

KERAGAMAN GENETIK IKAN GLODOK, *Periophthalmodon schlosseri* (Pallas, 1770), DARI HUTAN MANGROVE SUNGAI BAKAU, KOTAWARINGIN BARAT, KALIMATAN TENGAH BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA 16S rRNA

Safira Tira Devinta
22/494610/BI/10976

INTISARI

Ikan glodok kelompok *giant mudskipper* (*Periophthalmodon schlosseri* (Pallas, 1770)) merupakan spesies amfibi yang umum ditemukan pada ekosistem mangrove. Namun, identifikasi spesies ini sering mengalami kendala karena kemiripan morfologi dengan beberapa spesies mudskipper lainnya sehingga berpotensi menyebabkan kesalahan identifikasi. Di Indonesia, penelitian mengenai variasi genetik ikan glodok telah dilakukan, tetapi masih terbatas pada wilayah tertentu dan belum tersedia data genetik yang secara spesifik mengkaji populasi ikan glodok di Hutan Mangrove Sungai Bakau, Kotawaringin Barat, Kalimantan Tengah. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman genetik *Periophthalmodon schlosseri* dari lokasi tersebut menggunakan gen mitokondria 16S rRNA. Penelitian dilakukan dengan metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) menggunakan primer universal 16Sar dan 16Sbr melalui tahapan isolasi DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis, purifikasi, dan sekuensing. Analisis data dilakukan menggunakan perangkat lunak GeneStudio, DNASTAR, BLAST, MESQUITE, MEGA, DnaSP, NETWORK, BEAST, dan GENALEX. Hasil penelitian terhadap delapan sampel menunjukkan adanya keragaman genetik intrapopulasi dengan lima haplotipe dari panjang fragmen 554 bp serta empat situs variabel yang terdiri atas satu *parsimony informative site* dan tiga *singleton sites*. Nilai *haplotype diversity* sebesar $0,857 \pm 0,108$, nilai *nucleotide diversity* sebesar $0,00232 \pm 0,00053$, dan jarak genetik berkisar antara 0,00%–0,90%. Analisis interpopulasi menggunakan data pembandingan dari *GenBank* menunjukkan hasil yang serupa, yaitu ditemukan lima haplotipe dari sepuluh sampel dengan empat situs variabel pada panjang fragmen 554 bp. Nilai *haplotype diversity* sebesar $0,756 \pm 0,130$ dan *nucleotide diversity* sebesar $0,00193 \pm 0,00193$ dengan jarak genetik berkisar antara 0,00%–0,50%. Analisis filogenetik menunjukkan terbentuknya satu *clade* antara *P. schlosseri* dari penelitian ini dengan *P. schlosseri* yang terdata di *GenBank*, sedangkan analisis jejaring haplotipe dan *Principal Coordinate Analysis* (PCoA) menunjukkan adanya *sharing haplotype* antara sampel dari Kalimantan Tengah dan Singapura. Hasil penelitian ini diharapkan dapat menjadi sumber informasi mengenai keragaman genetik ikan glodok yang mendukung penelitian lanjutan serta upaya konservasi spesies ini di Indonesia.

Kata Kunci: gen 16S rRNA, keragaman genetik, *Periophthalmodon schlosseri*

GENETIC VARIATION OF GIANT MUDSKIPPER, *Periophthalmodon schlosseri* (Pallas, 1770), FROM SUNGAI BAKAU MANGROVE FOREST, WEST KOTAWARINGIN, CENTRAL KALIMANTAN BASED ON THE MITOCHONDRIAL 16S rRNA GENE

Safira Tira Devinta
22/494610/BI/10976

ABSTRACT

The giant mudskipper *Periophthalmodon schlosseri* (Pallas, 1770) is an amphibious species commonly found in mangrove ecosystems. However, the identification of this species often faces challenges due to its morphological similarity to other mudskipper species, which may lead to misidentification. In Indonesia, studies on the genetic variation of mudskippers have been conducted, but they are still limited to certain regions, and there is no specific genetic data examining mudskipper populations in the Sungai Bakau Mangrove Forest, Kotawaringin Barat, Central Kalimantan. Therefore, this study aimed to analyze the genetic diversity of *Periophthalmodon schlosseri* from this location using the mitochondrial 16S rRNA gene. The study was conducted using the Polymerase Chain Reaction (PCR) method with universal primers 16Sar and 16Sbr, including DNA isolation, DNA amplification, electrophoresis, purification, and sequencing. Data analysis was performed using GeneStudio, DNASTAR, BLAST, MESQUITE, MEGA, DnaSP, NETWORK, BEAST, and GENALEX software. The results from eight samples indicated the presence of genetic diversity, with five haplotypes identified from a fragment length of 554 bp and four variable sites consisting of one parsimony informative site and three singleton sites. The haplotype diversity value was 0.857 ± 0.108 , the nucleotide diversity value was 0.00232 ± 0.00053 , and the genetic distance ranged from 0.00% to 0.90%. Interpopulation analysis using comparative data from GenBank showed similar results, where five haplotypes were identified from ten samples with four variable sites within a fragment length of 554 bp. The haplotype diversity value was 0.756 ± 0.130 and the nucleotide diversity value was 0.00193 ± 0.00193 , with genetic distances ranging from 0.00% to 0.50%. Phylogenetic analysis revealed the formation of a single clade between *P. schlosseri* investigated in this study and *P. schlosseri* from GenBank, while haplotype network analysis and Principal Coordinate Analysis (PCoA) indicated haplotype sharing between samples from Central Kalimantan and Singapore. The results of this study are expected to provide information on the genetic diversity of mudskippers that can support future research and conservation efforts for this species in Indonesia.

Key Words: 16S rRNA gene, genetic variation, *Periophthalmodon schlosseri*