

**Keragaman Genetik Ikan Glodok  
(*Boleophthalmus pectinirostris* (Linnaeus, 1758))  
dari Hutan Mangrove Mangkang, Semarang, Jawa Tengah  
Berdasarkan Gen Mitokondria COI**

Bernadetha Erdha Treviana  
20/454738/BI/10433

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

**INTISARI**

Indonesia merupakan negara maritim dengan keanekaragaman ikan yang tinggi. Salah satu jenis ikan yang mendiami ekosistem mangrove adalah ikan glodok. Kemiripan morfologi yang sangat tinggi antar spesies ikan glodok menyebabkan kesulitan untuk membedakan antara spesies satu dengan spesies lainnya. Identifikasi spesies secara akurat dapat dilakukan secara molekuler melalui *DNA barcoding* menggunakan gen mitokondria COI. Selain itu, data mengenai keragaman genetik ikan glodok terutama spesies *Boleophthalmus pectinirostris* di Indonesia masih sangat terbatas. Oleh karena itu, pada penelitian ini dilakukan identifikasi dan analisis keragaman genetik ikan glodok, *Boleophthalmus pectinirostris* (Linnaeus, 1758), dari Hutan Mangrove Mangkang, Semarang, Jawa Tengah berdasarkan gen mitokondria COI. Metode yang digunakan yaitu metode PCR dengan primer universal *FishF2* dan *FishR2*. Tahapan penelitian meliputi isolasi DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis, purifikasi, dan sekuensing. Data dianalisis dengan beberapa *software* yaitu GeneStudio, DNASTAR, BLAST, BOLD, MESQUITE, MEGA, DnaSP, dan PopArt. Hasil analisis intrapopulasi *B. pectinirostris* tidak menunjukkan adanya keragaman genetik. Namun, hasil analisis interpopulasi *B. pectinirostris* dari Hutan Mangrove Mangkang dengan sampel *B. pectinirostris* dari Pantai Bahak Indah dan Hutan Mangrove Pateguran yang telah diteliti sebelumnya menunjukkan adanya keragaman genetik yang rendah. Rekonstruksi pohon filogenetik menunjukkan bahwa antara sampel *B. pectinirostris* yang diteliti dengan sampel *B. pectinirostris* dari Pantai Bahak Indah dan Hutan Mangrove Pateguran terbagi dalam 3 *clade*. Analisis keragaman genetik menunjukkan bahwa 10 dari 11 sampel yang diteliti memiliki komposisi nukleotida yang sama. Analisis haplotipe interpopulasi menunjukkan bahwa terdapat 3 haplotipe dengan *haplotype diversity* sebesar  $0,345 \pm 0,172$  dan *nucleotide diversity* sebesar  $0,00086 \pm 0,00049$ . Polimorfisme terdeteksi sebanyak 3 *sites* yang tergolong dalam *singleton sites*. Hasil penelitian ini diharapkan dapat memberikan acuan dalam upaya konservasi ikan glodok *Boleophthalmus pectinirostris* di Indonesia.

**Kata kunci:** *Boleophthalmus pectinirostris*, gen COI, keragaman genetik

**Genetic Variation of Mudskipper  
(*Boleophthalmus pectinirostris* (Linnaeus, 1758))  
From Mangkang Mangrove Forest, Semarang, Central Java  
based on *COI* Mitochondrial Gene**

Bernadetha Erdha Treviana  
20/454738/BI/10433

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

**ABSTRACT**

Indonesia is a maritime country with a high diversity of fish. One of fish that can be found in mangrove ecosystems is mudskipper. The high morphological similarity between mudskipper species makes it difficult to distinguish one species from another. Accurate species identification can be done molecularly through DNA barcoding using the mitochondrial *COI* gene. Moreover, the genetic variation data of *Boleophthalmus pectinirostris* in Indonesia is still very limited. Therefore, the aims of this study was to identif and analyze genetic variation of mudskipper (*Boleophthalmus pectinirostris* (Linnaeus, 1758)) from the Mangkang Mangrove Forest, Semarang, Central Java based on the *COI* mitochondrial gene. The method used in this study was a PCR method with universal primers *FishF2* and *FishR2*. Research stages include DNA isolation, DNA amplification, electrophoresis, purification, and sequencing. Data obtained in this study was then analyzed using GeneStudio, DNASTAR, BLAST, BOLD, MESQUITE, MEGA, DnaSP, and PopArt. The intrapopulation analysis revealed no genetic variation among the samples. However, the results of interpopulation analysis of *COI* sequences of *B. pectinirostris* from the Mangkang Mangrove Forest combining with *COI* data from Bahak Indah Beach and Pateguran Mangrove Forest showed low genetic variation among the samples. Phylogenetic tree reconstruction from interpopulation *COI* data demonstrated that the samples are divided into 3 clades. Genetic variation analysis showed that 10 out of 11 samples had similar nucleotide composition. The results also revealed 3 haplotypes. Haplotype diversity was  $0.345 \pm 0.172$  and nucleotide diversity was  $0.00086 \pm 0.00049$ . In addition, 3 variable sites were detected with singleton sites. The result of this study are expected to serve as a reference for the conservation program of *B. pectinirostris* in Indonesia.

**Keyword:** *Boleophthalmus pectinirostris*, *COI* gene, genetic variation