

BAB V KESIMPULAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan

Berdasarkan analisis hubungan kekerabatan, rekonstruksi pohon filogenetik *Maximum Likelihood* (ML), *Maximum Parsimony* (MP), dan *Bayesian Inference* (BI) dengan menggunakan gen ND4 menunjukkan bahwa *Hemidactylus* merupakan kelompok monofiletik yang terbagi atas 2 *clade* besar yaitu *clade A* dan *clade B*, namun masih dikelompokkan dalam satu spesies yang sama. *Haplotype network* juga menghasilkan perbedaan basa yang signifikan antara *Hemidactylus frenatus* dari masing-masing wilayah. Sedangkan berdasarkan karakter morfologi, *Hf* dari Sumatra memiliki bagian sisik *inner postmental*, *outer postmental*, dan *parinfralabial* dengan jumlah sisik *infralabial* sebanyak 14, sedangkan *Hf* dari Jawa hanya memiliki sisik dagu *inner postmental* dan *outer postmental* dengan jumlah sisik *infralabial* sebanyak 11. Selain itu, perbedaan morfologi juga didasarkan pada bentuk *femoral Hf* dari Sumatra yang cenderung jelas dan memiliki *pore*. Persebaran spesies *Hemidactylus frenatus* di Sumatra kemungkinan melalui aliran sungai dari Utara ke Selatan selama masa Pleistosen, sedangkan persebaran dari Sumatra ke Jawa diakibatkan oleh terjadinya pendangkalan Selat Sunda dan juga dipengaruhi oleh adanya introduksi dari manusia secara langsung atau tidak langsung.

5.2 Saran

Untuk memaksimalkan data dalam penelitian, sebaiknya digunakan sekuen tambahan terutama dari daerah di Pulau Jawa (Jawa Tengah dan Jawa Barat) agar mewakili hubungan kekerabatan Jawa dan Sumatra secara keseluruhan.