

Keragaman Genetik Ikan Glodok (*Periophthalmus novemradiatus* Hamilton, 1822) dari Pantai Baros (Bantul, D.I. Yogyakarta) dan Hutan Mangrove Cilacap (Cilacap, Jawa Tengah) Berdasarkan Gen Mitokondria 16S

Tasya Nuraliyah

18/426501/BI/10093

Pembimbing: Dra. Tuty Arisuryanti, M.Sc., Ph.D

INTISARI

Indonesia merupakan negara kepulauan dengan wilayah perairan mencakup 78% dari total wilayahnya. Negara Indonesia memiliki keanekaragaman hayati akuatik yang sangat tinggi. Salah satu makhluk hidup di perairan Indonesia terutama pada kawasan hutan mangrove adalah ikan glodok (*Periophthalmus novemradiatus* Hamilton, 1822). Ikan glodok yang dikenal sebagai ikan amfibi (*amphibious fish*) dapat digunakan sebagai bio-indikator potensial untuk lingkungan dan dapat pula dikonsumsi karena memiliki nilai gizi yang tinggi. Namun demikian, belum semua keragaman dalam spesies ikan glodok teridentifikasi secara akurat. Penelitian ini bertujuan untuk melakukan identifikasi dan menganalisis keragaman genetik ikan glodok yang disampling dari dua populasi, yaitu Pantai Baros dan kawasan hutan mangrove di Cilacap menggunakan penanda molekuler gen mitokondria 16S. Penelitian ini menggunakan metode PCR dengan primer universal 16Sar dan 16Sbr. Analisis data dilakukan dengan *software* GeneStudio, DNASTAR, BLAST, Mesquite, MEGA, DnaSP, dan NETWORK. Analisis variasi genetik intrapopulasi dilakukan terhadap *P. novemradiatus* dari kawasan hutan mangrove Cilacap menunjukkan jarak genetik sebesar 0%. Analisis interpopulasi terhadap 6 sampel *P. novemradiatus* dari kawasan hutan mangrove Cilacap, Pantai Baros, dan sekuen dari *GenBank* menunjukkan jarak genetik sebesar 0,17-0,33%. Selain itu terdapat tiga haplotipe dengan dua *variable sites* tanpa *parsimony informative site* serta *haplotype diversity* 0.600 ± 0.215 dan *nucleotide diversity* 0.00111 ± 0.00046 . Analisis filogenetik menunjukkan *P. novemradiatus* dari kawasan hutan mangrove Cilacap dan Pantai Baros serta sampel dari Malaysia yang terdata di *GenBank* berada pada *clade* yang sama. Hasil analisis *haplotype network* menunjukkan bahwa masing-masing populasi *P. novemradiatus* memiliki haplotipe spesifik yang tidak saling *sharing*. Tidak adanya *sharing* haplotipe mengindikasikan tidak adanya aliran gen antar populasi. Hasil penelitian ini diharapkan dapat diimplementasikan untuk usaha-usaha pengelolaan ikan *P. novemradiatus* sehingga dapat dimanfaatkan secara berkelanjutan.

Kata kunci: Gen 16S, *Periophthalmus novemradiatus*, keragaman genetik

Genetic Variation of Pearse's Mudskipper (*Periophthalmus novemradiatus* Hamilton, 1822) from Baros Beach (Bantul, Special Region of Yogyakarta) and Cilacap Mangrove Forest (Cilacap, Central Java) Based on 16S Mitochondrial Gene

Tasya Nuraliyah

18/426501/BI/10093

Supervisor: Dra. Tuty Arisuryanti, M.Sc., Ph.D.

ABSTRACT

Indonesia is an archipelago with 78% water territory and consists of high aquatic biodiversity including fish. One of the fish commonly found in mangrove forests is the pearse's mudskipper (*Periophthalmus novemradiatus* Hamilton, 1822) which is known as an amphibious fish. This fish can usually be used as a bio-indicator for the environment and can also be consumed due to high nutritional value. However, not all genetic variation within the species of mudskipper fish are correctly identified. Therefore, the aims of this study are to identify and analyze the genetic variation of mudskipper fish (*P. novemradiatus*) collected from two populations, which is Baros Beach and mangrove forest Cilacap using 16S mitochondrial gene as a molecular marker. This study used the PCR method with universal primers 16Sar and 16Sbr. Data analysis was performed using GeneStudio, DNASTAR, BLAST, Mesquite, MEGA, DnaSP, and NETWORK. Analysis of intrapopulation genetic variation conducted on *P. novemradiatus* from mangrove forest Cilacap showed a genetic distance of 0%. Interpopulation analysis examined on *P. novemradiatus* from mangrove forest Cilacap, Baros Beach, and additional sequence from *GenBank* showed genetic distance 0,17-0,33%. In addition, three haplotypes with two variable sites were found without parsimony informative site. Haplotype diversity and nucleotide diversity were 0.600 ± 0.215 and 0.00111 ± 0.00046 respectively. Phylogenetic analysis revealed that *P. novemradiatus* from mangrove forest Cilacap, Baros Beach, and Malaysia from *GenBank* were in the one clade. Haplotype network analysis showed that no sharing haplotype between populations analyzed in this study which exhibited no gene flow among the populations. The result of this study is expected to be implemented for conservation purposes that is important for sustainable use of the fish species.

Keywords: 16S gene, *P. novemradiatus*, genetic variation