

**KAJIAN FILOGENETIK IKAN TUNA (*Thunnus spp*) SEBAGAI DATA
PENGELOLAAN DI PERAIRAN SEKITAR KEPULAUAN MALUKU, INDONESIA.
THE PHYLOGENETIC FISH TUNA AS MANAGEMENT DATA IN AROUND MALLUCAS ISLAND'S SEA**

Nebuchadnezzar Akbar^{1*}, Muhammad Aris², Muhammad Irfan², Irmalita Tahir¹, Abdurrachman Baksir¹

¹Program Studi Ilmu Kelautan. FPIK Universitas Khairun. Ternate

²Program Budidaya Perairan. FPIK Universitas Khairun. Ternate

*Corresponding author e-mail: nezzarnebuchad@yahoo.co.id

Submitted: 08 Januari 2018 / Revised: 20 Desember 2018 / Accepted: 20 Desember 2018

<http://doi.org/10.21107/jk.v11i2.3459>

ABSTRACT

Tuna (*Thunnus Spp*) is a pelagic fish that has migration capabilities and commercial value. The condition of North Maluku and Ambon oceanographies supports the abundance of resource population stocks. Phylogenetic knowledge can help show the evolutionary relationship of an organism inferred from morphological and molecular data. The aim of the study was to determine phylogenetic of tuna in the waters of North Maluku and Ambon. This study used the PCR-Sequencing method. Molecular analysis uses a polymerase chain reaction (PCR) with CRK-CRE primer, electrophoresis. Reconstruction of the phylogenetic tree using the Neighbor joining method and the Kimura 2-parameter evolution model was carried out with the MEGA5 application. The results of phylogenetic research found that there were four different clades of tuna species (bigeye tuna; kuning fin tuna; alalunga tuna; cakalang). The genetic distance of big eye tuna (*T.obesus*) with yellow fin tuna (*T.albacares*) is 0.09, bigeye tuna (*T.obesus*) with tuna alalunga (*T.albacore*) is 0.19, yellow fin tuna (*T.albacares*) with tuna alalunga (*T.albacore*), for 0.21, big eye tuna (*T.obesus*) with alalunga tuna (*T.albacore*) cakalang (*K.pelamis*) is 0.34, cakalang (*K.pelamis*) with alalunga tuna (*T.albacore*) is 0.39 and yellow fin tuna (*T.albacares*) with Cakalang (*K. pelamis*) are 0.34. All results show significant genetic differences, genetic tuna species come from one group and filogeography has a real distribution boundary between one another.

Keywords: *Thunnus*, Polymerase Chain Reaction (PCR), Phylogenetic Tree, CRK-CRE primer, Neighbor joining, Kimura 2-parameter, genetic distance, MEGA5, filogeography.

ABSTRAK

Ikan tuna (*Thunnus Spp*) adalah ikan pelagis yang memiliki kemampuan migrasi dan nilai komersial. Kondisi oseanografie Maluku Utara dan Ambon mendukung kelimpahan stok populasi sumberdaya. Pengetahuan filogenetik dapat membantu menunjukkan hubungan evolusioner dari suatu organisme yang disimpulkan dari data morfologi dan molekuler. Tujuan penelitian untuk mengetahui filogenetik ikan tuna di perairan Maluku Utara dan Ambon. Penelitian ini menggunakan metode PCR-Sequencing. Analisis molekuler menggunakan Polymerase Chain Reaction (PCR) dengan primer CRK-CRE, elektroforesis. Rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan metode Neighbor joining dan model evolusi Kimura 2-parameter dilakukan dengan aplikasi MEGA5. Hasil penelitian filogenetik menemukan terdapat empat empat clade spesies ikan tuna yang saling berbeda (tuna mata besar ; tuna sirip kuning ; tuna alalunga ; cakalang). Jarak genetik tuna mata besar (*T.obesus*) dengan tuna sirip kuning (*T.albacares*) adalah 0.09, tuna mata besar (*T.obesus*) dengan tuna alalunga (*T.albacore*) adalah 0.19, tuna sirip kuning (*T.albacares*) dengan tuna alalunga (*T.albacore*), sebesar 0.21, tuna mata besar (*T.obesus*) dengan tuna alalunga (*T.albacore*) cakalang (*K.pelamis*) adalah 0.34, cakalang (*K.pelamis*) dengan tuna alalunga (*T.albacore*) adalah 0.39 dan tuna sirip kuning (*T.albacares*) dengan Cakalang (*K.pelamis*) adalah 0.34. Semua hasil menunjukkan perbedaan genetik yang signifikan, genetik spesies tuna berasal dari satu kelompok dan filogeografi memiliki batas distribusi yang nyata antar satu dengan yang lain.

Kata Kunci : *Thunnus*, Polymerase Chain Reaction (PCR), Pohon Filogenetik, primer CRK-CRE, , Neighbor joining, Kimura 2-parameter, jarak genetik, MEGA5, filogeografi.

PENDAHULUAN

Wilayah perairan kepulauan Maluku Utara dan Ambon telah lama dikenal sebagai daerah migrasi dan penangkapan paling produktif di Indonesia (KKP, 2011). Total produksi penangkapan ikan tuna pada tahun 2011 sebesar 106.5 ton/ tahun dan produksi penangkapan di Ambon sebesar 104.12 ton/tahun (KKP, 2011). Bailey *et al.*, (2012) mengatakan bahwa terdapat beberapa jenis tuna diperairan Indonesia antara lain tuna sirip kuning (*Thunnus albacores*), tuna mata besar (*Thunnus obesus*) dan ikan cakalang (*Katsuwonus pelamis*). Selain itu kedua wilayah ini secara geografis terletak di bagian timur Indonesia yang dibatasi oleh Samudera Pasifik, Laut Seram, Laut Banda, Laut Maluku dan Laut Halmahera. Kedudukan ini menyebabkan perairan kedua wilayah dipengaruhi oleh massa arus lintas Indonesia. Molcard *et al.*, (2001) menjelaskan Arlindo merupakan aliran arus antar samudera yang melewati Indonesia dan memiliki peranan yang penting dalam sistem sirkulasi massa air yaitu mensuplai massa air ke Samudera Hindia, selain itu Gordon (2005) melaporkan perairan Maluku Utara dan Ambon dilewati arus thermoklin Pasifik selatan dan termoklin Pasifik utara. Pembentukan arus ini akan membantu ikan khususnya tuna dalam bermigrasi dan bertemu antar populasi.

Ikan tuna merupakan spesies pelagis yang beruaya jauh, terdistribusi secara luas dan bermigrasi mengikuti pola arus perairan (Bremer *et al.*, 1998; Chen *et al.*, 2005). Hal ini memberikan peluang ikan bertemu dengan populasi ikan yang lain diperairan. Gaylord dan Gaines (2000) mengatakan bahwa arus laut dapat mempengaruhi distribusi populasi dan struktur genetika ikan. Gordon dan Fine (1996) juga melaporkan bahwa rute pertukaran gen antara organisme tropis di Samudera Hindia dengan Samudera Pasifik terus berlangsung hingga saat ini dan pertukaran gen secara garis besar melalui perantara Arlindo

Dilihat dari sejarah geologi, Maluku Utara dan Ambon merupakan kepulauan yang terbentuk akibat peristiwa tubrukan lempeng yang terjadi sehingga menyebabkan kenaikan kerak bumi keatas permukaan laut. Hal ini menyebabkan isolasi yang panjang dan rumitnya pembentukan pulau ini secara geologi telah memberikan fenomena menarik terhadap jenis fauna yang menghuni pulau Halmahera (Hall, 1998). De jong (1998) mengatakan bahwa secara geologi antara pulau Halmahera dan Seram sangat berbeda dimana pulau Halmahera secara geografis mengarah ke

bagian timur Indonesia sedangkan pulau Seram menjulur ke bagian barat Indonesia. Variasi kondisi lingkungan diduga dapat menimbulkan variabilitas genetika pada ikan laut dan perubahan struktur genetik yang diakibatkan terjadinya perubahan tinggi muka air laut pada jaman Pleistosen (Saunders *et al.*, 1986; Borsa, 2003).

Berbagai penjelasan mengenai geologi dan oseanografie pada Maluku Utara dan Ambon memberikan pandangan bahwa perlu adanya suatu kajian filogenetik untuk menjawab hubungan kekerabatan yang terjadi antara ikan, khususnya tuna yang memiliki kemampuan migrasi yang tinggi. Pengetahuan tentang hubungan kekerabatan suatu spesies diperlukan untuk mempelajari evolusi beberapa taksa yang memiliki kekerabatan dengan membandingkan sekuen DNA nya (Ubadillah dan Sutrisno, 2005). Baldauf (2003) mengatakan ilmu filogenetik dapat memperkirakan evolusi yang terjadi pada masa lalu dengan membandingkan sekuens DNA atau Protein. Campbell *et al.*, (2012) menyebutkan filogenetik dapat menunjukkan hubungan evolusioner dari suatu organisme yang disimpulkan dari data morfologi dan molekuler.

Penelitian filogenetik ikan tuna sendiri telah dilakukan oleh (Chow dan Kishino, 1995; Finnerty & Block, 1995; Elliott and Ward, 1995 ; Bremer *et al.*, 1997 ; Chow *et al.*, 2003) yang melihat hubungan filogenetik diantara spesies tuna dengan menggunakan genom mitokondria dan nuclear. Hasil penelitian menunjukkan bahwa terdapat hubungan yang kuat diantara spesies tuna dan terjadi pengelompokan yang berbeda antar spesies. Penelitian ikan tuna sendiri di Indonesia dilakukan oleh Permana (2007) yang mengkaji variasi genetik ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacores*) dan Suman *et al.*, (2013) yang melihat struktur genetik ikan tuna pada spesies tuna mata besar (*Thunnus obesus*) sedangkan kajian filogenetik ikan tuna di Indonesia sendiri, hingga sekarang belum terpublikasi dan ditemukan.

Analisis hubungan filogenetik ikan tuna menggunakan teknik DNA *sequencing*. Teknik ini yang dapat dipakai untuk mengetahui informasi genetik dan metode untuk memperoleh urutan basa nukleotida pada molekul DNA (Sanger *et al.*, 1977). Freeland (2005) mengatakan DNA sekuensing merupakan satu-satunya metode untuk mengidentifikasi pasangan basa dengan tepat antara individu yang berbeda dan memungkinkan untuk menyimpulkan hubungan

evolusi. Selain itu teknik ini sangat mudah, cepat, efisien sehingga banyak digunakan sebagai aplikasi dasar (Graham dan Hill, 2001; Ubadillah dan Sutrisno, 2009)

MATERI DAN METODE

Koleksi Sampel.

Total sampel yang ditemukan pada Maluku Utara (89) dan Ambon (29) individu. Sampel kemudian difoto, diukur panjang dan diambil bagian sirip renang (*pectoral fin*) sepanjang 3 cm setelah itu di simpan dalam tube yang telah terisi larutan ethanol 96% untuk pengawetan.

Ekstraksi DNA, Polymerase Chain Reaction (PCR), Elektroforesis dan Sekuensing.

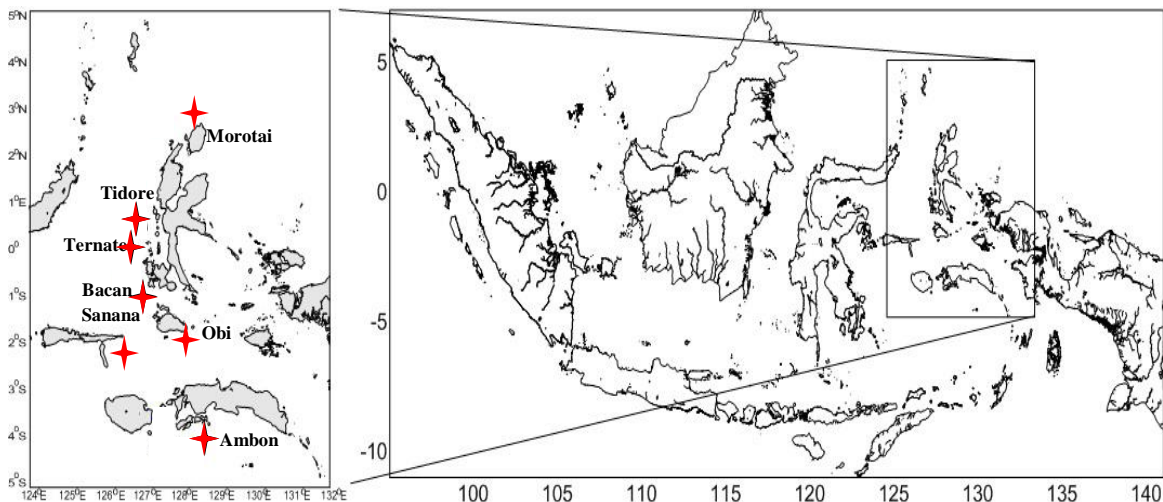
Isolasi DNA mitokondria dilakukan dengan larutan Chelex 10% (Walsh *et al.*, 1991). Ekstraksi DNA dimulai dengan pengambilan sampel jaringan. Sebelum dan sesudah jaringan diambil, pinset dicelupkan ke dalam ethanol 96% dan dibakar dengan api bunsen. Berikutnya *tube* divortex dan disentrifuge selama ± 20 detik, kemudian dipanaskan dalam *heat blok* dengan suhu 95°C selama ± 45 menit. Setelah dipanaskan, tube kembali divortex dan disentrifuge selama ± 20 detik. Amplifikasi dilakukan pada lokus mitochondrial DNA control region menggunakan primer forward CRK 5'-AGCTC AGCGC CAGAG CGCCG GTCTT GTAAA-3' dan primer reverse CRE 5'-CCTGA AGTAG GAACC AGATG-3' (Lee *et al.*, 1995). Reaksi PCR dilakukan dalam volume 25 μ L, menggunakan template DNA sebanyak 1 μ L. Setiap reaksi terdapat 2,5

μ L 10x PCR buffer (*Applied Biosystems*), 2.5 μ L 10 mM dNTPs, 1.25 μ L of each primer at 10 mM, 2 μ L 25 mM MgCl₂ solution, 0.125 μ L AmplyTaq Red™ (*Applied Biosystems*), 1 μ L 1x BSA and 13.5 μ L ddH₂O. Profil PCR meliputi denaturasi awal pada suhu 94 °C selama 15 detik, 38 siklus yang meliputi denaturasi pada 94 °C selama 30 detik, annealing pada 50 °C selama 30 detik, dan extension pada 72 °C selama 45 detik, selama 72 °C untuk 5 menit.

Proses elektroforesis dilakukan dengan memasukan 1 gram agarosa erlenmeyer ditambahkan 100 mL TAE 1x dan dipanaskan di dalam mikrowave kemudian ditambahkan 4 μ L EtBr. Gel agarosa yang sudah jadi kemudian dituangkan di cetakan yang sudah dipasang sisir pembuat sumur dan didiamkan selama 30 menit. DNA *Sequencing* dilakukan dengan metode *Sanger* (Sanger *et al.*, 1977).

Analisis Data.

Hubungan kekerabatan antar populasi ditentukan berdasarkan parameter jarak genetik (Nei, 1972), analisis statistik terhadap perbedaan jarak genetik (Nei, 1978), identifikasi spesies dan rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan metode *Neighbor joining* dan model evolusi *Kimura 2-parameter model* dilakukan dengan aplikasi MEGA5 (Tamura *et al.*, 2011).



Gambar.1. Peta pengambilan sampel ikan tuna (*Thunnus Spp.*).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Karakteristik sekuens Nukleotida

Panjang fragmen hasil amplifikasi PCR dengan primer CRK-CRE pada lokasi mtDNA *control*

region adalah 513 bp dari total 118 sampel ikan tuna mata besar yang terdiri dari 89 individu Maluku Utara dan 29 individu Ambon. Hampir semua substitusi nukleotida yang diamati ditemukan antara individu. Distribusi haplotipe

dan urutan substitusi nukleotida secara umum dapat di lihat pada (tabel 1). Total jumlah tipe nukleotida yang ditemukan adalah 80 nukleotida. Jumlah substitusi nukleotida antar ikan cakalang (*K. pelamis*) dengan spesies tuna (*Thunnus Spp*) adalah 13 substitusi nukleotida dan sangat besar dibandingkan dengan jumlah substitusi dalam spesies ikan tuna. Pada ikan tuna (*Thunnus*), spesies yang mendominasi substitusi adalah tuna mata besar (*Thunnus obesus*) dengan jumlah substitusi sebesar 9 nukleotida, tuna alalunga (*Thunnus albacore*) dengan jumlah pergantian nukleotida sebanyak 8 dan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) memiliki 6 substitusi nukleotida.

Perbedaan jumlah substitusi tuna mata besar (*T.obesus*) dengan tuna alalunga (*T.albacore*) adalah 10 nukleotida (1.25%), substitusi nukleotida tuna mata besar (*T.obesus*) dengan tuna sirip kuning (*T.albacares*) adalah 5 nukleotida (0.8%), antara ikan tuna mata besar (*T.obesus*) dengan ikan cakalang (*K.pelamis*) sebesar 9 nukleotida (0.11%), ikan cakalang (*K. pelamis*) dengan tuna sirip kuning (*T.albacares*) sebanyak 6 nukleotida (0.07%), tuna alalunga (*T.albacore*) dengan ikan cakalang (*K.pelamis*) sebanyak 14 nukleotida (0.07%) sedangkan ikan tuna alalunga (*T.albacore*) dan sirip kuning (*T.albacares*) 8 nukleotida (0.1%).

Total jumlah 80 tipe, panjang basa (bp) dan substitusi nukleotida antara spesies tuna (*Thunnus Sp*) dengan cakalang yang ditemukan berbeda dengan yang diperoleh oleh Chow dan Kishino (1995) yakni sebanyak 51 tipe, total terdapat 292 panjang basa (bp) yang ditemukan dan jumlah substitusi antar spesies tuna dengan cakalang berkisar 35-42. Perbedaan ini disebabkan oleh total sampel yang digunakan tidak sama, dimana Chow dan Kishino (1995) hanya menggunakan tiga individu pada setiap spesies tuna yang terbagi atas satu individu yang sampel yang dikoleksi dan dua sampel dari data DDJB (*DNA Data Bank of Japan*) sedangkan sampel koleksi yang kita gunakan berjumlah 188 spesies dan terbagi atas sampel ikan tuna mata besar (*T.obesus*), tuna sirip kuning (*T.albacares*), tuna alalunga (*T.albacore*) dan cakalang (*K.pelamis*) (tabel 1 dan 2).

Analisis filogenetik *mtDNA*

Analisis filogenetik menggunakan metode *Neighbor-joining* dengan *Kimura 2-parameter model* diperoleh empat clade yakni clade pertama untuk spesies ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacores*), Clade kedua untuk tuna

mata besar (*Thunnus obesus*), Clade ketiga adalah ikan tuna albacore (*Thunnus alalunga*) sedangkan *outgroup* yang dipakai adalah spesies ikan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) (gambar 2). Pohon filogeni yang dibangun memiliki nilai *bootstrap* diantara 87-99% pada setiap cabang pada kelompok populasi.

Hubungan kekerabatan dan kedekatan diperlihatkan oleh kelompok populasi tuna mata besar (*T.obesus*) dan tuna sirip kuning (*T.albacares*) yang berdekatan, sedangkan kelompok tuna alalunga (*T.albacore*) dan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) terpisah jauh dari kelompok tuna mata besar dan sirip kuning, dengan demikian bahwa terjadi divergensi secara genetik antara kelompok tuna alalunga (*T.albacore*) dan Cakalang (*K.pelamis*).

Rekonstruksi pohon filogenetik di dukung hasil analisis nilai jarak genetik antar empat spesies ditemukan bahwa jarak genetik tuna mata besar (*T.obesus*) dengan tuna sirip kuning (*T.albacares*) dan berkerabat jauh dengan tuna alalunga (*T.albacore*) serta Cakalang (*K.pelamis*). Jarak genetik tuna mata besar (*T.obesus*) dengan tuna sirip kuning (*T.albacares*) adalah 0.09, tuna mata besar (*T.obesus*) dengan tuna alalunga (*T.albacore*) adalah 0.19, tuna sirip kuning (*T.albacares*) dengan tuna alalunga (*T.albacore*), sebesar 0.21, tuna mata besar (*T.obesus*) dengan tuna alalunga (*T.albacore*) cakalang (*K.pelamis*) adalah 0.34, cakalang (*K.pelamis*) dengan tuna alalunga (*T.albacore*) adalah 0.39 dan tuna sirip kuning (*T.albacares*) dengan Cakalang (*K.pelamis*) adalah 0.34 (tabel 3).

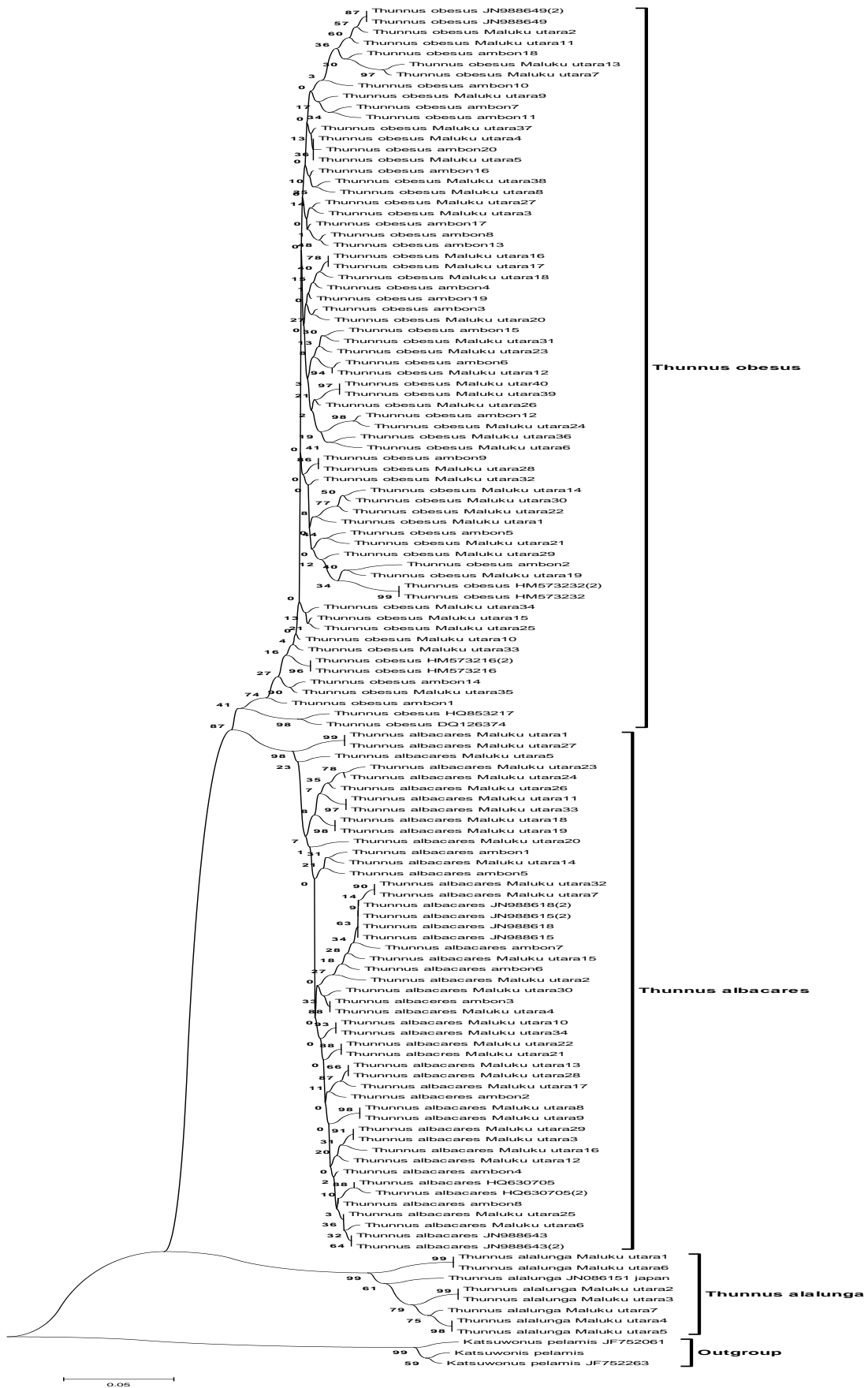
Clade pertama adalah populasi ikan tuna mata besar (*T.obesus*) yang memperlihatkan bahwa dua populasi dari tempat yang berbeda bercampur antara satu dengan yang lain, hal ini memungkinkan terjadi dan menjelaskan bahwa genetik kedua populasi ini sangat dekat dan memiliki kesamaan, hasil penelitian yang sama juga diperoleh Grewe dan Hampton (1998) diperairan samudera Pasifik, Martinez dan Zardoya (2005) dan Martinez *et al.*, (2006) pada perairan samudera Atlantik, Chiang *et al.*, (2006) pada laut Cina, Philipina dan samudera Pasifik bagian barat, dan Chiang *et al.*, (2008) diperairan samudera Hindia. Clade kedua adalah ikan tuna sirip kuning (*T.albacares*) juga menunjukkan kemiripan antar kedua populasi ini, hal ini mengindikasikan bahwa kedua populasi ikan ini adalah satu keturunan dan bermigrasi dengan pola migrasi pada lokasi yang sama sehingga mengakibatkan kedua

populasi ini menjadi mirip secara genetic, hasil yang diperoleh didukung oleh Kunal et al., (2013) yang menemukan bahwa ditemukan

seluruh haplotipe terbentuk didalam pohon filogenetik dan tidak menunjukkan adanya perbedaan secara genetic diperairan India.

Tabel 1 Distribusi haplotipe dan urutan substitusi nukleotida ikan tuna mata besar

YFT 1	GTACATATATGTAATTACACCATACTCATATATCGACCATATATAATAATGCTTTAGGACATAT
YFT 2
YFT 3
YFT 4
YFT 5
YFT 6
YFT 7
YFT 8
YFT 9
YFT 10
YFT 11
YFT 12
YFT 13
YFT 14
YFT 15
YFT 16
YFT 17
YFT 18
YFT 19
YFT 20
YFT 21
YFT 22
YFT 23
YFT 24
YFT 25
YFT 26
YFT 27
YFT 28
YFT 29
YFT 30
YFT 31
YFT 32
YFT 33
YFT 34
YFT 35
YFT 36
YFT 37
YFT 38
YFT 39
YFT 40
YFT 41
BET 1
BET 2
BET 3
BET 4
BET 5
BET 6
BET 7
BET 8
BET 9
BET 10
BET 11
BET 12
BET 13
BET 14
BET 15
BET 16
BET 17
BET 18
BET 19
BET 20
BET 21
BET 22
BET 23
BET 24
BET 25
BET 26
BET 27
BET 28
BET 29
BET 30
BET 31
BET 32
BET 33
BET 34
BET 35
BET 36
BET 37
BET 38
BET 39
BET 40
BET 41
BET 42
BET 43
BET 44
BET 45
BET 46
BET 47
BET 48
BET 49
BET 50
BET 51
BET 52
BET 53
BET 54
BET 55
BET 56
BET 57
BET 58
BET 59
BET 60
ALB 1
ALB 2
ALB 3
ALB 4
ALB 5
ALB 6
ALB 7
SKJ



Gambar 3. Filogenetik Ikan Tuna (*Thunnus* Spp) di Perairan Sekitar Kepulauan Maluku

Tabel.2. komposisi spesies ikan tuna (*Thunnus Spp*) yang ditemukan.

Spesies	Nama umum	Lokasi dan tahun	Singkatan	Jumlah sampel
Thunnus Obesus	Bigeye tuna	Maluku Utara dan Ambon, 2016	BET	60
Thunnus albacares	Yellowfin tuna	Maluku Utara dan Ambon, 2016	YFT	49
Thunnus alalunga	Albacore	Maluku utara, 2016	ALB	7
Katsuwonus pelamis	Skipjack tuna	Maluku utara, 2016	SKJ	2
Total				118

Tabel.3. Jarak genetik antar spesies ikan tuna (*Thunnus Spp*).

Species 1	Species 2	Distance
T.albacares	T.obesus	0.09
T.albacares	T.alalunga	0.21
T.obesus	T.alalunga	0.19
T.albacares	Cakalang	0.34
T.obesus	Cakalang	0.34
T.alalunga	Cakalang	0.39

Clade ketiga adalah tuna alalunga (*Thunnus albacore*) tidak menunjukkan kemiripan karena ikan ini hanya terdapat pada lokasi Maluku Utara dan tidak terdapat di lokasi Ambon namun perlu dijelaskan bahwa tidak menutup kemungkinan ikan tuna albacore juga terdapat di Ambon dan memiliki kemiripan secara geneologi dengan ikan tuna alalunga (*T.albacore*) lokasi Maluku Utara, sebagaimana yang ditemukan oleh Davies *et al.*, (2011) bahwa tingkat kemiripan genetik rendah antara ikan tuna alalunga (*T.albacore*) yang terdapat pada bagian Atlantik utara dan laut Mediterania. Clade empat merupakan ikan cakalang (*K.pelamis*) yang dipilih untuk digunakan sebagai *outgroup* dan hasil rekonstruksi pohon menunjukkan bahwa ikan cakalang (*K.pelamis*) terdapat diluar kelompok yang lainnya dan berkerabat jauh dengan kelompok spesies tuna (*Thunnus Spp*), seperti yang dijelaskan Collette dan Chao (1975) dalam Matsumoto *et al.*, (1984) bahwa spesies ikan cakalang merupakan kerabat jauh dengan spesies tuna namun akan berkerabat dekat jika dibandingkan dengan spesies tuna lainnya seperti Auxis dan Euthynnus.

Keseluruhan hasil yang diperoleh didukung oleh Chow dan Kishino (1995) melakukan penelitian hubungan filogenetik diantara spesies tuna menemukan bahwa terdapat tiga clade yang berbeda namun setiap clade terdapat dua spesies yang berbeda, Chow *et al.*, (2003) menjelaskan bahwa tuna mata besar (*Thunnus obesus*) secara genetik lebih dekat dan berkerabat dengan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) dibandingkan dengan

tuna albacore (*Thunnus alalunga*), Vinas dan Tudela (2009) melaporkan bahwa terdapat sepuluh clade yang berbeda diantara spesies tuna yakni tuna sirip biru atlantic (*T.atlanticus*), sirip kuning (*T.albacares*), tongkol abu-abu (*T.tonggol*), tuna mata besar (*T.obesus*), tuna sirip biru selatan (*T.mocccoyii*), tuna sirip biru pasifik (*T.orientalis*), tuna sirip biru (*T.thynnus*) dan tuna alalunga (*T.albacore*), hal yang sama juga dilaporkan (Tseng *et al.*, 2012 ; Kunal dan Kumar, 2013) bahwa terdapat empat clade spesies ikan tuna yang berbeda.

Hasil identifikasi yang menemukan spesies ikan tuna alalunga (*T.albacore*) di perairan Maluku Utara kemungkinan yang terjadi karena disebabkan oleh dua faktor, pertama larva ikan tuna albacore beruaya masuk mengikuti anakan ikan tuna lainnya, sebagaimana Chow *et al.*, (2003) menjelaskan bahwa larva dan juvenile besar dari spesies ikan tuna albacore (*T.alalunga*), tuna mata besar (*T.obesus*), cakalang (*skipjack*) dan tuna sirip kuning (*T.albacares*) tersebar luas disemua perairan sementara spesies tuna sirip biru pasifik utara (*Thunnus orientalis*) dan spesies Thunnini lainnya yang cenderung lebih dekat dengan pulau-pulau atau daerah pesisir. Faktor kedua adalah kondisi oseanografie yang mendorong larva tuna albacore terbawa masuk keperairan Maluku Utara, karena oseanografi merupakan salah satu faktor yang membantu dalam proses pertukaran gen antar populasi ikan yang memiliki perbedaan jarak geografis yang jauh, dimana arus yang terbentuk akibat tiupan angin secara global membantu dalam membawa organism kecil yang belum memiliki

kemampuan berenang. Laevastu dan Hayes (1981) mengatakan arus dapat memberikan pengaruh yang besar pada keberadaan ikan karena dapat mempengaruhi rute migrasi ikan, tingkah laku ikan, distribusi makan, penyebaran dan kelimpahan ikan serta dapat membawa telur dan larva ikan dari tempat pemijahan ke tempat asuhan, sedangkan Yuen (1955) dalam FAO (1963) menjelaskan telur ikan tuna mata besar ditemukan di perairan Samudera Pasifik dan tercampur dengan telur ikan tuna lainnya.

Hasil jarak genetic yang ditemukan antara diantara spesies tuna (tabel 3) memperlihatkan bahwa jarak genetic antara tuna mata besar (*T.obesus*) dengan dan tuna sirip kuning (*T.albacares*) yang dekat juga diperoleh hasil yang serupa oleh Chiang *et al.*, (2008) dan Wijana dan Mahardika (2010) yaitu jarak genetic antara tuna mata besar (*T.obesus*) dengan tuna sirip kuning (*T.albacares*) sebesar 0.07-0.09 dan antara tuna mata besar dengan tuna sirip biru sebesar 0.11, jarak genetic jauh antara tuna mata besar (*T.obesus*) dengan tuna alalunga (*T.albacore*), Tseng *et al.*, (2012) sebesar 0.016. Jarak genetic antara tuna sirip kuning (*T.albacares*) dengan alalunga (*T.albacore*) yang diperoleh, juga telah dilaporkan oleh Tseng *et al.*, (2012) sebesar 0.033, sedangkan tuna mata besar (*T.obesus*), tuna sirip kuning (*T.albacares*), tuna alalunga (*T.albacore*) dengan ikan cakalang (*K.pelamis*) yang diperoleh sama seperti yang dilaporkan Tseng *et al.*, (2012) yakni 1.181-1.123. Perbedaan jarak genetic ini diduga karena pola penyebaran dan distribusi empat spesies ini berbeda-beda sehingga memberikan peluang pertemuan yang kecil dan menimbulkan tidak adanya aliran gen antara populasi. Collette dan Nauen (1983) melaporkan tuna mata besar (*T.obesus*) dan tuna sirip kuning (*T.albacares*) terdistribusi luas disemua perairan tropis termasuk perairan Indonesia sedangkan tuna alalunga (*T.albacore*) terdistribusi kosmopolit diperairan tropis dan subtropis termasuk Laut Mediterania, tetapi tidak perairan Indonesia, selanjutnya Chow *et al.*, (2003) mengatakan secara morfologi juga ketiga memiliki bentuk yang berbeda pada saat larva.

KESIMPULAN DAN SARAN

Hasil analisis filogenetik ikan tuna (*Thunnus Spp*) menunjukkan bahwa terdapat perbedaan genetic yang signifikan diantara sampel spesies tuna berdasarkan sekuen mtDNA *control region* namun secara genetic spesies tuna berasal dari satu kelompok dan menunjukkan bahwa secara filogeografi memiliki

batas distribusi yang nyata antar satu dengan yang lain.

DAFTAR PUSTAKA

- Baldauf, S. L. (2003). Phylogeny for the faint of heart: a tutorial. *TRENDS in Genetics*, 19(6), 345-351.
- Bailey, M., Flores, J., Pokajam, S., & Sumaila, U. R. (2012). Towards better management of Coral Triangle tuna. *Ocean & coastal management*, 63, 30-42.
- Borsa, P. (2003). Genetic structure of round scad mackerel *Decapterus macrosoma* (Carangidae) in the Indo-Malay archipelago. *Marine Biology*, 142(3), 575-581.
- Bremer AJR, Naser I, Ely B. (1997). Orthodox and unorthodox phylogenetic relationships among tunas revealed by the nucleotide sequence analysis of the mitochondrial DNA control region. *Journal of Fish Biology*, 50(3), 540-554.
- Bremer JRA, Stequert B, Robertson NW, Ely B. (1998). Genetic evidence for inter-oceanic subdivision of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) populations. *Marine Biology*, 132, 547-557.
- Bremer JRA, Vinas J, Mejuto J, Ely B, Pla C. (2005). Comparative phylogeography of Atlantic bluefin tuna and swordfish: the combined effects of vicariance, secondary contact, introgression, and population expansion on the regional phylogenies of two highly migratory pelagic fishes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 36, 169-187.
- Campbell NA, Reece BJ, Urry LA, Cain ML, Wasserman SA, Minorsky PV, Jackson RB. 2012. *Biologi edisi kedelapan jilid 2*. Penerbit Erlangga. Jakarta.
- Chiang, H. C., Hsu, C. C., Lin, H. D., Ma, G. C., Chiang, T. Y., & Yang, H. Y. (2006). Population structure of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the South China Sea, Philippine Sea and western Pacific Ocean inferred from mitochondrial DNA. *Fisheries Research*, 79(1-2), 219-225.
- Chiang, H. C., Hsu, C. C., Wu, G. C. C., Chang, S. K., & Yang, H. Y. (2008). Population structure of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the Indian Ocean inferred from mitochondrial DNA. *Fisheries Research*, 90(1-3), 305-312.
- Chen IC, Lee PF, Tzeng WN. (2005). Distribution of albacore (*Thunnus alalunga*) in the Indian Ocean and its relation to environmental factors. *Fisheries Oceanography*, 14(1), 71-80.

- Chow S, Nohara T, Tanabe T, Itoh S, Tsuji Y, Nishikawa S, Uyeyanagi K, Uchikawa. (2003). Genetic and morphological identification of larval and small juvenile tunas (Pisces: Scombridae) caught by a mid-water trawl in the western Pacific. *Bull of Fisheries Research Agency*, 8: 1-14.
- Davies, C. A., Gosling, E. M., Was, A., Brophy, D., & Tysklind, N. (2011). Microsatellite analysis of albacore tuna (*Thunnus alalunga*): population genetic structure in the North-East Atlantic Ocean and Mediterranean Sea. *Marine biology*, 158(12), 2727-2740.
- De Jong, R. (1998). Halmahera and Seram: different histories, but similar butterfly faunas. *Biogeography and geological evolution of SE Asia*, 315-325.
- Durand, J. D., Collet, A., Chow, S., Guinand, B., & Borsa, P. (2005). Nuclear and mitochondrial DNA markers indicate unidirectional gene flow of Indo-Pacific to Atlantic bigeye tuna (*Thunnus obesus*) populations, and their admixture off southern Africa. *Marine Biology*, 147(2), 313-322.
- Elliott, N. G., & Ward, R. D. (1995). Genetic relationships of eight species of Pacific tunas (Teleostei: Scombridae) inferred from allozyme analysis. *Marine and Freshwater Research*, 46(7), 1021-1032.
- FAO. (1963). Synopsis on the biology of bigeye tuna *parathunnus mebachi kishinouye* 1923 (Indian Ocean). Fisheries division, biology branch food and agriculture organization of the united nations. Rome, 1963
- Finnerty JR, Block AB. 1995. Evolution of cytochrome *b* in the Scombroidei (Teleostei: molecular insights into billfish (Istiophoridae and Xiphiidae relationships). *Fishery Bulletin*, 93, 78-96.
- Freeland JR. 2005. *Molecular ecology. British library cataloguing in publication data.* Minion-regular by Thomson press (India) limited, New Delhi, India.
- Gaylord, B., & Gaines, S. D. (2000). Temperature or transport? Range limits in marine species mediated solely by flow. *The American Naturalist*, 155(6), 769-789.
- Gordon, A. L., & Fine, R. A. (1996). Pathways of water between the Pacific and Indian oceans in the Indonesian seas. *Nature*, 379(6561), 146.
- Gordon AL. (2005). the Indonesian seas oceanography of and their throughflow. *Oceanography*, 18, 14-27.
- Grewe P, Hampton J. (1998). An assessment of bigeye (*Thunnus obesus*) population structure in the Pasific Ocean, based on mitochondrial DNA and DNA microsatellite analysis. *Marine Research. CSRIO*.
- Graham CA, Hill AJM. (2001). DNA Sequencing Protocols Second Edition. Humana Press Totowa, New Jersey.
- Hall R. (1998). The plate tectonics of Cenozoic SE Asia and the distribution of land and sea. in Hall, R. & J. D. Holloway (eds.). 1998. Biogeography and Geological Evolution of SE Asia. *Backhuys Publisher*, Leiden.
- Kementerian Kelautan dan Perikanan. (2011). Kelautan dan perikanan dalam angka 2011. Jakarta.
- Kunal, S. P., & Kumar, G. (2013). Cytochrome oxidase I (COI) sequence conservation and variation patterns in the yellowfin and longtail tunas. *International journal of bioinformatics research and applications*, 9(3), 301-309.
- Laevastu T, Hayes ML. (1981). *Fisheries oceanography and ecology.* New York: Fishing News Book Ltd.
- Lee, W. J., Conroy, J., Howell, W. H., & Kocher, T. D. (1995). Structure and evolution of teleost mitochondrial control regions. *Journal of Molecular Evolution*, 41(1), 54-66.
- Martínez, P., & Zardoya, R. (2005). Genetic structure of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the Atlantic Ocean. *Collect. Vol. Sci. Pap, ICCAT*, 57(1), 195-205.
- Martínez, P., González, E. G., Castilho, R., & Zardoya, R. (2006). Genetic diversity and historical demography of Atlantic bigeye tuna (*Thunnus obesus*). *Molecular phylogenetics and evolution*, 39(2), 404-416.
- Matsumoto WM, Skiliman RA, Dizon AE. (1984). Synopsis of biological data on skipjack tuna, *katsuwonus pelamis*. NOAA Technical Report NMFS Circular 451. *FAO Fisheries Synopsis (FAO). no. 136*.
- Molcard R, Feux M, Syamsudin F. (2001). The Indonesian throughflow within Ombai strait. *J. Deep Sea. Res.* 48,1237-1253.
- Nei M. (1972). Genetic distance between population. *american nature.* 106,283-292.
- Nei M. (1987). *moleculer evolutionary genetics.* new york. columbia university. Press.
- Permana GN, Hutapea JH, Haryanti, Sembiring SBM. (2007). Variasi genetic ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albaceras*) dengan analisis elektroforesis allozyme dan mt-

- DNA. *Jurnal Riset Akuakultur*, 2(1), 41-50.
- Rozas, J., Sánchez-DelBarrio, J. C., Messeguer, X., & Rozas, R. (2003). DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 19(18), 2496-2497.
- Sanger F, Nicklen S, Coulson AR. (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *proc. natn. acad. sci. usa* 74, 5463±5467.
- Saunders, N. C., Kessler, L. G., & Avise, J. C. (1986). Genetic variation and geographic differentiation in mitochondrial DNA of the horseshoe crab, *Limulus polyphemus*. *Genetics*, 112(3), 613-627.
- Suman A, Irianto HE, Amri K, Nugraha B. 2013. Population structure and reproduction of bigeye tuna (*Thunnus Obesus*) in Indian Ocean at western part of Sumatera and southern part of Java and Nusa Tenggara. *Indian Ocean Tuna Commission*, 8, 1-14.
- 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.
- Tseng, M. C., Jean, C. T., Smith, P. J., & Hung, Y. H. (2012). Interspecific and intraspecific genetic diversity of *Thunnus* species. *In analysis of genetic variation in animals*. InTech.
- Ubadillah R, Sutrisno H. (2009). Pengantar Biosistematik: Teori dan Praktek. Museum Zoologicum Bogoriense, Pusat Penelitian Biologi Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia Bogor. LIPI Press. Jakarta.
- Viñas, J., & Tudela, S. (2009). A validated methodology for genetic identification of tuna species (genus *Thunnus*). *PLOS one*, 4(10), e7606.
- Walsh, P. S., Metzger, D. A., & Higuchi, R. (1991). Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *Biotechniques*, 10(4), 506-513.