



UNIVERSITAS
GADJAH MADA

Keragaman Genetik Ikan Glodok (*Periophthalmus kalolo* Lesson, 1831) dari Muara Bogowonto (Kulon Progo, D.I. Yogyakarta) dan Pantai Kondang Bandung (Malang, Jawa Timur) berdasarkan Gen Mitokondria

16S

FITRI NINDA K, Dra. Tuty Arisuryanti, M.Sc., Ph.D.

Universitas Gadjah Mada, 2022 | Diunduh dari <http://ejd.repository.ugm.ac.id/>

Keragaman Genetik Ikan Glodok (*Periophthalmus kalolo* Lesson, 1831) dari Muara Bogowonto (Kulon Progo, D.I. Yogyakarta) dan Pantai Kondang Bandung (Malang, Jawa Timur) berdasarkan Gen Mitokondria 16S

Fitri Ninda Kusumoningrum
18/423335/BI/09969

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

INTISARI

Indonesia memiliki kawasan perairan yang lebih luas dibandingkan dengan daratan. Pada daerah pesisir yaitu daerah peralihan antara darat dan laut terdapat ekosistem mangrove yang merupakan habitat bagi beragam jenis ikan termasuk ikan glodok yang termasuk spesies *Periophthalmus kalolo* (Lesson, 1831). Ikan glodok atau *mudskipper* termasuk dalam famili Gobiidae dan subfamili Oxudercinae merupakan ikan amfibi yang dapat hidup didaratan. Salah satu daerah distribusi ikan glodok di Indonesia adalah Pantai Kondang Bandung dan Muara Bogowonto. Namun demikian, penelitian mengenai keragaman genetik ikan glodok (*Periophthalmus kalolo* Lesson, 1831) berdasarkan gen mitokondria 16S di Muara Bogowonto dan Pantai Kondang Bandung belum pernah dilakukan. Penelitian keragaman genetik perlu dilakukan sebagai upaya konservasi dari ikan glodok di habitatnya. Oleh karena itu penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dan menganalisis keragaman genetik ikan glodok di Muara Bogowonto dan Pantai Kondang Bandung berdasarkan gen mitokondria 16S. Penelitian ini dilakukan dengan metode PCR dan primer universal 16Sar dan 16Sbr. Tahap-tahap penelitian yang akan dilakukan meliputi isolasi DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis, purifikasi dan sekuensing. Data yang diperoleh selanjutnya dianalisis dengan menggunakan program GeneStudio, DNASTAR, MESQUITE, MEGA, BLAST, DnaSP, dan Network. Hasil jarak genetik intrapopulasi sampel *P.kalolo* dari Pantai Kondang Bandung (MSK) yang telah diteliti menunjukkan jarak genetik 1,00% antara sampel MSK-07 dengan MSK-05 dan MSK-06 sedangkan jarak genetik intrapopulasi *P.kalolo* dari Muara Bogowonto (MSB) menunjukkan jarak genetik 0,00%. Hasil penelitian juga menunjukkan bahwa tidak ditemukan perbedaan komposisi nukleotida pada dua sampel *P.kalolo* dari Muara Bogowonto. Sebaliknya dari tiga sampel *P.kalolo* dari Pantai Kondang Bandung ditemukan perbedaan komposisi nukleotida antar sampel dan terdapat dua haplotipe dengan enam situs polimorfik. Nilai keragaman haplotipe (Hd) dan keragaman nukleotida (π) *P.kalolo* dari Pantai Kondang Bandung berturut-turut adalah $0,667 \pm 0,314$ dan $0,00663 \pm 0,00313$. Hasil penelitian tersebut menunjukkan indikasi tidak adanya keragaman genetik intrapopulasi pada *P.kalolo* di Muara Bogowonto dan adanya indikasi keragaman genetik *P.kalolo* di Pantai Kondang Bandung. Analisis filogenetik menunjukkan bahwa sampel *P.kalolo* dari Muara Bogowonto (MSB-01 dan MSB-07) dan satu sampel *P.kalolo* dari Pantai Kondang Bandung (MSK-07) berada dalam *clade* yang sama sedangkan dua sampel *P.kalolo* dari Pantai Kondang Bandung lainnya (MSK-05 dan MSK-06) berada di *clade* lainnya bersama dengan *P.kalolo* dari Pantai Pasir Mendit. Analisis *haplotype network* menunjukkan adanya *sharing haplotype* antara sampel *P.kalolo* dari Pantai Kondang Bandung dengan *P.kalolo* dari Pantai Pasir Mendit, sedangkan *P.kalolo* dari Muara Bogowonto memiliki haplotipe yang spesifik. Hasil penelitian ini diharapkan dapat diimplementasikan untuk menyusun pustaka gen mitokondria 16S (16S gene library) ikan *P.kalolo* yang ada di Indonesia.

Kata kunci: *Periophthalmus kalolo*, keragaman genetik, gen 16S



UNIVERSITAS
GADJAH MADA

Keragaman Genetik Ikan Glodok (*Periophthalmus kalolo* Lesson, 1831) dari Muara Bogowonto (Kulon Progo, D.I. Yogyakarta) dan Pantai Kondang Bandung (Malang, Jawa Timur) berdasarkan Gen Mitokondria

16S

FITRI NINDA K, Dra. Tuty Arisuryanti, M.Sc., Ph.D.

Universitas Gadjah Mada, 2022 | Diunduh dari <http://etd.repository.ugm.ac.id/>

Genetic Variation of Common Mudskipper (*Periophthalmus kalolo* Lesson, 1831) from Bogowonto Estuary (Kulon Progo, Special Region of Yogyakarta) and Kondang Bandung Beach (Malang, East Java) based on 16S Mitochondrial Gene

Fitri Ninda Kusumoningrum
18/423335/BI/09969

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

ABSTRACT

Indonesia has a wider range of waters compared to the mainland. The coastal area which is a transitional area between mainland and sea, there is mangrove ecosystem that various types of fish including common mudskipper (*Periophthalmus kalolo* Lesson, 1831.) can be found. Mudskipper belongs to the family Gobiidae and the subfamily Oxudercinae and is known as an amphibious fish. The distribution areas of mudskipper in Indonesia are Kondang Bandung Beach and Bogowonto Estuary. However, research on the genetic variation of common mudskipper (*Periophthalmus kalolo* Lesson, 1831) based on mitochondrial gene *16S* in Bogowonto Estuary and Kondang Bandung Beach has never been done. Research on genetic variation needs to be done as a conservation effort of mudskipper fish in their habitat. Therefore, the aim of this study were to identify and analyze the genetic variation of mudskipper fish in Bogowonto Estuary and Kondang Bandung Beach based on *16S* mitochondrial gene. This research was conducted by a PCR method and universal primers, 16Sar and 16Sbr. The stages of research were DNA isolation, DNA amplification, electrophoresis, purification and sequencing. The data obtained was then analyzed using GeneStudio, DNASTAR, MESQUITE, MEGA, BLAST, DnaSP, Network software. The results of the intrapopulation genetic distance of *P.kalolo* from Kondang Bandung Beach (MSK) samples investigated in this study revealed a genetic distance of 1.00% between the MSK-07 sample and MSK-05 and MSK-06 while the intrapopulation genetic distance of *P.kalolo* from Bogowonto Estuary (MSB-10 and MSB-07) showed a genetic distance of 0.00%. In addition, the result showed no nucleotide divergences within samples of *P.kalolo* from Bogowonto Estuary whereas there was nucleotide differences within *P.kalolo* from Kondang Bandung Beach. The intrapopulation analysis of *P.kalolo* from Kondang Bandung Beach also detected two haplotypes with six polymorphic sites, and the haplotype diversity (Hd) and nucleotide diversity (π) were 0.667 ± 0.314 and 0.00663 ± 0.00313 respectively. Phylogenetic analysis revealed that one sample of *P.kalolo* from Kondang Bandung Beach was in the same clade with *P.kalolo* from Bogowonto Estuary, and the other two *P.kalolo* from Kondang Bandung Beach were in the same clade with *P.kalolo* from Pasir mendit Beach. Haplotype network analysis exhibited that there was sharing haplotype between *P.kalolo* from Kondang Bandung Beach and *P.kalolo* from Pasir Mendit Beach while *P.kalolo* from Bogowonto Estuary has specific haplotype. The result of this study is expected to assembly *16S* gene library of *P.kalolo* in Indonesia

Keywords: *Periophthalmus kalolo*, genetic variation, *16S* gene