNA-barcoding digunakan karena metode ini mampu mengidentifikasi spesies secara cepat baik dalam bentuk segar, beku, awetan, maupun spesimen. Metode ini pertama kali dikembangkan oleh Herbert et al. memberikan solusi untuk validasi spesies dengan menggunakan marka gen COI yang terletak pada segmen mitokondria sehingga mampu menelusuri variasi basa nukleotida pada setiap spesies, sehingga hubungan kekerabatan antar ikan kerapu dapat diketahui (Kamal et al., 2019). Untuk memperkaya khasanah ilmiah terkait dengan ikan tuna (*Thunnus spp*), serta untuk mendeskripsikan klasifikasi filogenetik melalui analisis kekerabatan, penulis memodifikasi penelitian sebelumnya dengan melanjutkan analisis kekerabatan antar spesies yang terdapat di Perairan Maluku Utara. Oleh karena itu perlu dilakukan studi keterkaitannya melalui analisis pohon filogenetik ikan tuna di Perairan Maluku Utara menggunakan 4 ikan tuna *Chytocrome Oxydase I* (COI) untuk mengetahui keragaman genetik, kekerabatan, garis keturunan, memperkaya data plasma nutfah, dan mendukung perkembangbiakan. program berkembang biak dimasa depan.

Metode Penelitian

Tempat dan Waktu Penelitian

Penelitian ini menggunakan data sekunder yang berasal dari website NCBI (National Centre for Biotechnology Information). Data sekunder merupakan data primer yang telah diolah dan disediakan baik oleh pihak pengumpul data primer (Hutagalung, 2016). Data yang diambil yaitu sekuens nukleotida dari gen Sitokrom Oksidase I (COI) pada DNA mitokondria. Spesies *Thunnus* yang akan dianalisis yaitu *Thunnus* dari hasil identifikasi di Perairan Maluku Utara yang terdiri atas, *Thunnus obesus*, *Thunnus albacar*, *Thunnus alalunga*, dan *Katsuwonus pelamis*.

Analisis Data

Data sekuens nukleotida gen COI yang diperoleh dilakukan pengeditan dengan penjejeran sekuens dengan Clustal-W menggunakan software MEGA X. Sekuens nukleotida dianalisis penjejeran sekuens (edit/alignment build) dengan Clustal-W dengan software MEGA X. Sekuens yang memiliki banyak kemiripan dipotong pada ujung 5', ujung 3' atau keduanya. Analisis filogenetika menggunakan metode maximum likelihood dengan bootstrap sebanyak 1000 menggunakan model Kimura 2-parameter. Pohon filogenetik yang sudah terbentuk terbagi menjadi 2 jenis yakni original dan hasil bootstrap (Anafarida, 2020).

Hasil dan Pembahasan

Ikan tuna merupakan ikan yang termasuk dalam keluarga Scombridae, salah satu sumber utama devisa perikanan Indonesia. Tuna sebagai komoditas ekspor menduduki peringkat terbesar kedua setelah udang (Abdullah et al., 2011). Tuna merupakan salah satu jenis ikan pelagis yang dalam kelompok ruayanya akan muncul di atas lapisan termoklin menjelang matahari terbit dan saat matahari akan tenggelam pada sore hari (Nugraha et al., 2011).

Artikel ini menjelaskan analisis hubungan antara ikan tuna (*thunnus*) yang ditemukan di Perairan Maluku Utara. Sebanyak 4 spesies ikan tuna dikumpulkan dari nelayan lokal. Koleksi sampel dilakukan pada Juli-September tahun 2016 pada Pangkalan Pendaratan Ikan (PPI) dan Pelabuhan Perikanan Nusantara (PPN) di pulau Bacan, Tidore, Ternate, Obi, Sanana, Morotai dan Ambon (Gambar 1). Total sampel yang ditemukan pada Maluku Utara (n=81) individu. Spesies yang akan diuji adalah spesies yang paling banyak ditemukan berdasarkan penelitian sebelumnya, antara lain *Thunnus obesus*, *Thunnus albacar*, *Thunnus alalunga*, dan *Katsuwonus pelamis*.

Filogeni bertujuan untuk merepresentasikan sejarah evolusi organisme dengan mendefinisikan gugus alami (*mono phyletic*). Penyusunan klasifikasi filogenetik merupakan cara terbaik untuk menyusun informasi keanekaragaman hayati dan telah menjadi praktik

universal dalam klasifikasi biologi. Pemahaman tidak hanya tentang keanekaragaman spesifik tetapi juga keanekaragaman filogenetik memberi kita pandangan komparatif tentang evolusi dan distribusi karakteristik di antara garis keturunan, baik itu morfologi, biologis, atau molekuler. Segala jenis karakteristik didistribusikan di antara makhluk hidup menurut asal filogenetiknya, dan dengan demikian berfungsi sebagai sumber informasi untuk penemuan sejarah filogenetik (Malabarba & Malabarba, 2019).

Pohon filogeni adalah suatu bentuk gambaran dari silsilah makhluk hidup baik hewan maupun tumbuhan yang bercabang-cabang menyerupai pohon (Lubis, 2014). Pengetahuan tentang hubungan kekerabatan suatu spesies diperlukan untuk mempelajari evolusi beberapa taksa yang memiliki kekerabatan dengan membandingkan sekuens DNA nya. Ilmu filogenetik dapat memperkirakan evolusi yang terjadi pada masa lalu dengan membandingkan sekuens DNA atau Protein. Filogenetik dapat menunjukkan hubungan evolusioner dari suatu organisme yang disimpulkan dari data morfologi dan molekuler (Akbar et al., 2018).

Identifikasi spesies menggunakan DNA mitokondria memiliki keuntungan karena ukurannya lebih kecil, jumlah salinannya banyak, informasi urutan DNA tersedia lengkap untuk organisme akuatik, dan tidak ada rentang non-coding. DNA barcoding merupakan metode yang sering digunakan dalam forensik taksonomi karena efektif dalam mengidentifikasi dalam berbagai kondisi sampel uji dan tidak menghasilkan data yang ambigu (Yusman Maulid et al., 2016).

Identifikasi secara molekuler melalui media DNA Barcoding memiliki kelebihan dalam identifikasi spesies dan terbukti berhasil diberbagai organisme laut seperti ikan pari. Sistem identifikasi berbasis DNA Barcoding bersifat aplikatif untuk semua jenis hewan terlebih untuk identifikasi ikan. Metode ini pertama kali dikembangkan oleh Herbert et al. dengan menggunakan marka gen COI yang terletak pada mitokondria sehingga mampu menelusuri variasi basa nukleotida pada setiap spesies (Shodikin Aznardi, 2020).

Gen COI Mitokondria memiliki evolusi yang lebih cepat dibandingkan dengan DNA inti (Tamura et al., 2011). Gen CO 1 memiliki banyak kelebihan untuk mempelajari karakteristik genetik karena sedikit sekali mengalami delesi dan insersi pada sekuennya, serta banyak bagian yang bersifat konservasi sehingga dapat digunakan sebagai DNA barcoding pada sebagian besar spesies. Gen CO 1 juga dapat digunakan untuk merekonstruksi filogenetik pada cabang evolusi tingkat spesies. Selain itu susunan asam amino dari protein yang disandi gen CO 1 jarang mengalami substitusi sehingga gen CO 1 bersifat stabil dan dapat digunakan sebagai penanda analisis filogeni, namun basa-basa pada triple kodonnya masih berubah dan bersifat silent yaitu perubahan basa yang tidak merubah jenis asam amino (Wirdateti et al., 2016).

Mitokondria khususnya mitokondria DNA (mtDNA) merupakan sebuah untai DNA yang diturunkan oleh induk betina dan mtDNA baik digunakan untuk menganalisis distribusi maupun keturunan dari suatu spesies. Observasi mtDNA dilaporkan telah menunjang berbagai penelitian untuk mendapatkan informasi yang baik dalam mempelajari struktur genetik, di antara populasi ikan (Ngurah et al., 2015).

Mitochondrial Cytochrome c Oxidase subunit I (COI) adalah gen DNA mitokondria yang mengkode protein, yang membantu respirasi sel. Daerah 650 pasangan basa COI mitokondria dianggap sebagai kode batang universal untuk hewan karena tingkat mutasinya yang relatif cepat dalam skala waktu yang relatif singkat, memiliki jumlah ekson yang tinggi, ketersediaan yang tinggi di seluruh sel, dan warisan ibu (Imtiaz et al., 2017).

Analisis yang dilakukan beranjak dari penelitian awal yang dilakukan oleh Nebuchadnezzar Akbar (2018) dengan hasil penelitian menemukan empat clade spesies ikan

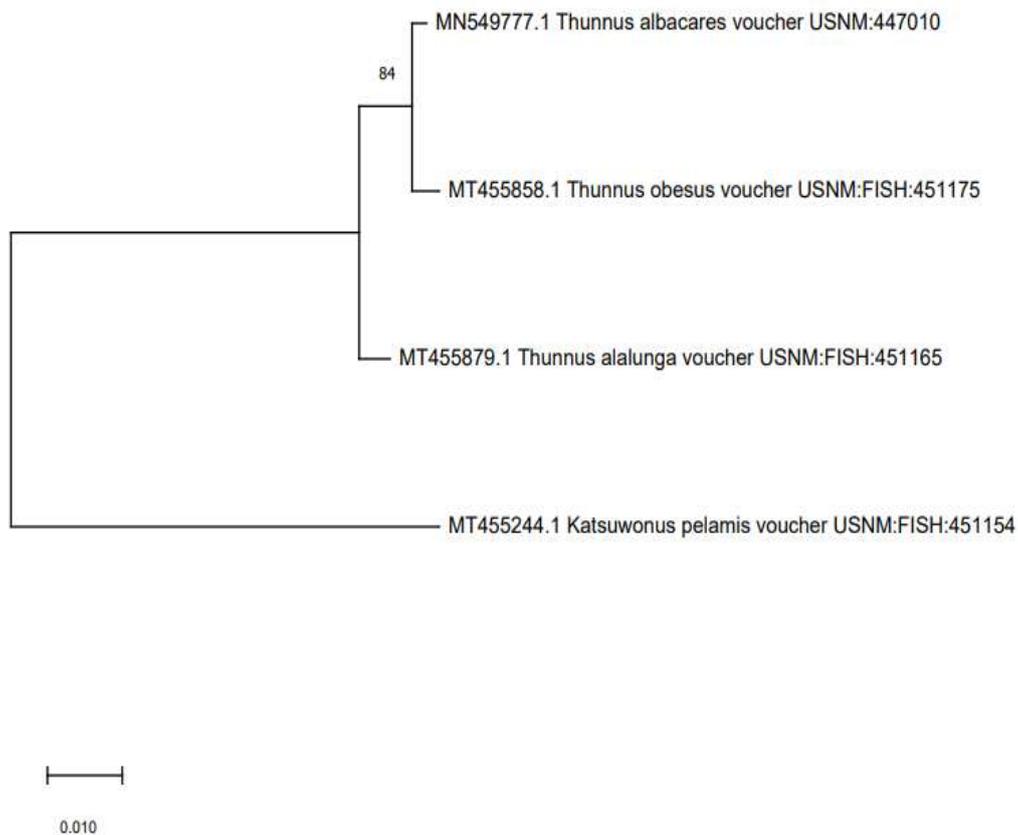
tuna yang berbeda (tuna mata besar, sirip kuning, alalunga, dan cakalang). Jarak genetik tuna mata besar (*Thunnus obesus*) dengan sirip kuning (*Thunnus albacares*) adalah 0,084; tuna mata besar dengan tuna alalunga (*Thunnus albacore*) adalah 0,163; tuna sirip kuning dengan tuna alalunga sebesar 0,174; tuna mata besar dengan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) adalah 0,294; cakalang dengan tuna alalunga adalah 0,312; dan tuna sirip kuning dengan cakalang adalah 0,297. Semua hasil menunjukkan perbedaan genetik signifikan. Namun dapat dijelaskan bahwa spesies tuna berasal dari satu keturunan. Filogeografi tuna tidak memiliki batas distribusi yang nyata spesies (Akbar et al., 2018).

Penelitian lain juga dilakukan oleh Budi Nugraha dkk (2019) dengan hasil penelitian Nilai keragaman haplotipe (genetik) yang diperoleh adalah 0,8267 untuk kelompok sampel 1 dan 0,7766 untuk kelompok sampel 2 dengan nilai rata-rata keragaman genetik adalah 0,8017. Jarak genetik antara kelompok sampel ikan tuna mata besar di Samudera Hindia adalah 0,0038. Dendrogram yang dibentuk berdasarkan jarak genetik menunjukkan bahwa kelompok sampel ikan tuna mata besar yang diamati dapat dibagi menjadi dua kelompok populasi (subpopulasi), yaitu kelompok pertama terdiri dari ikan tuna mata besar yang berasal dari Samudera Hindia selatan Jawa dan Nusa Tenggara, sedangkan kelompok kedua yang berasal dari Samudera Hindia barat Sumatera (Nugraha et al., 2011).

Dalam penelitian ini ditemukan beberapa urutan ikan tuna, antara lain. Sekuens gen dianalisis menggunakan program MEGA X, dimana urutan sekuens gen diperoleh dari NCBI (National Center For Biotechnology Information) Gen Bank. Urutan sekuens COI yang dipilih kemudian disimpan dalam format FASTA dan beberapa penyelarasan urutan dilakukan di program MEGA X. Pohon filogeni dibuat dengan menggunakan filogenetik analisis Neighbor Joining (NJ) dan metode Maximum Likelihood (ML) dengan Kimura 2-parameter.

Sekuens nukleotida dianalisis pensejajaran sekuens (edit/alignment build) dengan Clustal-W dengan software MEGA X. Sekuens yang memiliki banyak kemiripan dipotong pada ujung 5', ujung 3' atau keduanya. Analisis filogenetika menggunakan metode maximum likelihood dengan bootstrap sebanyak 1000 menggunakan model Kimura 2-parameter. Pohon filogenetik yang sudah terbentuk terbagi menjadi 2 jenis yakni original dan hasil bootstrap (Anafarida, 2020).

Penulis telah melakukan analisis dengan menggunakan software MEGA X dan memperoleh data pohon filogenetik serta analisis jarak genetik antar spesies yang ditemukan. Pohon filogenetik disajikan pada Gambar 1.



Gambar 1. Pohon Filogeni Ikan Tuna (*Thunnus*spp) Di Perairan Maluku Utara

Hasil analisis filogenetik menunjukkan bahwa spesies *Thunnus albacores* sangat dekat dengan *Thunnusobesus*(84%), *Thunnusalalunga* dan *Thunnusobesus* juga lebih dekat. Untuk *Katsuwonuspelamis* sangat dekat dengan *Thunnusalalunga*. Namun berdasarkan data tersebut, diperkirakan masing-masing *Thunnus* memiliki kekerabatan yang erat dengan kelompok *Thunnus* lainnya. Pada pohon filogenetik, jenis ikan karang ini membentuk kelompok yang sangat berkaitan, didukung oleh nilai bootstrap yang tinggi (84%) dan jarak genetik rata-rata 0,010.

Empat klade membentuk pengelompokan dan menunjukkan solid pohon filogeni, setiap klade menunjukkan nilai bootstrap 84%. Hasil identifikasi yang menemukan spesies ikan tuna alalunga (*T. albacore*) di perairan Maluku Utara kemungkinan disebabkan oleh dua faktor. Pertama, larva ikan tuna albacore beruaya masuk mengikuti anakan ikan tuna lainnya, larva dan juvenile besar spesies ikan tuna albacore (*T. alalunga*), tuna mata besar (*T. obesus*), cakalang (skipjack), dan tuna sirip kuning (*T. albacares*) tersebar luas di semua perairan sementara spesies tuna sirip biru pasifik utara (*Thunnus orientalis*) dan spesies *Thunnus* lainnya yang cenderung lebih dekat dengan pulau-pulau atau daerah pesisir (Akbar et al., 2018).

Analisis metode maximum likelihood menggunakan model Kimura-2 merekonstruksi kekerabatan antar spesies berdasarkan panjang garis cabang. Panjang garis yang berbeda menunjukkan tingkat evolusi masing-masing spesies. Garis yang semakin panjang menunjukkan jarak evolusi semakin jauh sedangkan garis yang lebih pendek menunjukkan dekatnya jarak

evolusi suatu spesies (Anafarida, 2020).

Tabel 1. Analisis Jarak Antar Genetik

| | 1 | 2 | 3 | 4 |
|--|---------|---------|---------|---|
| 1. MN549777.1 <i>Thunnus albacares</i> voucher USNM:447010 | | | | |
| 2. MT455858.1 <i>Thunnus obesus</i> voucher USNM:FISH:451175 | 0.00553 | | | |
| 3. MT455879.1 <i>Thunnus alalunga</i> voucher USNM:FISH:451165 | 0.01116 | 0.01681 | | |
| 4. MT455244.1 <i>Katsuwonus pelamis</i> voucher USNM:FISH:451154 | 0.11568 | 0.11352 | 0.10882 | |

Hasil analisis jarak genetik menunjukkan bahwa jarak terdekat adalah antara *Thunnus obesus* dan *Thunnus albacares* (0,553%). Sedangkan jarak terjauh adalah antara *Katsuwonus pelamis* dan *Thunnus albacares* (11,568%). Dari hasil pengamatan, jarak genetik antara *Thunnus albacares* dengan *Thunnus* lainnya bervariasi diantaranya terhadap *Thunnus obesus* (0,553%), *Thunnus alalunga* (1,116%), dan *Katsuwonus pelamis* (11,568%). Jarak genetik antara *Thunnus obesus* dan *Thunnus* lainnya juga bervariasi diantaranya terhadap *Thunnus alalunga* (1,681%), dan *Katsuwonus pelamis* (11,352%). Dan Jarak genetik antara *Thunnus alalunga* dan *Thunnus* lainnya juga bervariasi diantaranya terhadap *Katsuwonus pelamis* (10,882%).

Jarak genetik dihitung menggunakan metode Kimura-2-parameter yang terintegrasi di dalam MEGA X. Analisis jarak genetik merupakan analisis berdasarkan penghitungan matriks dari “jarak” antar pasangan basa antara sekuens yang mendekati jarak evolusioner (Monalisa et al., 2019).

Penelitian serupa juga menyebutkan bahwa jarak antar sekuens atau jarak genetik antar ikan tuna yang berbeda (tuna mata besar, sirip kuning, alalunga, dan cakalang). Jarak genetik tuna mata besar (*Thunnus obesus*) dengan sirip kuning (*Thunnus albacares*) adalah 0,084; tuna mata besar dengan tuna alalunga (*Thunnus albacore*) adalah 0,163; tuna sirip kuning dengan tuna alalunga sebesar 0,174; tuna mata besar dengan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) adalah 0,294; cakalang dengan tuna alalunga adalah 0,312; dan tuna sirip kuning dengan cakalang adalah 0,297 (Akbar et al., 2018).

Kesimpulan

Berdasarkan hasil analisis kekerabatan ikan tuna (*Thunnus* spp) yang terdapat di Perairan Maluku Utara, ditemukan bahwa ikan tuna di Perairan Maluku Utara sangat erat kaitannya dengan tingkat kesesuaian basa nitrogen yang mencapai 99% di klade yang sama. Hal ini terlihat setelah melalui proses analisis menggunakan software MEGA X dengan metode *neighbour join* membentuk pohon filogenetik. Jika dilihat dari pohon filogenetiknya, Ikan tuna menunjukkan hubungan yang erat berdasarkan lokasi ditemukannya.

Daftar Pustaka

- Abdullah, A., Kurnia, N., Teknologi, D., Perairan, H., Perikanan, F., & Bogor, I. P. (2011). Autentikasi Tuna Steak Komersial Dengan Metode Pcr-Sequencing. *Jurnal Pengolahan Hasil Perikanan Indonesia*, 14(1), 1–7. <https://doi.org/10.17844/jphpi.v14i1.3418>
- Akbar, N., Aris, M., Irfan, M., Tahir, I., & Baksir, A. (2018). KAJIAN FILOGENETIK

- IKAN TUNA (*Thunnus spp*) SEBAGAI DATA PENGELOLAAN DI PERAIRAN SEKITAR KEPULAUAN MALUKU, INDONESIA. *Jurnal Kelautan: Indonesian Journal of Marine Science and Technology*, 11(2), 120. <https://doi.org/10.21107/jk.v11i2.3459>
- Akbar, N., P Zamani, N., & H Madduppa, H. (2014). Keragaman genetik ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) dari dua populasi di Laut Maluku, Indonesia. *Depik*, 3(1), 65–73. <https://doi.org/10.13170/depik.3.1.1304>
- Anafarida, O. (2020). ANALISIS FILOGENETIK MANGGA (*MANGIFERA SPP.*) BERDASARKAN GEN 5,8S RRNA (*Analysis of Philogenetic Manggo (Mangifera spp.) Based On RRNA 5,8S Gene*) Olivia Anafarida dan Badruzsaufari. 45(2016), 120–126.
- Anggarini, K. M., Saputra, S. W., Ghofar, A., & Setyadji, B. (2016). Hasil Tangkapan Ikan Madidihang (*Thunnus albacares*) Di Samudera Hindia Berdasarkan Hasil Tangkapan Yang Didaratkan Di Pelabuhan Bena, Bali. *Diponegoro Journal Of Maquares*, 5, 406–411.
- Astarini, I. A., Ardiana, S. A., Putra, I. N. G., Pertiwi, P. D., Sembiring, A., Yusmalinda, A., & Al Malik, D. (2021). Genetic Diversity and Phylogenetic of Longtail Tuna (*Thunnus tonggol*) Landed in Pabean Fish Market, Surabaya. *Musamus Fisheries and Marine Journal*, 3(2), 107–115. <https://doi.org/10.35724/mfmj.v3i2.3375>
- Firdaus, M. (2019). Profil Perikanan Tuna Dan Cakalang Di Indonesia. *Buletin Ilmiah Marina Sosial Ekonomi Kelautan Dan Perikanan*, 4(021), 23–32.
- Hutagalung, M. A. K. (2016). Analisa pembiayaan gadai emas di pt. bank syari'ah mandiri kcp setia budi. *Jurnal Al-Qasd*, 1(2528–5122), 116–126. <http://e-journal.potensi-utama.ac.id/ojs/index.php/AL-QASD/article/view/577/774>
- Imtiaz, A., Mohd Nor, S. A., & Md. Naim, D. (2017). Progress and potential of DNA barcoding for species identification of fish species. *Biodiversitas*, 18(4), 1394–1405. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d180415>
- Kamal, M. M., Hakim, A. A., Butet, N. A., Fitrianiingsih, Y., & Astuti, R. (2019). Autentikasi Spesies Ikan Kerapu Berdasarkan Marka Gen Mt-Coi Dari Perairan Peukan Bada, Aceh. *Jurnal Biologi Tropis*, 19(2), 116. <https://doi.org/10.29303/jbt.v19i2.1245>
- Lubis, K. (2014). Cara Pembuatan Pohon Filogeni. *Jurnal Pengabdian Kepada Masyarakat*, 20(75), 66–69. <https://doi.org/https://doi.org/https://doi.org/10.24114/jp km.v20i75.4812>
- Malabarba, L. R., & Malabarba, M. C. (2019). Phylogeny and classification of neotropical fish. In *Biology and Physiology of Freshwater Neotropical Fish*. Elsevier Inc. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-815872-2.00001-4>
- Monalisa, E., Mantiri, F. R., & Lengkong, H. J. (2019). Kajian Variasi Sekuens Interspesies dan Filogeni Kelelawar *Pteropus sp.* Menggunakan Gen COI. *Jurnal MIPA*, 8(2), 71. <https://doi.org/10.35799/jmuo.8.2.2019.24277>
- Nasution, M. H., Anwar, S., Fitri, A., & Zohra, A. F. (2019). Peramalan Jumlah Ikan Tuna/ Madidihang (Yellowfin tuna) yang Didaratkan di PPS Kutaraja Kota Banda Aceh dengan Metode Triple Exponential Smoothing. *Samakia: Jurnal Ilmu*

Perikanan, 10(1), 8–14.

- Ngurah, I. G., Mahardika, K., & Wandia, I. N. (2015). Keragaman Spesies Ikan Tuna di Pasar Ikan Kedonganan Bali dengan Analisis Sekuen Kontrol Daerah Mitokondria DNA (SPECIES DIVERSITY OF TUNA FISH USING MITOCHONDRIAL DNA CONTROL REGION SEQUENCE ANALYSIS AT KEDONGANAN FISH MARKET). *Jurnal Veteriner*, 16(3), 416–422.
- Nugraha, B., Novianto, D., & Barata, A. (2011). Keragaman Genetik Ikan Tuna Mata Besar (*Thunnus obesus*) Di Samudera Hindia. *J. Lit. Perikan. Ind*, 17, 277–284.
- Shodikin Aznardi, H. M. (2020). IDENTIFICATION OF GROUPER (*EPINEPHELUS SP*) AT MUARA. 48, 1–6.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., & Kumar, S. (2011). MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28(10), 2731–2739. <https://doi.org/10.1093/molbev/msr121>
- Wirdateti, Indriana, E., & Handayani. (2016). Analisis Sekuen DNA Mitokondria Cytochrome Oxidase I (COI) mtDNA Pada Kukang Indonesia (*Nycticebus spp*) sebagai Penanda Guna Pengembangan Identifikasi Spesies. *Jurnal Biologi Indonesia*, 12(1), 119–128.
- Wudianto, Wagiyo, K., & Wibowo, B. (2003). Sebaran Daerah Penangkapan Ikan Tuna Di Samudera Hindia. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia*, 9(7), 19–28.
- Yusman Maulid, D., Nurilmala, M., Nurjanah, N., & Maduppa, H. (2016). Molecular Characteristics of Cytochrome B for Mackerel Barcoding. *Jurnal Pengolahan Hasil Perikanan Indonesia*, 19(1), 9–16. <https://doi.org/10.17844/jphpi.2016.19.1.9>