Maliki Interdisciplinary Journal (MIJ) eISSN: 3024-8140
Volume 4, Issue May, 2026 pp. 314-318 http://urj.uin-malang.ac.id/index.php/mij/index

Analisis filogenetik genus *mus* berdasarkan gen cytochrome b (cytb) menggunakan metode maximum likelihood

Zilvia Inayatul Ma'la[1], Nofal Aldi Husaini[2]
[1,2] *Program Studi Biologi, Universitas Ilam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang*
*e-mail: *zilviamala05@gmail.com*

Kata Kunci:
Pohon filogentik, Mus, máximum likelihood, kekerabatan, genus, evolusi

Keywords:
Phylogenetic tree, Mus, maximum likelihood, kinship, genus, evolution

A B S T R A K

Analisis filogenetik diperlukan untuk memahami pola kekerabatan dan divergensi evolusioner antar spesies dalam genus Mus. Penelitian ini bertujuan menganalisis hubungan kekerabatan 15 spesies Mus berdasarkan gen cytochrome b (Cytb) menggunakan metode Maximum Likelihood (ML) dengan Rattus norvegicus sebagai outgroup. Data sekuens diunduh dari GenBank dan dianalisis menggunakan MEGA 12. Hasil rekonstruksi menunjukkan adanya klad utama yang memisahkan kelompok Eurasia dan Afrika. Spesies Mus musculus, M. spicilegus, M. macedonicus, *dan* M. cypriacus *membentuk klad dengan jarak evolusi pendek dan nilai bootstrap tinggi, menunjukkan kekerabatan dekat. Spesies Asia seperti* M. caroli *dan* M. saxicola *membentuk cabang terpisah dengan jarak genetik lebih besar. Kelompok Afrika, termasuk* M. minutoides, M. musculoides, M. mattheyi, M. indutus, *dan* M. haussa*, membentuk klad tersendiri yang divergen secara signifikan dari kelompok Eurasia. Panjang cabang yang bervariasi menunjukkan heterogenitas laju evolusi yang ditangkap secara efektif oleh metode ML.*

A B S T R A C T

Phylogenetic analysis is essential to understand evolutionary divergence and relatedness among species within the genus Mus. This study aimed to examine the phylogenetic relationships of 15 Mus species based on cytochrome b (Cytb) using the Maximum Likelihood (ML) method, with Rattus norvegicus as an outgroup. DNA sequences were retrieved from GenBank and analyzed in MEGA 12. The resulting tree revealed major clades separating Eurasian and African lineages. *Mus musculus, M. spicilegus, M. macedonicus,* and *M. cypriacus* formed a well-supported clade with short evolutionary distances, indicating close relationships. Asian species such as *M. caroli* and *M. saxicola* formed a distinct branch with greater genetic divergence. African species, including *M. minutoides, M. musculoides, M. mattheyi, M. indutus,* and *M. haussa*, clustered into a separate lineage that diverged substantially from the Eurasian group. The varying branch lengths captured by ML reflect heterogeneous substitution rates among sites.

Pendahuluan

Genus *Mus* merupakan kelompok rodensia kecil yang memiliki persebaran di kawasan di Asia, Eropa, dan Afrika. Keragaman habitat, tekanan lingkungan, serta proses isolasi geografis menyebabkan terjadinya diferensiasi genetik yang cukup tinggi antar spesies dalam genus ini (Boursot et al., 1993). Salah satu spesies dengan signifikansi ilmiah terbesar adalah *Mus musculus*, yang sering dimanfaatkan sebagai hewan model di bidang genetika, fisiologi, dan biomedis karena kemudahan pemeliharaan, ukuran tubuh kecil, serta kesesuaian struktur genomnya untuk penelitian molekuler (Phifer-rixey et al., 2020). Namun demikian, identifikasi spesies dalam genus *Mus* tidak selalu dapat

This is an open access article under the CC BY-NC-SA license.
Copyright © 2023 by Author. Published by Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang.

mengandalkan karakter morfologi, sebab banyak spesies memiliki fenotip yang tumpang tindih. Oleh karena itu, pendekatan berbasis DNA menjadi strategi penting dalam membedakan dan mengklarifikasi hubungan kekerabatan antar spesies.

Dalam sistematika modern, analisis filogenetik menjadi metode utama untuk menelusuri hubungan evolusioner, pola divergensi, dan asal-usul suatu kelompok organisme. Variasi sekuens nukleotida digunakan untuk merekonstruksi sejarah evolusi melalui model statistik-evolusioner yang memproses perubahan basa DNA sepanjang waktu (Kumar et al., 2018). Filogenetika sendiri berasal dari dua kata, pohon dan filogeni. Kata pohon menggambarkan tentang suatu data yang saling berhubungan dan bercabang-cabang. Kata filogeni berasal dari Bahasa Yunani, yaitu *Phyle* dan *phylon* yang mempunyai suku, ras, dan genotik yang berarti kerabat dari kelahiran (Dharmayanti, 2011). Filogenetika merupakan disiplin yang menelaah hubungan evolusioner di antara kelompok organisme, baik pada tingkat spesies maupun populasi. Secara esensial, analisis filogenetik dalam suatu famili bertujuan merekonstruksi pola kekerabatan serta menelusuri asal-usul dan proses divergensi evolusi yang membentuk kelompok tersebut sepanjang sejarah evolusioner (Roy et al., 2014).

Pohon filogenetik dapat direkonstruksi menggunakan berbagai metode. Salah satu metode yang umum digunakan adalah Maximum Likelihood (ML). Maximum Likelihood (ML) merupakan pendekatan filogenetik berbasis model yang memilih topologi pohon dengan probabilitas tertinggi sesuai model evolusi nukleotida, seperti GTR+Γ. Metode ini banyak digunakan dalam analisis filogenomik modern karena mampu mengakomodasi kompleksitas substitusi serta variasi laju evolusi antar situs melalui optimasi fungsi likelihood (Zhou et al., 2017). Dalam kajian ini dilakukan analisis terhadap beberapa spesies *Mus* dengan *Rattus norvegicus* sebagai outgroup untuk memperoleh gambaran kekerabatan dan membandingkan perbedaan topologi pohon yang dihasilkan oleh metode ML.

Metode Penelitian

Penelitian ini merupakan penelitian non-eksperimental dengan memanfaatkan data sekuens nukleotida yang diperoleh dari GenBank melalui website NCBI (*National Center for Biology Information*). Data terdiri atas 15 spesies genus *Mus* dan satu spesies *Rattus norvegicus* sebagai outgroup (Tabel 1). Alignment sekuens dilakukan dengan menggunakan Clustal-W pada software MEGA 12. Analisis filogenetik dilakukan dengan menggunakan metode *Maximum Likelihood* (ML). *Rattus norvegicus* digunakan sebagai outgroup pada kedua rekontruksi untuk memberikan arah evolusi pohon.

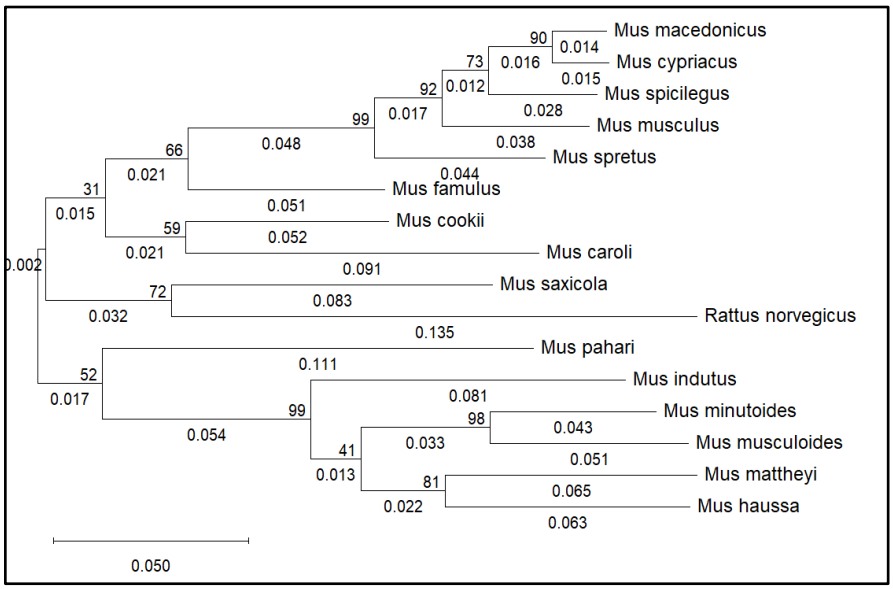
Tabel 1. Spesies *Mus sp.* Dan nomor aksesi dari NCBI

No.	Spesies	Genus	Nomor Aksesi
1	*Mus musculus*	Mus	KX790793.1
2	*Mus famulus*	Mus	AJ698872.1
3	*Mus saxicola*	Mus	AY057815.1
4	*Mus pahari*	Mus	PP841143.1
5	*Mus musculoides*	Mus	EU603969.1
6	*Mus indutus*	Mus	KF184323.1
7	*Mus haussa*	Mus	AJ875074.1
8	*Mus mattheyi*	Mus	EU603973.1
9	*Mus minutoides*	Mus	OL441088.1
10	*Mus caroli*	Mus	AB253438.1
11	*Mus cookii*	Mus	MK654779.1
12	*Mus cypriacus*	Mus	PP914168.1
13	*Mus spicilegus*	Mus	PP914990.1
14	*Mus macedonicus*	Mus	MT036346.1
15	*Mus spretus*	Mus	MK089323.1
16	*Rattus norvegicus*	Rattus	KC576785.1

Sumber: NCBI (National Center for Biology Information) (2025)

Pembahasan

Gambar 1.1 Pohon Filogenetik Spesies Mus



Gambar 1. Pohon filogenetik spesies genus *Mus* berdasarkan metode Maximum Likelihood dengan *Rattus norvegicus* sebagai outgroup. Angka pada cabang menunjukkan nilai *bootstrap*, sedangkan panjang cabang menunjukkan jarak evolusioner antar spesies.

Analisis filogenetik menggunakan metode Maximum Likelihood (ML) pada gen *cytochrome b* mengungkap pola kekerabatan yang konsisten dengan pembagian klad utama dalam genus *Mus* sebagaimana dilaporkan dalam studi evolusi sebelumnya. Pohon ML menunjukkan adanya pemisahan jelas antara klad Afrika (subgenus *Nannomys*), klad Eurasia (subgenus *Mus*), serta beberapa garis keturunan basal dari Asia. Struktur pohon yang dihasilkan memperkuat pemahaman bahwa genus *Mus* mengalami diversifikasi yang luas, dipengaruhi oleh pemisahan geografis, kolonisasi lintas benua, dan sejarah evolusi yang panjang sebagaimana juga ditunjukkan oleh Boursot *et al* (1993).Pada bagian klad Eurasia, *Mus musculus* dan spesies yang berkerabat dekat seperti *M. macedonicus*, *M. spicilegus*, dan *M. cypriacus* membentuk klaster yang kompak dengan jarak genetik relatif pendek. Hal ini mencerminkan kedekatan evolusioner yang telah lama dilaporkan oleh penelitian filogenomik berbasis genom penuh (Phifer-rixey et al., 2020). *Mus spretus*, meskipun masih merupakan anggota subgenus yang sama, menempati posisi lebih terpisah, sesuai pola divergence yang menempatkannya sebagai kerabat dekat tetapi bukan bagian dari kompleks tikus rumah (*house-mouse complex*).

Sementara itu, klad Afrika yang terdiri dari *M. minutoides*, *M. musculoides*, *M. mattheyi*, *M. indutus*, dan *M. haussa* menunjukkan jarak genetik jauh lebih besar dari kelompok Eurasia. Kelompok ini secara konsisten dianggap sebagai garis keturunan yang lebih tua dan terpisah sejak awal evolusi genus *Mus*, selaras dengan temuan filogenetik berbasis kromosom dan multilokus yang menyatakan *Nannomys* sebagai kelompok monofiletik khas Afrika. Tingginya jarak evolusi yang ditemukan dalam ML mendukung pandangan bahwa klad Afrika mengalami diversifikasi internal yang cepat, terutama pada spesies berukuran kecil yang adaptif terhadap lingkungan kering dan savana Afrika.Metode ML terbukti memberikan gambaran evolusi yang lebih realistis karena mempertimbangkan perbedaan laju substitusi nukleotida serta heterogenitas evolusi antarsitus gen. Nilai bootstrap yang tinggi pada beberapa klad utama memperkuat reliabilitas topologi pohon yang terbentuk. Dengan demikian, struktur filogenetik yang diperoleh melalui ML tidak hanya menggambarkan pola kekerabatan antarspesies, tetapi juga mendukung hipotesis evolusi genus *Mus* yang menekankan pemisahan awal klad Afrika, diversifikasi klad Eurasia, dan posisi basal spesies Asia.

Kesimpulan dan Saran

Penelitian ini menunjukkan bahwa gen cytochrome b (Cytb) mampu mengungkap struktur kekerabatan evolusioner dalam genus Mus secara jelas melalui rekonstruksi pohon filogenetik berbasis Maximum Likelihood (ML). Analisis ini berhasil mengidentifikasi adanya dua klad utama, yaitu klad Eurasia dan klad Afrika, dengan jarak evolusi yang berbeda. Spesies *Mus musculus, M. spicilegus, M. macedonicus*, dan *M. cypriacus* membentuk kelompok dengan jarak genetik dekat dan nilai dukungan bootstrap tinggi, sehingga menunjukkan hubungan evolusioner yang kuat. Spesies Asia seperti *Mus caroli* dan *Mus saxicola* membentuk cabang terpisah dengan divergensi lebih besar, sedangkan spesies Afrika seperti *M. minutoides, M. musculoides, M. mattheyi, M. indutus,* dan *M. haussa* membentuk klad yang divergen secara signifikan dari kelompok Eurasia

Penelitian selanjutnya disarankan menggunakan lebih banyak marker genetik, termasuk gen nuklir atau analisis multigen, untuk meningkatkan resolusi filogenetik. Pendekatan analisis yang lebih komprehensif seperti Bayesian Inference (BI) atau analisis multilokus juga berpotensi memberikan dukungan statistik yang lebih kuat terhadap percabangan yang terbentuk. Selain itu, cakupan spesies perlu diperluas, khususnya dari wilayah Afrika dan Asia agar pemahaman mengenai pola diversifikasi genus Mus menjadi lebih representatif secara biogeografis. Penerapan analisis molecular clock pada penelitian mendatang juga penting untuk memperkirakan waktu divergensi antar klad sehingga gambaran sejarah evolusioner genus ini dapat direkonstruksi secara lebih lengkap.

Daftar Pustaka

Boursot, P., Auffray, J. C., Britton-Davidian, J., & Bonhomme, F. (1993). The evolution of house mice. *Annual Review of Ecology and Systematics*, *24*(1), 119–152. https://doi.org/10.1146/ANNUREV.ES.24.110193.001003/CITE/REFWORKS

Dharmayanti, I. (2011). *Filogenetika Molekuler : Metode Taksonomi Organisme*. *30*, 1–10.

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*(6), 1547–1549. https://doi.org/10.1093/molbev/msy096

NCBI. (2025). *National Center for Biotechnology Information*. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/#!/about

Phifer-rixey, M., Harr, B., & Hey, J. (2020). *Further resolution of the house mouse (Mus musculus) phylogeny by integration over isolation-with-migration histories*. *9*, 1–9.

Roy, S. S., Dasgupta, R., & Bagchi, A. (2014). *A Review on Phylogenetic Analysis : A Journey through Modern Era*. *September*, 39–45.

Zhou, X., Shen, X., Hittinger, C. T., & Rokas, A. (2017). *Evaluating Fast Maximum Likelihood-Based Phylogenetic Programs Using Empirical Phylogenomic Data Sets*. *35*(2), 486–503. https://doi.org/10.1093/molbev/msx302