

**FILOGEOGRAFI GENUS CICAK POHON (SQUAMATA;
GEKKONIDAE; *Hemidactylus*) DI JAWA DAN SUMATRA
BERDASARKAN ANALISIS MORFOLOGI DAN
MOLEKULER GEN NATRIUM DEHYDROGENASE 4 (ND4)**

SKRIPSI

oleh
ARI ARDIANTORO
135090101111004



**JURUSAN BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS BRAWIJAYA
MALANG
2017**

**FILOGEOGRAFI GENUS CICAK POHON (SQUAMATA;
GEKKONIDAE; *Hemidactylus*) DI JAWA DAN SUMATRA
BERDASARKAN ANALISIS MORFOLOGI DAN
MOLEKULER GEN NATRIUM DEHYDROGENASE 4 (ND4)**

SKRIPSI

**Sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Sarjana Sains dalam Bidang Biologi**

**oleh
ARI ARDIANTORO
135090101111004**



**JURUSAN BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS BRAWIJAYA
MALANG
2017**

HALAMAN PENGESAHAN SKRIPSI

**FILOGEOGRAFI GENUS CICAK POHON (SQUAMATA;
GEKKONIDAE; *Hemidactylus*) DI JAWA DAN SUMATRA
BERDASARKAN ANALISIS MORFOLOGI DAN
MOLEKULER GEN NATRIUM DEHYDROGENASE 4 (ND4)**

ARI ARDIANTORO
135090101111004

Telah dipertahankan di depan Majelis Penguji
pada tanggal 25 Juli 2017
dan dinyatakan memenuhi syarat untuk memperoleh gelar
Sarjana Sains dalam Bidang Biologi

Menyetujui
Pembimbing

Nia Kurniawan S.Si., MP., D.Sc
NIP. 197810252003121002

Mengetahui
Ketua Program Studi S1 Biologi
Fakultas MIPA Universitas Brawijaya

Rodiyati azrianingsih, S.Si., M.Sc., PhD.
NIP. 197001281994122001

HALAMAN PERNYATAAN

Saya yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : Ari Ardiantoro

NIM : 135090101111004

Jurusan : Biologi

Penulis Skripsi berjudul : Filogeografi Genus Cicak Pohon (Squamata; Gekkonidae; *Hemidactylus*) di Jawa dan Sumatra Berdasarkan Analisis Morfologi dan Molekuler Gen Natrium Dehydrogenase 4 (ND4)

Dengan ini menyatakan bahwa:

1. Skripsi ini adalah benar-benar karya sendiri dan bukan hasil plagiat dari karya orang lain. Karya-karya yang tercantum dalam Daftar Pustaka Skripsi ini semata-mata digunakan sebagai acuan atau referensi.
2. Apabila kemudian hari diketahui bahwa isi Skripsi saya merupakan hasil plagiat, maka saya bersedia menanggung segala risiko.

Demikian pernyataan ini dibuat dengan segala kesadaran.

Malang, 3 Agustus 2017

Yang menyatakan,

Ari Ardiantoro

135090101111004

PEDOMAN PENGGUNAAN SKRIPSI

Skripsi ini tidak dipublikasikan namun terbuka untuk umum dengan ketentuan bahwa hak cipta ada pada penulis. Daftar Pustaka diperkenankan untuk dicatat, tetapi pengutipan hanya dapat dilakukan seizin penulis dan harus disertai kebiasaan ilmiah untuk menyebutkannya.

Filogeografi Genus Cicak Pohon (Squamata; Gekkonidae; *Hemidactylus*) di Jawa dan Sumatra Berdasarkan Analisis Morfologi dan Molekuler Gen Natrium Dehydrogenase 4 (ND4)

Ari Ardiantoro, Nia Kurniawan
Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Universitas Brawijaya
2017

ABSTRAK

Filogeografi merupakan kajian ilmu filogenetik dan biogeografi yang mengungkap terjadinya peristiwa spesiasi dan evolusi. Sekitar 10.000 tahun yang lalu pada masa Miosen, wilayah Indonesia terbagi menjadi wilayah *sundaland* dan *lesser sunda*, sehingga hal tersebut berpengaruh terhadap genus *Hemidactylus*. Tujuan dari penelitian ini adalah merumuskan hubungan kekerabatan genus *Hemidactylus* di Jawa dan Sumatra berdasarkan tingkat variasi genetik gen *ND4*, menentukan distribusi anggota genus *Hemidactylus* di Jawa dan Sumatra akibat konstruksi *sundaland* berdasarkan analisis gen *ND4*, dan menentukan karakter morfologi genus *Hemidactylus* di Jawa dan Sumatra. Tahapan dalam penelitian ini meliputi deskripsi lokasi penelitian, pengambilan dan sortir sampel, preservasi dan pengambilan jaringan, isolasi DNA, *Polymerase Chain Reaction* (PCR), uji kualitatif, sekuensing DNA, rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan analisis *Maximum-likelihood* (ML), *Maximum Parsimony* (MP) dengan aplikasi PAUP 4.0 dan Analisis *Bayesian Inference* (BI) menggunakan aplikasi MrBayes, serta analisis morfologi. Hasil penelitian menunjukkan bahwa karakter morfologi *Hemidactylus* dari Jawa dan Sumatra memiliki perbedaan dari segi sisik dagu dan bentuk *Femoral*. Sedangkan rekonstruksi pohon filogenetik ML, MP, dan BI memiliki topologi pohon yang sama, sehingga dapat direkonstruksi menjadi satu pohon filogenetik yang menunjukkan bahwa *Hemidactylus* merupakan kelompok monofiletik yang terbagi atas 2 *clade* besar (A dan B) yang memiliki nilai *P-distance* sebesar 0%-6%. *Haplotype network* juga menghasilkan perbedaan basa yang signifikan antara *Hemidactylus frenatus* dari masing-masing wilayah yaitu sebesar 29-40 basa.

Kata kunci : filogeografi, *Haplotype*, *Hemidactylus*, morfologi, *ND4*

Phylogeography of Tree Lizard (Squamata; Gekkonidae; *Hemidactylus*) in Java and Sumatera Based on Morphology and Molecular Analysis of Natrium Dehydrogenase 4 (ND4) Gene

Ari Ardiantoro, Nia Kurniawan

Biology Department, Mathematic and Natural Science Faculty

Brawijaya University

2017

ABSTRACT

Phylogeography is a study focused on the phylogenetic and biogeography which reveals the occurrence of speciations and evolutions. Approximately 10,000 years ago in Miocene, Indonesia region disjuncted into Sundaland and Lesser Sunda. It affects the Genus of *Hemidactylus*. This research's objections are 1) to construct phylogenetic relationship of *Hemidactylus* in Java and Sumatera based on genetic variation of ND4 gene, 2) to determine the distribution of *Hemidactylus* in Java and Sumatera as the effect of Sunda Land formation based on ND4 gene analysis, and 3) to determine morphological characteristics of *Hemidactylus* in Java and Sumatera. Methods in this research were: 1) research's site description, 2) specimen sampling and sortment, 3) preservation and tissue collection, 4) DNA isolation, 5) Polymerase Chain Reaction (PCR) amplification, 6) qualitative test, 7) DNA sequencing, 8) construction of phylogenetic tree using Maximum-likelihood (ML) analysis, Maximum Parsimony (MP) and Bayesian Interference (BI) analysis (via MrBayes software), then completed with 9) morphology analysis. The results represent that 1) morphological characteristics of *Hemidactylus* from Java and Sumatera have special differences particularly on jaw's scales and Femoral shape, 2) while ML, MP, and BI phylogenetic tree construction represent similar topology so that it can be reconstructed become single phylogenetic tree which reveals that *Hemidactylus* included to monophyletic group which is comprised of two main clades (A and B) with P-distance values 1-6 %. Lastly 3) haplotype network also represents significant base differences between *Hemidactylus frenatus* from each region that values 29-40 bases.

Key words: Phylogeography, Haplotype, *Hemidactylus*, morphology, ND4.

KATA PENGANTAR

Alhamdulillahirabbil'alamin, segala puji bagi Allah, Tuhan semesta alam yang dengan karunia dan rahmatnya Skripsi ini dapat disusun dengan baik untuk memperoleh gelar Sarjana Sains dalam Bidang Biologi di Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Brawijaya, Malang.

Demikian pula rasa terima kasih diucapkan dengan tulus kepada:

1. Bapak Nia Kurniawan, S.Si, MP., D.Sc selaku Dosen Pembimbing yang telah mendampingi, memberi pengarahan dan tambahan ilmu serta saran yang membangun untuk meningkatkan kualitas penelitian ini
2. Bapak Widodo, S.Si., M.Si., Ph.D dan Bapak Dr. Bagyo Yanuwadi selaku dosen penguji yang telah memberikan saran dan masukan untuk perbaikan kualitas penelitian ini agar menjadi lebih baik
3. Orangtua dikampung halaman yang selalu memberikan doa terbaiknya dan support diiringi dengan motivasi dan dukungan moril maupun materiil
4. Tim Master Of NK Research yaitu A.M Kadafi, Bagus P, M. Fahmi, Agung S. K., Adityas P., M.A. Fauzi, M.F. Abdillah, Anggun S. F., Erynta W., Mulyadiane M., Day Shine yang selalu memberikan banyak sekali saran kepada penulis agar menjadi lebih baik lagi.
5. Teman-teman seperjuangan Mahasiswa Biologi Angkatan 2013 dan seluruh civitas akademika Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Brawijaya, Malang.
6. Sahabat seperjuangan M.Sultonun A., M. Shobirin., Esti R., Larasati A yang selalu ada untuk menemani selama penulisan dan telah memberikan motivasi, saran, kritik kepada penulis agar menjadi lebih baik untuk kedepannya.

Penulisan Skripsi ini ditulis dengan usaha yang optimal sebagai sarana untuk pengembangan Ilmu Pengetahuan di Indonesia. Saran dan kritik yang membangun sangat diharapkan untuk menjadikan karya penelitian ini bermanfaat untuk kedepannya.

Malang, 3 Agustus 2017

Penulis

DAFTAR ISI

	Halaman
ABSTRAK	v
ABSTRACT	vi
KATA PENGANTAR	vii
DAFTAR ISI	viii
DAFTAR TABEL	x
DAFTAR GAMBAR	xi
DAFTAR LAMPIRAN	xiii
DAFTAR LAMBANG DAN SINGKATAN	xiv
BAB I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	3
1.3 Tujuan Penelitian	3
1.4 Manfaat Penelitian	3
BAB II TINJAUAN PUSTAKA	4
2.1 Sejarah Geologi Paparan Sunda.....	4
2.2 Spesiasi	6
2.3 Zoogeografi dan Filogenetik.....	7
2.4 Gen Natrium Dehydrogenase Subunit 4 (ND4)	9
2.5 Analisis Molekuler	11
2.6 <i>Polymerase Chain Reaction</i> (PCR)	11
2.7 Genus <i>Hemidactylus</i>	12
2.7.1 Deskripsi <i>Hemidactylus</i>	12
2.7.2 Klasifikasi	13
2.8 Biogeografi genus <i>Hemidactylus</i>	14
2.9 Morfologi dan Morfometri genus <i>Hemidactylus</i>	15
BAB III METODE PENELITIAN	17
3.1 Waktu dan Tempat Penelitian	17
3.2 Kerangka Penelitian	17
3.3 Deskripsi Lokasi Penelitian	17
3.4 Sortir dan Pengambilan Sampel <i>Hemidactylus</i>	18
3.5 Preservasi dan Pengambilan Jaringan	20
3.6 Isolasi DNA	20

3.7	<i>Polymerase Chain Reaction (PCR)</i>	21
3.8	Uji Kualitatif DNA	22
3.9	Analisa Filogenetik	22
3.10	Alignment Data	23
3.11	Analisis <i>Sequence Divergence (P-Distance)</i>	24
3.12	Pembuatan <i>Modeltest</i>	24
3.13	Analisis <i>Bayesian Inference</i>	24
3.14	Analisis <i>Maximum Likelihood</i> dan <i>Maximum Parsimony</i>	25
3.15	Analisis Morfologi dan Meristik	25
3.16	Analisis Data Morfometri	26
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN		27
4.1	Morfologi genus <i>Hemidactylus</i>	27
4.2	Principal Component Analysis (PCA) genus <i>Hemidactylus</i> di Jawa dan Sumatra Berdasarkan Analisis Morfologi dan Meristik	30
4.3	Hubungan Kekerbatan genus <i>Hemidactylus</i> dari Jawa dan Sumatra Berdasarkan Analisis Gen ND4	33
4.3.1	<i>Clade A</i>	34
4.3.2	<i>Clade B</i>	39
4.4	<i>P-Distance</i> dari genus <i>Hemidactylus</i> berdasarkan Wilayah Persebaran	42
4.5	<i>Haplotype</i> genus <i>Hemidactylus</i>	42
4.6	Zoogeografi genus <i>Hemidactylus</i>	44
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN		46
5.1	Kesimpulan	46
5.2	Saran	46
DAFTAR PUSTAKA		47
LAMPIRAN		52

DAFTAR TABEL

Nomor		Halaman
1	Sortir Sampel Genus <i>Hemidactylus</i>	19
2	Data Sekuen Genus <i>Hemidactylus</i> dan Spesies <i>Outgroup</i> dari <i>GenBank</i>	23
3	Karakter Morfometri pada Genus <i>Hemidactylus</i>	25
4	Karakter Morfologi pada Genus <i>Hemidactylus</i>	26
5	Karakter Morfometri <i>Hemidactylus frenatus</i> Betina	27
6	Karakter Morfometri <i>Hemidactylus frenatus</i> Jantan	27

DAFTAR GAMBAR

Nomor		Halaman
1	Rekontruksi Sejarah Geologi Paparan Sunda	5
2	Peta Pembagian Zona Wilayah <i>Sundaland</i>	6
3	Filogenetik Famili Gekkonidae di Asia Tenggara.....	8
4	<i>Ancestor</i> pada Suatu Sekuen Nukleotida	9
5	genus <i>Hemidactylus</i>	14
6	Studi Lokasi Penelitian genus <i>Hemidactylus</i>	18
7	Susunan Sisik Daggu pada <i>Hemidactylus frenatus</i>	28
8	Bentuk <i>Femoral pore</i> pada <i>Hemidactylus frenatus</i>	29
9	Hasil PCA <i>Hemidactylus frenatus</i> Betina	31
10	Hasil PCA <i>Hemidactylus frenatus</i> Jantan	32
11	Spesies <i>Hemidactylus frenatus</i> Betina	35
12	Spesies <i>Hemidactylus frenatus</i> Jantan	37
13	Spesies <i>Hemidactylus frenatus</i> dari Cilacap	38
14	Spesies <i>Hemidactylus frenatus</i> dari Aceh	39
15	Filogram <i>Maximum likelihood</i> , <i>Maximum Parsimony</i> dan <i>Bayesian Interference</i> Berdasarkan Gen ND4.	41
16	Jaringan Parsial <i>Haplotype Network Hemidactylus</i> <i>frenatus</i>	43
17	Peta Persebaran spesies <i>Hemidactylus frenatus</i> dari Wilayah Asia Tropis	45

LG18	Hasil <i>alignment</i> sekuen dengan program <i>Mega 7.0</i> ..	52
LG19	Rekonstruksi pohon filogenetik <i>Maximum Parsimony</i> (<i>bootstrap</i>) dengan menggunakan program <i>PAUP*4.0b10</i>	52
LG20	Rekonstruksi pohon filogenetik <i>Maximum Likelihood</i> (tanpa <i>bootstrap</i>) dengan menggunakan program <i>PAUP*4.0b10</i>	53
LG21	Rekonstruksi pohon filogenetik <i>Bayesian Inference</i> dengan program <i>Mr. Bayes</i>	54
LG22	Nilai <i>p-distance</i> (<i>Pairwise Distance</i>) Genus <i>Hemidactylus</i> dengan menggunakan program <i>Mega 7.0</i> ..	55
LG23	<i>Haplotype Network Hemidactylus frenatus</i> di Jawa dan Sumatra ..	55

DAFTAR LAMPIRAN

Nomor		Halaman
1	Hasil <i>Alignment</i> Sekuens	52
2	Hasil Rekonstruksi Pohon Filogenetik <i>Maximum Parsimony</i>	52
3	Hasil Rekonstruksi Pohon Filogenetik <i>Maximum Likelihood</i>	53
4	Hasil Rekonstruksi Pohon Filogenetik <i>Bayesian Inference</i>	54
5	Nilai <i>p-distance (Pairwise Distance)</i>	55
6	Hasil <i>Haplotype Network Hemidactylus frenatus</i>	55

DAFTAR LAMBANG DAN SINGKATAN

<u>Simbol/Singkatan</u>	<u>Keterangan</u>
ND4	natrium dehydrogenase 4
Hf	<i>Hemidactylus frenatus</i>
Hp	<i>Hemidactylus platyurus</i>
Hg	<i>Hemidactylus garnotii</i>
ML	maximum likelihood
MP	maximum parsimony
BI	Bayesian inference
Nar-Eye	nares-eye
Sn-Eye	snout-eye
TL	total length
SVL	snout vent length
Eye-D	eye diameter
AGL	aksial length
IN	internassal
Y	yes
N	no
ENS	Erick Nelson Smith
mm	milimeter
cm	centimeter
P	phi
µm	mikrometer