

**Keragaman Genetik Ikan Glodok**  
**(*Periophthalmus argentilineatus* Valenciennes, 1837) dari**  
**Pantai Clungup, Malang, Jawa Timur berdasarkan**  
**Gen Mitokondria 16S**

**Dimas Wahyu Prasetyo**  
**18/423329/BI/09963**

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

**INTISARI**

Indonesia merupakan negara kepulauan dengan wilayah perairan yang lebih luas daripada daratannya. Ikan glodok (*Periophthalmus argentilineatus*) merupakan salah satu ikan yang dapat ditemukan di kawasan hutan bakau dengan substrat pasir maupun lumpur. Sebaran ikan glodok meliputi kawasan Asia, Afrika dan Indo-Pasifik. Namun, penelitian mengenai keragaman genetik ikan glodok di Indonesia berdasarkan gen mitokondria 16S belum banyak dilakukan. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dan menganalisis keragaman genetik ikan glodok yang dikoleksi dari Pantai Clungup, Malang, Jawa Timur. Metode PCR yang digunakan pada penelitian ini menggunakan primer universal 16Sar dan 16Sbr, elektroforesis. Tahapan yang dilakukan meliputi isolasi DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis, purifikasi, dan sekuensing. Data yang diperoleh selanjutnya dianalisis menggunakan *software* GeneStudio, DNASTAR, BLAST, MESQUITE, MEGA11, DnaSP, dan NETWORK. Hasil penelitian menunjukkan bahwa variasi genetik intrapopulasi dari sampel ikan glodok yang diteliti terbagi menjadi 3 haplotipe dengan 9 *variable sites* tanpa *parsimony informative*. Hasil analisis intrapopulasi menunjukkan nilai *haplotype diversity* dan *nucleotide diversity* berturut-turut  $0,600 \pm 0,215$  dan  $0,00506 \pm 0,00286$ . Hasil tersebut mengindikasikan adanya variasi genetik intrapopulasi. Analisis filogenetik menghasilkan sampel ikan glodok dari Pantai Clungup, *P. argentilineatus* dari Muara Tekolok, dan sampel dari database *GenBank* menghasilkan dua *clade* utama dengan jarak genetik 0-1,77%. Analisis variasi genetik interpopulasi dari 23 sampel ikan glodok yang dianalisis terbagi menjadi 10 haplotipe dengan 12 *variable sites* dan 3 *parsimony informative*. Hasil analisis intrapopulasi menunjukkan nilai *haplotype diversity* dan *nucleotide diversity* berturut-turut  $0,640 \pm 0,116$  dan  $0,00295 \pm 0,00114$ . Hasil analisis *haplotype network* menunjukkan bahwa sebagian besar sampel ikan glodok dari Muara Tekolok dan database *GenBank* termasuk ke dalam haplotipe yang sama dengan ikan glodok asal Pantai Clungup.

**Kata kunci:** *Periophthalmus argentilineatus*, keragaman genetik, gen 16S, Pantai Clungup

## **Genetic Variation of Barred Mudskipper (*Periophthalmus argentilineatus* Valenciennes, 1837) from Clungup Beach, Malang, East Java based on 16S Mitochondrial Gene**

**Dimas Wahyu Prasetyo  
18/423329/BI/09963**

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

### **ABSTRACT**

Indonesia is an archipelago with wider territorial water compared to mainland with high fish diversity. Barred mudskipper (*Periophthalmus argentilineatus*) is one of the fish that can be found in mangrove areas with sand and mud substrates. The distribution of barred mudskipper covers Asia, Africa, and the Indo-Pacific. However, research on the genetic variation of barred mudskipper in Indonesia based on 16S mitochondrial gene has limited. Therefore, the aims of this study were to identify and analyze the genetic variation of barred mudskipper (*P. argentilineatus*) collected from Clungup Beach, Malang, East Java. The PCR method used in this study uses universal primers, 16Sar and 16Sbr. The stages of research are DNA isolation, DNA amplification, electrophoresis, purification, and sequencing. The data obtained were then analyzed using GeneStudio, DNASTAR, BLAST, MESQUITE, MEGA11, DnaSP, and NETWORK software. The results showed that the intrapopulation genetic variation of the six barred mudskipper from Clungup Beach was divided into 3 haplotypes with 9 variable sites without parsimony informative. The haplotype diversity and nucleotide diversity were  $0.600 \pm 0.215$  and  $0.00506 \pm 0.00286$ , respectively. The results indicated intrapopulation genetic variation. The phylogenetic analysis revealed that samples of barred mudskipper from Clungup Beach, Muara Tekolok, and samples from the GenBank database yielded two main clades with a genetic distance of 0-1.77%. Analysis of interpopulation genetic variation of the 23 barred mudskipper analyzed in this study was divided into 10 haplotypes with 12 variable sites and 3 informative parsimony sites. The haplotype diversity and nucleotide diversity were  $0.640 \pm 0.116$  and  $0.00295 \pm 0.00114$ , respectively. The results of the haplotype network analysis showed that most of the barred mudskipper from Muara Tekolok and the GenBank database belonged to the same haplotype as the barred mudskipper from Clungup Beach.

**Keywords:** *Periophthalmus argentilineatus*, genetic diversity, 16S gene, Clungup Beach