

**Keragaman Genetik Ikan Glodok (*Periophthalmus argentiliniatus*
Valenciennes, 1837) dari Pantai Kondang Bandung, Malang,
Jawa Timur Berdasarkan Gen Mitokondria 16S**

Vania Adhelia Kurniaputri
18/429397/BI/10163

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

INTISARI

Indonesia merupakan salah satu negara dengan diversitas biota perairan yang tinggi di kawasan Indo-Pasifik. Kekayaan biota perairan tersebut didukung oleh keanekaragaman ekosistem pantai tropis, salah satunya adalah ekosistem mangrove atau hutan bakau. Pada ekosistem hutan bakau yang dipengaruhi oleh pasang-surut gelombang air laut dapat dijumpai ikan dari famili Gobiidae yang memiliki karakteristik unik menyerupai amfibi yaitu ikan glodok atau dikenal juga sebagai *mudskipper*. Kandungan protein yang tinggi pada ikan glodok, menjadikan ikan tersebut memiliki potensi sebagai komoditas bernilai ekonomis tinggi di Indonesia. Daerah distribusi ikan glodok cukup luas, yaitu mencakup Pulau Jawa, Sumatera, Kalimantan, Sulawesi, Papua Barat, hingga Kepulauan Maluku, sehingga upaya konservasi dan budidaya ikan glodok ini penting untuk dilakukan. Salah satu kawasan habitat ikan glodok khususnya di Pulau Jawa adalah Pantai Kondang Bandung, Malang, Jawa Timur Namun demikian, penelitian mengenai keragaman genetik ikan glodok khususnya spesies *P. argentiliniatus* belum pernah dilakukan. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik ikan glodok (*Periophthalmus argentiliniatus* Valenciennes, 1837) dari Pantai Kondang Bandung, Malang, Jawa Timur, berdasarkan gen mitokondria 16S. Penelitian ini menggunakan metode PCR dan primer universal 16Sar dan 16Sbr. Tahap-tahap penelitian meliputi isolasi DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis, purifikasi dan sekuensing. Data yang diperoleh selanjutnya dianalisis menggunakan GeneStudio, DNASTAR, BLAST, MESQUITE, MEGA, DnaSP, dan NETWORK. Hasil penelitian menunjukkan terdapat perbedaan komposisi nukleotida antar sampel dengan jarak genetik 0-1,48% (rerata 0,76%). Analisis variasi genetik intrapopulasi menunjukkan dari 4 sampel *P. argentilineatus* yang diteliti ditemukan tiga haplotipe dengan sembilan *variable sites* tanpa *parsimony informative sites*. *Halotype diversity* dan *nucleotide diversity* berturut-turut yaitu $0,833 \pm 0,222$ dan $0,00732 \pm 0,00340$. Analisis filogenetik menunjukkan bahwa salah satu sampel *P. argentilineatus* (MSK-02) berada pada *clade* yang sama dengan *P. argentilineatus* dari Muara Tekolok, Sulawesi Utara, dan Okinawa (Jepang), tetapi sampel lainnya berada pada *clade* tersendiri. Hasil penelitian diharapkan berguna untuk penyusunan pustaka gen mitokondria 16S (*16S mitochondrial DNA library*) dan dapat dijadikan sebagai referensi bagi penelitian selanjutnya serta sebagai informasi bagi pelaksanaan konservasi.

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

Genetic Variation of Barred Mudskipper (*Periophthalmus argentiliniatus* Valenciennes, 1837) from Kondang Bandung Beach, Malang, East Java Based on 16S Mitochondrial Gene

Vania Adhelia Kurniaputri
18/429397/BI/10163

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

ABSTRACT

Indonesia is one of the countries with high diversity of aquatic fauna in the Indo-Pacific region. The aquatic fauna are supported by the diversity of tropical coastal ecosystems, one of which is mangrove forests. In mangrove ecosystems affected by the tides of seawater waves can be found fish from the family Gobiidae which has unique characteristics known as mudskipper. Mudskipper has an economic potency to be consumed due to contain of high protein. The fish has widely distribution in Indonesia such as Java, Sumatra, Kalimantan, Sulawesi, West Papua, and the Mollucas, so the conservation mudskipper in its habitat is important. Kondang Bandung Beach located in Malang, East Java is one of the habitat of mudskipper. Brred mudskipper (*Periophthalmus argentiliniatus*) is one spesies of genus *Periophthalmus* that distributed on Indo-Pacific waters, Ryukyu Island, West Australia, and Oceania. However, research on the genetic variation of barred mudskipper has limited. Therefore, the aims of this study will identify and analyze genetic variation of barred mudskipper (*P. argentilineatus*) collected from Kondang Bandung Beach, Malang, East Java, based on 16S mitochondrial gene. The research used a PCR method with universal primers, 16Sar and 16Sbr. The stages of this study are included DNA isolation, DNA amplification, electrophoresis, purification and sequencing. The data obtained will be then analyzed using GeneStudio, DNASTAR, BLAST, MESQUITE, MEGA, DnaSP, and NETWORK. The result revealed the divergences of 16S nucleotide composition among the samples and genetic distances between 0-1.48% (average 0.76%). *Halotype diversity* and *nucleotide diversity* were 0.833 ± 0.222 and 0.00732 ± 0.00340 respectively. In addition, from four samples of *P. argentilineatus*, three haplotypes were detected with nine variable sites without parsimony informative site. Phylogenetic analysis showed that one sample of *P. argentilineatus* from Kondang Bandung Beach (MSK-02) was in the same clade with *P. argentilineatus* from Tekolok Estuary, North Sulawesi, and Okinawa (Japan) while the other three samples were in another clade. The results of the study are expected to assembly 16S mitochondrial DNA library and can be used as a reference for further research as well as information for the implementation of conservation.

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