

**KERAGAMAN GENETIK BERUDU**  
***Polypedates leucomystax* (Gravenhorst, 1829) DARI SLEMAN,**  
**DAERAH ISTIMEWA YOGYAKARTA BERDASARKAN GEN**  
**MITOKONDRIA 16S rRNA**

Naely Muna Camelia  
21/478757/BI/10775

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

**INTISARI**

Indonesia merupakan salah satu negara dengan keanekaragaman amfibi yang tinggi. Amfibi yang dapat ditemukan di Indonesia terdiri dari Ordo Gymnophiona dan Ordo Anura. Rhacophoridae merupakan katak pohon yang termasuk Ordo Anura dan *Polypedates leucomystax* merupakan salah satu anggota Famili Rhacophoridae yang memiliki distribusi luas. Anggota ordo Anura bermetamorfosis dari bentuk larva hingga menjadi katak dan salah satu fase dari siklus hidupnya yaitu berudu. Habitat berudu *P. leucomystax* di Indonesia salah satunya terletak di Sleman, Daerah Istimewa Yogyakarta. Akan tetapi, penelitian mengenai keragaman genetik berudu *P. leucomystax* dari Sleman berdasarkan gen mitokondria 16S rRNA belum pernah dilakukan. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman genetik berudu *P. leucomystax* dari Sleman, Daerah Istimewa Yogyakarta berdasarkan gen mitokondria 16S rRNA. Tahapan penelitian terdiri dari isolasi, amplifikasi, elektroforesis, dan sekuensing. Penelitian ini menggunakan metode PCR serta primer universal L2606 dan H3056. Hasil data yang diperoleh selanjutnya dianalisis menggunakan program DNASTAR, GeneStudio, MESQUITE, DnaSP, BLAST, MEGA11, BEAST, NETWORK, dan GenAlEx. Hasil penelitian ini menunjukkan adanya keragaman genetik baik itu pada tingkat intrapopulasi ataupun interpopulasi. Dari 4 sampel *P. leucomystax* yang diteliti dengan panjang fragmen 489 bp didapatkan jumlah haplotipe 3 dan 5 *polymorphic sites* yang terdiri dari 4 *parsimony informative sites* dan 1 *singleton site* dengan jarak genetik 0-0,01%. Nilai *haplotype diversity* (Hd)  $0,833 \pm 0,222$  dan *nucleotide diversity* ( $\pi$ )  $0,00648 \pm 0,00185$ . Selanjutnya dari analisis keragaman genetik interpopulasi, dari 14 individu (4 sampel dari penelitian ini dikombinasikan dengan data dari GenBank) dengan panjang fragmen 484 bp didapatkan 8 haplotipe dengan 10 *polymorphic sites* yang terdiri dari 7 *parsimony informative sites* dan 3 *singleton sites* dengan jarak genetik 0-0,01%. *Haplotype diversity* (Hd) yang diperoleh yaitu  $0,8681 \pm 0,076$  dan *nucleotide diversity* ( $\pi$ )  $0,00847 \pm 0,00065$ . Hasil penelitian ini diharapkan dapat digunakan untuk menyusun pustaka gen mitokondria 16S *P. leucomystax* dan dijadikan referensi untuk upaya konservasi di Indonesia.

**Kata Kunci:** Anura, Indonesia, Rhacophoridae

## GENETIC VARIATIONS OF TADPOLES *Polypedates leucomystax* (Gravenhorst, 1829) FROM SLEMAN, SPECIAL REGION OF YOGYAKARTA BASED ON MITOCHONDRIAL 16S rRNA GENE

Naely Muna Camelia  
21/478757/BI/10775

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

### ABSTRACT

Indonesia is one of the countries with high amphibian diversity. Amphibians that can be found in Indonesia consist of Order Gymnophiona and Order Anura. Rhacophoridae is a tree frog that belongs to the Order Anura. *Polypedates leucomystax* is a member of Family Rhacophoridae that has a wide distribution. Anura metamorphose from larvae to frogs. One of their life cycles is the tadpole. One of the habitats of *P. leucomystax* tadpoles in Indonesia is in Sleman, Special Region of Yogyakarta. However, research on the genetic variation of *P. leucomystax* tadpoles from Sleman based on the mitochondrial 16S rRNA gene has never been conducted. Therefore, this study aimed to investigate the genetic variation of *P. leucomystax* tadpoles from Sleman, Special Region of Yogyakarta based on the mitochondrial 16S rRNA gene. The research stages consisted of isolation, amplification, electrophoresis, and sequencing. This study used a PCR method with universal primers L2606 and H3056. The results of the data obtained were then analyzed using DNASTAR, GeneStudio, MESQUITE, DnaSP, BLAST, MEGA11, BEAST, NETWORK, dan GenAIEx software. The results of this study indicate the existence of genetic variations both at the intrapopulation and interpopulation levels. The results revealed that from 4 samples investigated in this study, 3 haplotypes are detected with 5 polymorphic sites consisted of 4 parsimony informative sites and 1 singleton site. Genetic distance was between 0 and 0.01%. The haplotype diversity (Hd) and nucleotide diversity ( $\pi$ ) were  $0.833 \pm 0.222$  and  $0.00648 \pm 0.00185$  respectively. In addition, interpopulation genetic analysis revealed from 14 samples (this study and GenBank data), 8 haplotypes are detected with 10 polymorphic sites consisted of 7 parsimony informative sites and 3 singleton sites. Genetic distance was between 0 and 0.01%. Haplotype Diversity (Hd) and nucleotide diversity ( $\pi$ ) were  $0.8681 \pm 0.076$  and  $0.00847 \pm 0.00065$  respectively. This research is expected to be used to assembly the mitochondrial 16S rRNA gene library of *P. leucomystax* and can be used for conservation in Indonesia.

**Key Words:** Anura, Indonesia, Rhacophoridae