

**KARAKTERISTIK GENETIK DAN FILOGENETIK SPESIES IKAN LAYANG
(*Decapterus* sp) YANG TERTANGKAP DI PERAIRAN BITUNG**

***GENETIC AND PHYLOGENETIC CHARACTERISTICS OF MACKEREL SPECIES
(*Decapterus* sp) CAUGHT IN BITUNG WATERS***

**Rudi Saranga¹⁾, Heru Santoso¹⁾, Jul Manohas¹⁾, Nurdin Kasim²⁾, Ismail³⁾, Deni
Sariato^{4*)}, Gretyo Eduard Dara Lie⁵⁾, Givensius Gomair⁵⁾**

¹⁾Program Studi Teknik Penangkapan Ikan, Politeknik Kelautan dan Perikanan Bitung, Jl. Tandurusa,
Aertembaga Dua, Aertembaga, Kota Bitung, Sulawesi Utara 95526

²⁾Program Studi Teknik Penangkapan Ikan, Politeknik Kelautan dan Perikanan Bone, Sulawesi Jl. Sungai Musi
No.Selatan, Pallete, Kec. Tanete Riattang Tim., Kabupaten Bone, Sulawesi Selatan 92719

³⁾Program Studi Teknik Penangkapan Ikan, Politeknik Kelautan dan Perikanan Sorong, Jl. Kapitan Pattimura
Tanjung Kasuari Suprau Kotak Pos 118 Kota Sorong.

⁴⁾Program Studi Perikanan Tangkap, Politeknik Kelautan dan Perikanan Dumai, Jl. Wan Amir No 1, Kelurahan
Pangkalan Sesai, Kecamatan Dumai Barat, Dumai

⁵⁾Taruna Program Studi Teknik Penangkapan Ikan, Politeknik Kelautan dan Perikanan Bitung, Jl. Tandurusa,
Aertembaga Dua, Aertembaga, Kota Bitung, Sulawesi Utara 95526

Teregisterasi I tanggal : 19 Mei 2025; Diterima setelah perbaikan tanggal 19 Juni 2025;
Disetujui terbit tanggal : 21 Juni 2025

ABSTRAK

Sumberdaya kelompok ikan Layang di perairan Bitung memiliki nilai ekonomis sehingga perlu dilakukan pengelolaan berdasarkan nama spesies ikan yang valid secara ilmiah. Pemberian nama spesies ikan Layang menjadi penting dalam rangka pengelolaan sumberdaya ikan berbasis spesies. Terdapat 4 jenis ikan Layang yang umum tertangkap di perairan Bitung dengan bahasa lokal yakni ikan Layang Kecil, Sedang, Besar dan ikan Layang Anggur. Ke-empat jenis ikan Layang ini perlu dipastikan penamaan ilmiahnya berdasarkan karakteristik genetik dan filogenetiknya sehingga membantu dalam pengelolaan sumberdaya ikan berbasis spesies. Penelitian ini bertujuan melakukan identifikasi spesies ikan Layang yang tertangkap di perairan Bitung secara genetik sehingga diperoleh nama spesies yang valid dan mengetahui tingkat kekerabatannya melalui analisis filogenetik. Untuk mendapatkan karakteristik genetik dan filogenetik dari 4 jenis ikan layang dilakukan ekstraksi DNA, Polymerase Chain Reaction (PCR), penyuntingan DNA dan analisis filogenetik menggunakan program MEGA versi X. Hasil penelitian mendapatkan bahwa secara genetik ikan Layang Anggur merupakan spesies *Decapterus smithvanizi* dan ikan Layang kecil, sedang dan besar merupakan spesies *Decapterus macarellus*. Filogenetik *D. smithvanizi* dari Bitung memiliki jarak kekerabatan yang dekat dengan jenis yang sama dari perairan Philipina, sedangkan *D. macarellus* dari Bitung memiliki kekerabatan yang dekat dengan jenis yang sama dari perairan Vietnam.

Kata Kunci: Filogenetik, Genetik, Ikan Layang, Perairan Bitung

ABSTRACT

The mackerel scads in Bitung waters have economic value so that management needs to be carried out based on scientifically valid fish species names. Layang fish species naming is important in the context of species-based fish resource management. There are four types of mackerel scads that are commonly caught in Bitung waters with local name small, medium, big mackerel scads and grape mackerel scad. The four species of mackerel scads need to be scientifically identified based on their genetic and phylogentic characteristics to help in species-based fish resource management. This study aims to identify species of mackerel scads caught in Bitung waters genetically to obtain valid species names and determine the level of kinship through phylogenetic analysis. To

Korespondensi penulis:

e-mail: denisariato45@gmail.com

DOI: <http://dx.10.15578/bawal.17.1.2025.46-55>

obtain genetic and phylogenetic characteristics of four species of mackerel scads, were carried out DNA extraction, Polymerase Chain Reaction (PCR), DNA editing and phylogenetic analysis using the MEGA version X program. The results showed that genetically the Grape Kite is a species of *Decapterus smithvanizi* and the small, medium and large kites are species of *Decapterus macarellus*. Phylogenetic *D. smithvanizi* from Bitung has a close relationship with the same species from Philippine waters, while *D. macarellus* from Bitung has a close relationship with the same species from Vietnamese waters.

Keywords: *Filogenetic, Genetic, Decapterus, Bitung Waters*

PENDAHULUAN

Kota Bitung yang berada di Provinsi Sulawesi Utara merupakan salah satu wilayah yang memiliki potensi sumberdaya perikanan pelagis kecil yang berada di Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia (WPPNRI) 715. Berdasarkan data statistik perikanan nasional tahun 2020, Provinsi Sulawesi Utara menyumbang produksi perikanan pelagis kecil sebesar 82.668 ton atau 25,62% terhadap produksi perikanan daerah (Forum Ilmiah dan Konsultatif Pengelolaan Perikanan Berkelanjutan, 2022). Salah satu jenis ikan pelagis kecil yang bernilai ekonomis dari perairan Bitung yakni ikan layang..

Ikan Layang hasil tangkapan nelayan di wilayah perairan Sulawesi Utara umumnya masih menggunakan nama lokal yakni ikan Layang Kecil, Sedang, besar dan ikan Layang Anggur, sehingga penamaan tersebut perlu identifikasi secara ilmiah untuk mendapatkan nama spesies yang valid. Untuk mendapatkan suatu spesies ikan yang valid dan terkonfirmasi perlu dilakukan analisis secara genetik melalui analisis mtDNA (Wiadnya *et al.*, 2014). Spesies ikan layang menjadi kajian dalam penelitian ini karena secara taksonomi terdapat 11 spesies dalam genus *Decapterus* yang sudah memiliki nama valid berdasarkan data dari situs (<http://www.fishbase.org> dan <http://www.itis.gov>). Dengan adanya nama ikan layang yang valid dari hasil tangkapan nelayan di perairan Bitung, akan memberikan kejelasan dan kepastian spesies yang valid secara ilmiah guna pencatatan dan pelaporan hasil tangkapan dalam rangka pengelolaan stok perikanan berbasis spesies.

Keterbatasan dalam proses identifikasi sering berdampak pada *misidentified species* atau kesalahan dalam nomenklatur, sehingga dapat mengakibatkan pengelolaan sumberdaya

ikan yang tidak sesuai dengan nama spesies yang valid . Penelusuran nomenklatur khusus kelompok ikan layang (*Decapterus* spp) mendapatkan sebanyak 39 nama ilmiah dan 11 nama yang valid. Berdasarkan 11 nama yang valid dari kelompok ikan Layang, belum dapat dipastikan secara ilmiah jenis ikan Layang yang tertangkap di perairan Sulawesi Utara dan sekitarnya karena selama ini hanya dilakukan identifikasi secara morfologi. Penelitian Akeria *et al.*,(2019) yang mengidentifikasi ikan layang di perairan Likupang Sulawesi Utara melalui pengamatan bentuk mulut, warna tubuh dan bentuk ekor. Identifikasi secara morfologi dan genetik perlu dilakukan untuk mendapatkan spesies yang valid (Saranga *et al.*, 2017). Analisis genetik digunakan dalam menemukan diferensiasi dalam spesies pada struktur populasi di laut pada ikan dengan potensi penyebaran yang tinggi (Palumbi, 2003). Tujuan penelitian ini adalah untuk melakukan identifikasi spesies ikan Layang dari perairan Bitung secara genetik serta mengetahui filogenetik .

METODE PENELITIAN

Penelitian ini dilaksanakan bulan Agustus sampai dengan bulan November 2024 dengan lokasi pengambilan sampling ikan di Pelabuhan Perikanan Samudera Bitung dan Pasar Tradisional Winenet Kota Bitung. Identifikasi hasil tangkapan ikan layang secara genetik dilakukan di Laboratorium Biologi FMIPA Universitas Sam Ratulangi Manado dengan mengambil sampel daging dari 4 jenis ikan layang yang memiliki perbedaan morfologi berdasarkan ukuran tubuh dan tampilan warna sirip ekor, yakni ikan Layang Anggur, ikan Layang Kecil, ikan Layang Sedang dan ikan Layang Besar.

Ekstraksi DNA dari ke-4 sampel daging ikan Layang Bitung dilakukan untuk mendapatkan DNA total menggunakan *Tissue Genomic DNA Mini Kit (Geneaid)*. Proses *Polymerase Chain Reaction (PCR)* dilakukan

dalam setiap reaksi 40 µl untuk mendapatkan hasil yang akan digunakan dalam proses amplifikasi dan denaturasi. Pada Tabel 1 disajikan komponen bahan yang digunakan dalam proses PCR.

Tabel 1. Komponen PCR dalam setiap reaksi

Table 1. PCR component for each reaction

Komponen	Volume
MyTaq HS Red Mix 2x (Bioline)	20 µl
Primer LCO1490 (10 µM)	1,5 µl
Primer HC02198 (10 µM)	1,5 µl
ddH ₂ O	15 µl
DNA template (sampel)	2 µl
Total	40 µl

Primer PCR yang digunakan berdasarkan Folmer *et al.* (1994) untuk mengamplifikasi Gen COI: LCO1490 (5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-

3') dan HC02198 (5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAATCA-3'). Pada Tabel 2 disajikan proses amplifikasi dan denaturasi menggunakan mesin PCR.

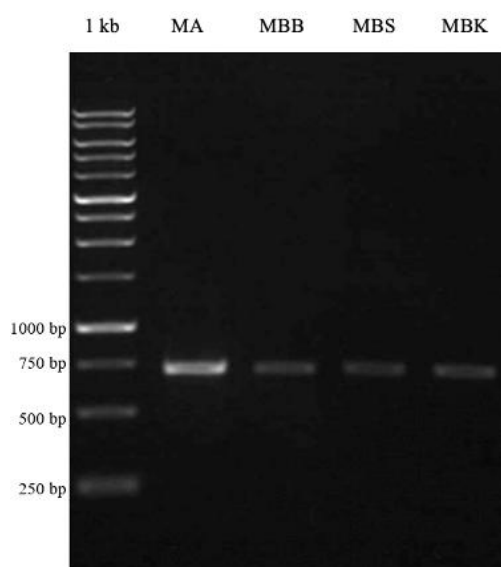
Tabel 2. Pengaturan suhu mesin PCR T- Gradient (Biometra)

Table 2. PCR machine temperature setting T-Gradient (Biometra)

Tahap	Suhu	Waktu	Siklus
Denaturasi Awal	95°C	3 menit	-
Denaturasi	95°C	20 detik	35 kali
Perlekatan Primer	50°C	30 detik	
Pemanjangan DNA	72°C	20 detik	
Pemanjangan Akhir	72°C	1 menit	-

Keberhasilan proses PCR menggunakan primer ini ditandai dengan adanya pita

tunggal sepanjang 709 bp melalui proses elektroforesis gel agarose 0,8%.



Gambar 1. Hasil produk elektroforesis mtDNA dengan gel agarose 0,8%
Figure 1. Electrophoresis product results mtDNA with 0.8% agarose gel

Proses penyuntingan DNA dilakukan menggunakan *Geneious Prime* versi 2024.0.7 dengan panjang DNA (tanpa primer) setelah penyuntingan didapatkan 658 bp. Analisis filogenetik dan evolusi molekuler dilakukan menggunakan program MEGA (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*) versi X (Kumar *et al.*, 2018; Stecher *et al.*, 2020).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil

Karakteristik Genetik

Sekuensing DNA sampel ikan Layang Anggur Bitung diperoleh hasil susunan nuklotida sebagai berikut :

CACCCTTTATCTAGTATTTGGTGCTTG
ACTGGAATAGTAGGAAGTCTTTAAG
CCTACTCATTTCGGGCAGAATTAAGCC
AGCCTGGCCTCCTGGGGGATGACCAA
ATTTATAACGTAATTGTTACGGCCAC
GCCTTCGTAAAATTTCTTTATAGTAA

TACCAATTAGATGAGGCTTTGGAAAC
TGACTAATCCCCTAATGATCGGGGC
CCCCGACATGGCCTTCCTCGAATAA
ATAATATGAGCTTCTGACTCCTCCCTC
CCTCGTTCCTCCTGCTTTTAGCGTCTT
CAGGCGTTGAAGCCGGGGCCGGAACG
GTTGAACAGTTTACCCTCCCCTGGCCG
GGAACCTAGCCCATGCCGGAGCATCC
GTAACCTAACCATCTTCTCTCTTACC
TAGCAGGGGTATCATCCATTCTAGGG
GCTATTAACTTCATCACCCTATTATT
AACATGAAGCCCCCTGCGGTCTCAAT
GTATCAAATTCCCCTGTTTCGTTTGAGC
TGTCCTTATTACAGCCGTCCTTCTTCT
CCTGTCTCTTCCCGTCCTAGCTGCTGG
CATTACAATGCTTCTAACGGACCGAA
ACCTAAACACTGCTTTCTTTGATCCAG
CAGGGGGAGGTGACCCAATTCTCTAC
CAACACTTATTC. Pada Gambar 2
disajikan hasil pensejajaran dengan metode
Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)
ikan Layang Anggur dari perairan Bitung
dengan data pada genBank.

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
✓	Decapterus smithvanizi isolate DAV-Dsm5 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds, mitochondrial	Decapterus smith...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	675	OK663485.1
✓	Decapterus smithvanizi isolate DAV-Dsm1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds, mitochondrial	Decapterus smith...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	675	OK048604.1
✓	Decapterus smithvanizi isolate DAV-Dsm4 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds, mitochondrial	Decapterus smith...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	675	OK663486.1
✓	Decapterus smithvanizi isolate ILQ-Dsm3 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds, mitochondrial	Decapterus smith...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	675	OK048599.1
✓	Decapterus smithvanizi isolate ILQ-Dsm2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds, mitochondrial	Decapterus smith...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	675	OK048600.1
✓	Decapterus smithvanizi isolate ILQ-Dsm1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds, mitochondrial	Decapterus smith...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	675	OK048601.1
✓	Decapterus smithvanizi isolate DAV-Dsm3 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds, mitochondrial	Decapterus smith...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	675	OK663487.1
✓	Decapterus smithvanizi isolate DAV-Dsm2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds, mitochondrial	Decapterus smith...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	675	OK663488.1
✓	Decapterus russelli isolate FNSIC032-11 cytochrome c oxidase subunit I (cox1) gene, partial cds, mitochondrial	Decapterus russell...	1171	1171	97%	0.0	99.69%	643	JQ681458.1
✓	Decapterus kuroides voucher GDC373 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds, mitochondrial	Decapterus kurr...	1166	1166	96%	0.0	99.84%	634	KY371370.1
✓	Decapterus kuroides voucher GDC374 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds, mitochondrial	Decapterus kurr...	1166	1166	96%	0.0	99.84%	634	KY371371.1
✓	Decapterus kuroides voucher DOS 06641-1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds, mitocho...	Decapterus kurr...	1162	1162	96%	0.0	99.84%	640	OR113833.1
✓	Decapterus kuroides voucher DOS 06643-1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds, mitocho...	Decapterus kurr...	1129	1129	93%	0.0	99.84%	622	OR113835.1
✓	Decapterus sp. FNSIC080-11 cytochrome c oxidase subunit I (cox1) gene, partial cds, mitochondrial	Decapterus sp. F...	1118	1118	92%	0.0	99.67%	614	JQ681428.1
✓	Decapterus kuroides clone NS-31 cytochrome c oxidase subunit I gene, partial cds, mitochondrial	Decapterus kurr...	1107	1107	91%	0.0	99.83%	602	MN223498.1
✓	Decapterus russelli isolate ASiZP0079007 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds, mitochondrial	Decapterus russell...	1009	1009	83%	0.0	99.64%	552	KU943718.1
✓	Decapterus muroadsi voucher SIO-b9f53e0e-d3f3-4f8f-8189-1b93a508f31c mitochondrion, complete genome	Decapterus mur...	928	928	100%	0.0	92.10%	16542	OP057048.2
✓	Decapterus muroadsi voucher ILQ42_Dmur cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds, mitocho...	Decapterus mur...	915	915	99%	0.0	91.78%	657	OR645400.1
✓	Decapterus macareus voucher MELV1880 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds, mitochondrial	Decapterus mac...	911	911	99%	0.0	91.76%	655	HM389745.1

Gambar 2. Hasil BLAST Ikan Layang Anggur Bitung memiliki kemiripan genetik sebesar 99,85% dengan *Decapterus smithvanizi* (nomor akses: OK663485.1).

Figure 2. The BLAST results of Bitung Grape Scad have a genetic similarity of 99.85% with *Decapterus smithvanizi* (accession number: OK663485.1)

Sekuensing DNA sampel ikan Layang Kecil, Sedang dan Besar, diperoleh susunan nukleotida yang sama sebagai berikut :

CACCCTTTATCTAGTATTTGGTGCTTG
AGCTGGAATAGTAGGAAGTCTTTAA
GCCTACTTATTCGAGCAGAATTAAGC

CAACCTGGCGCCCTCCTGGGGGATGA
CCAAATTTACAACGTAATTGTTACGG
CCCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTA
TAGTAATACCAATCATGATCGGAGGC
TTTGGCAACTGACTAATCCCCTAAT
GATCGGAGCCCCCGACATGGCCTTCC

CTCGAATAAACAACATGAGCTTCTGA
CTCCTTCCTCCATCCTTCCTCCTTCTTC
TGGCCTCTTCAGGCGTTGAGGCCGGG
GCCGGAAGTGGTTGAACAGTTTACCC
TCCGCTGGCTGGAAATCTCGCCACG
CCGGAGCATCCGTCGACTTAACCATC
TTCTCTCTTCACCTGGCAGGGGTCTCA
TCAATTCTAGGGGCTATCAACTTTATT
ACTACGATCATCAATATGAAACCCCC
TGCAGTTTCAATGTACCAAATCCCCT

CTTCGTCTGAGCTGTCCTAATTACAGC
TGTCCTTCTTCTCCTATCTCTCCCCGT
TTAGCTGCTGGCATTACAATGCTTCTA
ACAGACCGAAACCTAAACACTGCTTT
CTTTGATCCTGCAGGGGGAGGTGACC
CGATTCTCTACCAACACTTATTC.

Pada Gambar 3, 4, dan 5 disajikan hasil BLAST ikan Layang Bitung Kecil, Sedang dan Besar dari perairan Bitung dengan data pada genBank:

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Decapterus macarellus isolate QUE-Dm19 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrion	Decapterus mac...	1216	1216	100%	0.0	100.00%	675	OK048596.1
Decapterus macarellus clone S6-B0 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1216	1216	100%	0.0	100.00%	676	MH638719.1
Decapterus macarellus mitochondrion, complete genome	Decapterus mac...	1216	1216	100%	0.0	100.00%	16544	NC_026718.1
Decapterus macarellus isolate SAM-Dm19 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrion	Decapterus mac...	1216	1216	100%	0.0	100.00%	675	OK048596.1
Decapterus macarellus clone S2-B1 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1216	1216	100%	0.0	100.00%	676	MH638676.1
Decapterus macarellus isolate ZS31TYC-L20 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrion	Decapterus mac...	1216	1216	100%	0.0	100.00%	684	OL512829.1
Decapterus macarellus isolate ZS31TYC-L30 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrion	Decapterus mac...	1216	1216	100%	0.0	100.00%	676	OL512839.1
Decapterus macarellus voucher IL048_D.mac cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrion	Decapterus mac...	1214	1214	99%	0.0	100.00%	657	OR645382.1
Decapterus macarellus voucher LUZ-087 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1210	1210	99%	0.0	100.00%	655	OQ386413.1
Decapterus macarellus isolate SAM-Dm13 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrion	Decapterus mac...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	675	OK048594.1
Decapterus macarellus clone S3-B12 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	676	MH638687.1
Decapterus macarellus isolate QUE-Dm19 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrion	Decapterus mac...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	675	OK048597.1
Decapterus macarellus isolate DMC3 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1210	1210	99%	0.0	100.00%	655	MT540982.1
Decapterus macarellus clone S14-12 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	676	MH638771.1
Decapterus macarellus isolate DMC2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1210	1210	99%	0.0	100.00%	655	MT540981.1
Decapterus macarellus isolate DMC4 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1210	1210	99%	0.0	100.00%	655	MT540983.1
Decapterus macarellus U7-fish6 mitochondrial COX1 gene for cytochrome c oxidase subunit 1, partial cds	Decapterus mac...	1210	1210	99%	0.0	100.00%	655	LC704892.1
Decapterus macarellus clone S6-D11 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	676	MH638714.1
Decapterus macarellus clone S12-H5 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	676	MH638756.1

Gambar 3. Hasil BLAST Ikan Layang Bitung Kecil memiliki kemiripan 100% dengan *Decapterus macarellus* (nomor aksesori OK048596.1).

Figure 3. The BLAST results of Bitung Small Scad have a genetic similarity of 100% with *Decapterus macarellus* (accession number: OK048596.1)

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Decapterus macarellus isolate SAM-Dm13 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrion	Decapterus mac...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	675	OK048594.1
Decapterus macarellus isolate QUE-Dm19 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrion	Decapterus mac...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	675	OK048597.1
Decapterus macarellus isolate QUE-Dm19 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrion	Decapterus mac...	1205	1205	100%	0.0	99.70%	675	OK048596.1
Decapterus macarellus clone S6-B0 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1205	1205	100%	0.0	99.70%	676	MH638719.1
Decapterus macarellus mitochondrion, complete genome	Decapterus mac...	1205	1205	100%	0.0	99.70%	16544	NC_026718.1
Decapterus macarellus isolate SAM-Dm19 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrion	Decapterus mac...	1205	1205	100%	0.0	99.70%	675	OK048596.1
Decapterus macarellus clone S2-B1 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1205	1205	100%	0.0	99.70%	676	MH638676.1
Decapterus macarellus isolate ZS31TYC-L20 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrion	Decapterus mac...	1205	1205	100%	0.0	99.70%	684	OL512829.1
Decapterus macarellus isolate ZS31TYC-L30 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrion	Decapterus mac...	1205	1205	100%	0.0	99.70%	676	OL512839.1
Decapterus macarellus voucher IL048_D.mac cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrion	Decapterus mac...	1203	1203	99%	0.0	99.70%	657	OR645382.1
Decapterus macarellus voucher LUZ-087 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1199	1199	99%	0.0	99.69%	655	OQ386413.1
Decapterus macarellus clone S3-B12 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1199	1199	100%	0.0	99.54%	676	MH638687.1
Decapterus macarellus isolate DMC3 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1199	1199	99%	0.0	99.69%	655	MT540982.1
Decapterus macarellus clone S14-12 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1199	1199	100%	0.0	99.54%	676	MH638771.1
Decapterus macarellus isolate DMC2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1199	1199	99%	0.0	99.69%	655	MT540981.1
Decapterus macarellus isolate DMC4 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1199	1199	99%	0.0	99.69%	655	MT540983.1
Decapterus macarellus U7-fish6 mitochondrial COX1 gene for cytochrome c oxidase subunit 1, partial cds	Decapterus mac...	1199	1199	99%	0.0	99.69%	655	LC704892.1
Decapterus macarellus clone S6-D11 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1199	1199	100%	0.0	99.54%	676	MH638714.1
Decapterus macarellus clone S12-H5 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	Decapterus mac...	1199	1199	100%	0.0	99.54%	676	MH638756.1

Gambar 4. Hasil BLAST ikan Layang Bitung Sedang memiliki kemiripan 99,85% dengan *Decapterus macarellus* (nomor aksesori OK048594.1).

Figure 4. The BLAST results of Bitung Medium Scad have a genetic similarity of 99,85% with *Decapterus macarellus* (accession number: OK048594.1)

Figure 5. The BLAST results of Bitung Big Scad have a genetic similarity of 99,85% with *Decapterus macarellus* (accession number: LC745036.1)

Pensejajaran genetik melalui rekonstruksi filogenetik ikan Layang Anggur Bitung dengan beberapa sekuen dari perairan

Phylogenetic tree showing the relationship between *Decapterus smithvanizi* and Layang Anggur Bitung. The tree is rooted at the bottom left. The first major split is at 92% support, separating the Layang Anggur Bitung lineage from the other four. The Layang Anggur Bitung lineage is highlighted in green. The other four lineages form a clade with 92% support. Within this clade, there is a split at 92% support between the two Philippines samples (OK663488.1 and OK663487.1) and the other two. The Philippines samples are sister taxa with 92% support. The other two samples (MZ605580.1 and LC277967.1) are sister taxa with 92% support. The final split at the bottom is at 92% support, separating the Thailand sample (LC646651.1) from the rest of the clade.

OK663488.1 *Decapterus smithvanizi* Philippines

OK663487.1 *Decapterus smithvanizi* Philippines

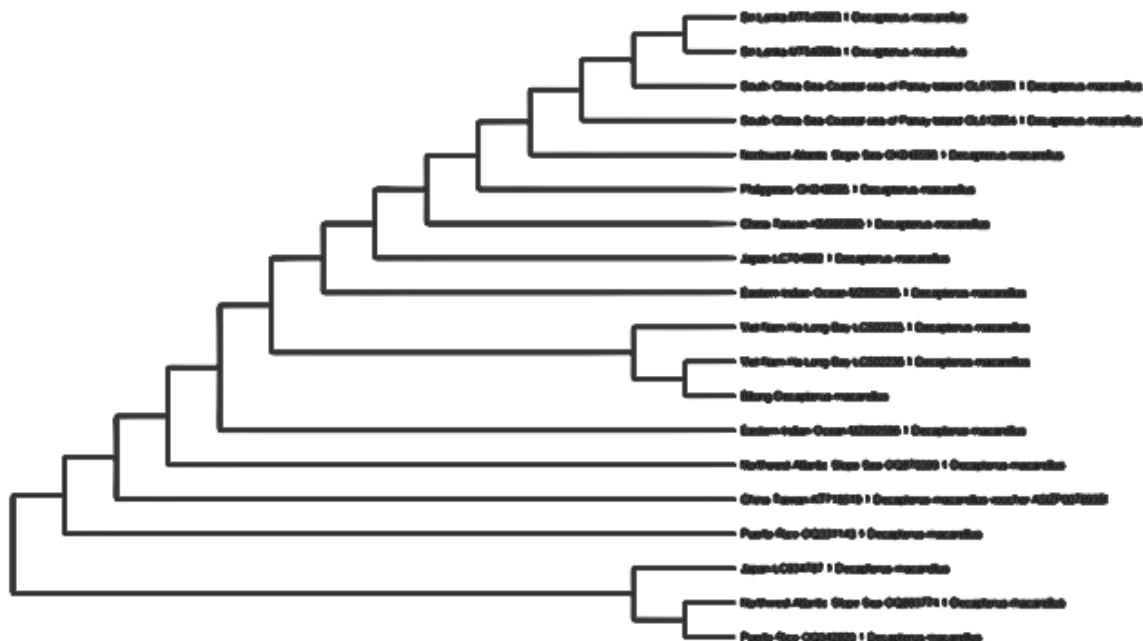
Layang Anggur Bitung

MZ605580.1 *Decapterus smithvanizi* Indonesia

LC277967.1 *Decapterus smithvanizi* Jepang

LC646651.1 *Decapterus smithvanizi* Thailand

Figure 6. Phylogenetics of Bitung Grape Scad using the maximum likelihood method (Tamura-Nei, 1993)



Gambar 7. Filogenetik ikan Layang Bitung Kecil, Sedangn dan Besar dengan metode *maximu Likelihood* (Tamura-Nei, 1993).

Figure 7. Phylogenetics of Bitung Small, Medium and Big Scad using the maximum likelihood method (Tamura-Nei, 1993)

BAHASAN

Berdasarkan hasil pensejajaran dengan metode BLAST gen COI pada sekuen ikan Layang Anggur Bitung dengan sekuen pada genBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) didapatkan kemiripan sekuen genetik sebesar 99,85% dengan *Decapterus smithvanizi* (nomor akses: OK663485.1), sehingga dapat disimpulkan bahwa ikan Layang Anggur Bitung valid sebagai spesies *Decapterus smithvanizi*. Hasil penelitian ini sejalan dengan hasil yang didapatkan oleh Kimura, (2013), tetapi terdapat perbedaan dengan jenis ikan Layang Anggur yang tertangkap di perairan Laut Sulawesi (WPPNRI 716) yang diinformasikan sebagai spesies *D. kurroides* (Kaimudin *et al.*, 2021; Forum Ilmiah dan Konsultatif Pengelolaan Perikanan Berkelanjutan, 2022). Terkait dengan adanya dua spesies ikan Layang Anggur yang berbeda jenis di wilayah perairan provinsi Sulawesi Utara, hal ini menarik untuk dikaji lebih lanjut karena secara visual kedua jenis ikan Layang Anggur ini memiliki tingkat kemiripan yang sulit untuk dibedakan. Menurut Smith-Vaniz *et al.*, (2018) bahwa *D. Smithvanizi* merupakan kelompok ikan

layang yang baru dideskripsikan, sehingga sulit untuk diidentifikasi bersama dengan spesies *Decapterus* lainnya. Hasil penelitian Emmanuel *et al.*, (2021) menginformasikan bahwa spesies ikan Layang Sirip Merap sangat mirip satu sama lain dan khusus spesies *D. smathvanizi* memiliki lebih banyak melanofor pada sirip punggung, dubur, dan sirip perut dibandingkan spesies lain.

Berdasarkan penjejarian sekuen ikan Layang Biru Kecil menggunakan metode BLAST dengan sekuen pada genBank (Gambar 3), diperoleh kemiripan sekuen gen COI spesimen sebesar 100% dengan *Decapterus macarellus* (nomor aksesori OK048596.1), sehingga hasil ini menginformasikan bahwa ikan Layang Biru Kecil dari perairan Bitung valid sebagai spesies *D. macarellus*.

Hasil pensejajaran dengan metode BLAST dengan sekuen yang ada di genBank (Gambar 4), diperoleh kemiripan sekuens gen COI spesimen ikan Layang Biru Sedang Bitung dengan tingkat similaritas sebesar 99,85% dengan *Decapterus macarellus* (nomor aksesori OK048594.1), sehingga hasil ini menunjukkan bahwa ikan Layang Biru

Sedang Bitung merupakan jenis *D. macarellus*.

Analisis pensejajaran sekuen menggunakan metode BLAST dengan sekuen yang ada di GenBank (Gambar 5), didapatkan hasil prosentase similaritas sekuen gen COI sebesar 99,85% dengan *Decapterus macarellus* (nomor akses LC745036.1), sehingga berdasarkan pensejajaran ini bahwa ikan Layang Biru Besar Bitung valid dengan nama ilmiah jenis *D. macarellus*. Secara genetik bahwa dari ke-3 jenis ikan Layang Biru Bitung berdasarkan karakteristik genetik merupakan spesies yang valid sebagai *D. macarellus*.

Proses pensejajaran sekuen ikan layang Anggur Bitung (*D. smithvanizi*) (Gambar 6) Pdengan beberapa sekuen pada genBank dengan metode *maximum likelihood* mendapatkan hasil bahwa secara filogenetik ikan layang anggur Bitung memiliki tingkat kekerabatan yang sangat dekat dengan spesies yang sama dari perairan Philipina. Hal ini dapat menjelaskan bahwa stok ikan Layang Anggur Bitung merupakan satu kesatuan populasi dengan ikan layang anggur yang berada di perairan Phillipina. Menurut Haymer (1994) bahwa secara genetik hubungan kekerabatan organisme dapat dianalisis dengan melihat tingkat polimerisme DNA. Jarak genetik merupakan jumlah mutasi atau peristiwa evolusi antar spesies sejak terjadi akumulasi perbedaan diantara populasi-populasi suatu spesies yang berkerabat dekat, yang terkadang mengarah ke spesiasi (Yan Li, 2001).

Decapterus smithvanizi, merupakan spesies yang baru dideskripsikan karena sebelumnya spesies ini diketahui berasal dari Thailand, Indonesia, Laut Andaman (Kimura *et al.*, 2013), Jepang (Iwatsubo *et al.*, 2016; Hata & Motomura, 2017), Laut Cina Selatan, Taiwan (Smith-Vaniz *et al.*, 2018), Myanmar (Psomadakis *et al.*, 2020) dan Pakistan (Psomadakis *et al.*, 2015).

Pensejajaran sekuen ikan Layang Biru Bitung Kecil, Sedang dan Besar terkonfirmasi sebagai spesies *D. macarellus* dengan beberapa sekuen dari genBank dengan metode *maximum likelihood* mendapatkan

hasil bahwa secara filogenetik ikan Layang Biru Bitung memiliki tingkat kekerabatan yang lebih dekat dengan spesies yang sama dari perairan Vietnam. Hal ini dapat menjelaskan bahwa stok ikan Layang Bitung merupakan satu kesatuan populasi dengan ikan Layang Biru yang berada di perairan Vietnam. Pohon filogenetik merupakan sebuah susunan dimana spesies-spesies disusun dalam bentuk cabang-cabang yang menghubungkan mereka berdasarkan hubungan kekerabatan secara evolusi (Yan Li, 2001).

Berdasarkan analisis pohon filogenetik dapat dijelaskan bahwa stok ikan Layang Biru Bitung merupakan satu kesatuan populasi dengan ikan Layang Biru yang berada di perairan Vietnam. Hasil konfirmasi genetik ini dapat digunakan sebagai acuan dalam pencatatan hasil tangkapan ikan layang sesuai dengan spesies-nya, sehingga manajemen stok terhadap sumberdaya ikan layang dapat dilakukan karena data hasil tangkapan sudah dipisahkan berdasarkan spesies atau jenis ikan. Pemantauan keragaman genetik populasi ikan dapat memberikan informasi yang diperlukan untuk menentukan kuota penangkapan spesies ikan komersial (Kempter *et al.*, 2015) dan membuat kerangka kebijakan secara ilmiah untuk strategi pengelolaan dan konservasi perikanan yang bersifat komersial (Jaafar *et al.*, 2012). Aspek filogenetik merupakan salah satu parameter yang sering diabaikan dalam pemanfaatan dan pengelolaan sumberdaya ikan, sehingga sering menimbulkan degradasi terhadap sumberdaya ikan.

KESIMPULAN

Hasil penelitian mendapatkan bahwa spesies ikan Layang dari perairan Bitung terdiri dari 2 jenis yang valid, yakni *Decapterus smithvanizi* dalam bahasa lokal disebut Malalugis Anggur dan *Decapterus macarellus* dalam bahasa lokal disebut Malalugis Biru.

Filogenetik spesies ikan Layang Anggur (*D. Smithvanizi*) dari perairan Bitung yang masuk dalam WPPNRI 715 memiliki tingkat kekerabatan sangat dekat dengan jenis yang

sama dari perairan Phillipina, sedangkan ikan Layang Biru (*D. macarellus*) memiliki tingkat kekerabatan sangat dekat jenis yang sama dari perairan Vietnam. Kedua spesies ini merupakan stok yang terpisah dengan perairan lainnya. Perlu dilakukan kajian terkait aspek biologi dari spesies *D. smithvanizi* untuk melengkapi informasi yang belum tersedia saat ini.

PERSANTUNAN

Tim peneliti menyampaikan ucapan terima kasih kepada BPPSDM KP melalui Pusdik KP yang telah membiayai penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Akerina, I. M. F., Pratasik, S. B., & Bataragoa, N. E. (2019). Pola Pertumbuhan Ikan Layang (*Decapterus* spp) di Perairan Likupang, Sulawesi Utara (*Fly fish Growth Pattern (Decapterus spp) in Likupang Water, Nort Sulawesi*). *Jurnal Ilmiah Platax*, 7:(1), 113-120.
- Emmanuel, S., Delloro, Jr., Ricardo, P., Babaran, Arnold, C., Gaje, Pearlyn, T., Cambroner, Ulysses, B., Alama, Hiroyuki, M. (2021). First record of slender red scad, *Decapterus smithvanizi* (Actinopterygii: Perciformes: Carangidae), from the Philippines. *Acta Ichthyologica et Piscatoria*. 51(3), 233–239. DOI 10.3897/aiep.51.63117
- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R., Vrijenhoek, R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Mol Mar Biol Biotechnol*. 3(5), 294-299.
- Forum Ilmiah dan Konsultatif Pengelolaan Perikanan Berkelanjutan (FIKP2B) Provinsi Sulawesi Utara. (2022). Laporan Teknik Kondisi Stok Ikan Pelagis Kecil di Perairan Laut Sulawesi Utara, Provinsi Sulawesi Utara (WPPNRI 716). 43 hal.
- Hata, H., & Motomura, H. (2017). First record of *Decapterus smithvanizi* (Perciformes: Carangidae) from Uchinoura Bay, Kagoshima Prefecture, Southern Japan. *Nature of Kagoshima* 43: 123–126. [In Japanese] http://journal.kagoshima-nature.org/archives/NK_043/043-024.pdf.
- Iwatsubo, H., Kimura, S., & Motomura, H. (2016) First Japanese records of the slender red scad, *Decapterus smithvanizi* (Perciformes: Carangidae), from Kagoshima and the East China Sea. *Nature of Kagoshima* 42: 179–182. [In Japanese] http://journal.kagoshima-nature.org/archives/NK_042/042-023.pdf.
- Jaafar, T. N. A. M., Taylor, M. I., Nor, S. A. M., M. de Bruy., & Carvalho, G. R. (2012). DNA Barcoding Reveals Cryptic Diversity within Commercially Exploited Indo-Malay Carangidae (Teleostei: Perciformes). *PLoS ONE* 7(11), e49623.
- Kempton, J., Kielpinski, M., Paniczi, R., Mikolajczyk, K., & Keszka, R. (2015). Genetic Traceability of Selected Populations of the Yellowstripe Scad, *Selaroides leptolepis* (Actinopterygii: Perciformes: Carangidae), Based on the Analysis of Microsatellite DNA—Celfish roject—Part 3. *Acta Ichthyologica Et Piscatoria*. 45(3), 299–305.
- Kimura, S., Katahira, K., & Kuriwa, K. (2013). The red-fin *Decapterus* group (Perciformes: Carangidae) with the description of a new species, *Decapterus smithvanizi*. *Ichthyological Research* 60(4): 363–379. <https://doi.org/10.1007/s10228-013-0364-9>.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*. 35,1547-1549.
- Kaimudin M, Sumarsana, M. S. Y., Radiena, & Noto, S. H. (2021). Karakteristik Pangan Fungsional Nugget dan Stik dari

- Tepung Ikan Layang Ekor Merah (*Decapтерus Kuroides*) dan Ampas Tahu. JPHPI 2021. 24(3), 370-380.
- Palumbi, S. R. (2003). Population genetics, demographic connectivity, and the design of marine reserves. *Ecological Applications*. 13(1), 146–158.
- Psomadakis P.N, Osmany, H. B., & Moazzam M. (2015). Field identification guide to the living marine resources of Pakistan. FAO species identification guide for fishery purposes. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, [i–x +] 386 pp. [+ pls. 1–42].
- Psomadakis, P. N., Thein, H., Russell, B. C., & Tun, M. T. (2020) Field identification guide to the living marine resources of Myanmar. FAO species identification guide for fishery purposes. Food and Agriculture Organization of the United Nations, and Department of Fisheries, Ministry of Agriculture, Livestock and Irrigation, Republic of the Union of Myanmar, Rome, [i–xvii +] 694 pp. [+ pls. 1–58].
- Saranga, R., Hetty, M. P. O., Gede, D. R. W., Daduk, S., & Yuli, E. H. (2017). Morpho-Species Characteristics and Phylogenetic of Trevally Species (Family Carangidae) Caught Within Mullucas Sea of Indonesia. *Journal of Engineering and Applied Sciences*. 12(8), 8446-8453.
- Smith-Vaniz, W. F., Carpenter, K. E., Jiddawi, N., Borsa, P., Obota, C., & Yahya, S. (2018). *Decapтерus smithvanizi*. The IUCN Red List of Threatened Species 2018: e.T123424845A123494632. <https://doi.org/10.2305/IUCN.UK.2018-2.RLTS.T123424845A123494632.en>
- Stecher, G., Tamura, K., & Kumar, S. (2020) Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) for macOS. *Molecular Biology and Evolution*(<https://doi.org/10.1093/molbev/msz312>).
- Tamura, K., & Nei, M. (1993). Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution*. 10, 512-526.
- Wiadnya, D. G. R., Setyohadi, D., Widodo & Soemarno. (2015). Intra-species variations of *Photopectoralis bindus* (Family: Leiognathidae) collected from two geographical areas in East Java, Indonesia. *JBES* 6(1),160-168
- Yan Li. (2001). How to Build a Phylogenetic Tree dalam http://guava.physics.uiuc.edu/~nigel/courses/598BIO/498BIOonline-essays/hw2/files/hw2_li.pdf <http://www.itis.gov>. Diakses 5 Januari 2024. <http://www.fishbase.org>. Diakses 7 Januari 2024. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>. Diakses 22 November 2024.