

## BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN

### 4.1 Morfologi Genus *Hemidactylus*

Berdasarkan analisis morfometri dan meristik yang telah dilakukan diperoleh hasil yaitu selama proses identifikasi menghasilkan individu cicak pohon sebanyak 14 ekor yaitu *Hemidactylus frenatus* (Hf) dengan jenis kelamin pada total 14 individu yaitu 5 berjenis kelamin betina dan 9 individu berjenis kelamin jantan. Berdasarkan hasil dapat diketahui bahwa betina mengalami sex dimorfisme yang dapat diketahui dari ukuran tubuh yang cenderung lebih besar dibandingkan dengan jantan. Karakter lain yang dapat dijadikan pembeda antara jantan dengan betina adalah pada bagian *pore* dengan tipe *femoral pore* pada individu jantan dan *femoral continous pore* pada individu betina.

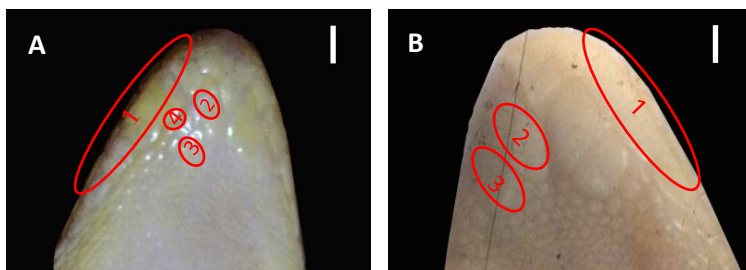
Tabel 5. Karakter morfometri *Hemidactylus frenatus* (Hf) Betina

Spesies	SVL (mm)	HeadL (mm)	SnEye (mm)	Claw InF (Y/N)
<i>H. frenatus</i> , Lampung	55,20	15,26	5,12	Y
<i>H. frenatus</i> , Lampung	59,29	18,56	5,77	Y
<i>H. frenatus</i> , Lampung	49,64	14,27	5,78	Y
<i>H. frenatus</i> , Aceh	58,68	15,53	6,62	Y
<i>H. frenatus</i> , Malang	52,30	12,50	4,48	Y

Tabel 6. Karakter morfometri *Hemidactylus frenatus* (Hf) jantan

Spesies	SVL (mm)	HeadL (mm)	SnEye (mm)	Claw InF (Y/N)
<i>H. frenatus</i> , Bondowoso	49,03	14,55	5,78	Y
<i>H. frenatus</i> , Riau	50,60	13,84	5,88	Y
<i>H. frenatus</i> , Cilacap	44,69	12,76	6,28	Y
<i>H. frenatus</i> , SumSel	43,67	14,67	5,60	Y
<i>H. frenatus</i> , SumSel	52,50	16,47	5,88	Y
<i>H. frenatus</i> , SumSel	45,91	13,91	5,32	Y
<i>H. frenatus</i> , Jambi	52,46	12,40	5,54	Y
<i>H. frenatus</i> , Mojokerto	48,48	13,87	5,70	Y
<i>H. frenatus</i> , Mojokerto	46,90	13,53	5,33	Y

Penentuan karakter morfologi spesies cicak pohon atau Genus *Hemidactylus* dapat menggunakan beberapa cara yaitu bentuk, ukuran, *pattern*, warna tubuh, *femoral*, susunan sisik, *lamella* pada jari kaki dan jumlah sisik (Vyas, 2005; Giri & Bauer, 2008; Lajmi, 2016). Namun, analisis morfologi dari Genus *Hemidactylus* menggunakan 3 karakter utama yaitu bagian *femoral pore*, web pada kaki, dan susunan sisik dagu, karena setiap Genus *Hemidactylus* memiliki perbedaan yang sangat signifikan pada ketiga bagian tersebut (Patel dkk., 2016). Oleh sebab itu, perbedaan yang diamati dapat dijadikan sebagai pedoman dalam menentukan karakter khusus dari Genus cicak pohon, terutama spesies *Hemidactylus frenatus* (Hf), *Hemidactylus garnotii* (Hg), dan *Hemidactylus platyurus* (Hp).



(Dokumentasi Pribadi ENS, 2017)

Gambar 7. Susunan sisik dagu pada *Hemidactylus frenatus*. Keterangan: A) *H. frenatus*, Sumatra; B) *H. frenatus*, Jawa. Scale bar = 0,5 cm; — scale bar; 1 = sisik infralabial; 2 = sisik inner postmental; 3 = sisik outer postmental; 4 = sisik parinfralabial

Berdasarkan hasil pengamatan struktur sisik dagu antar spesies *Hemidactylus* memiliki bentuk yang berbeda yaitu pada *H. frenatus* dari Pulau Sumatra memiliki bagian sisik *inner postmental*, *outer postmental*, dan *parinfralabial*. Sisik *parinfralabial* dari *H. frenatus* langsung bersentuhan dengan sisik *infralabial*. Sedangkan untuk spesies *H. frenatus* dari Pulau Jawa hanya memiliki sisik dagu *inner postmental* dan *outer postmental* (Gambar 7). Sementara itu, untuk jumlah susunan sisik infralabial pada *H. frenatus* dari Pulau Sumatra berjumlah 14, sedangkan dari Pulau Jawa berjumlah 11 (Gambar 7).

Spesies *H. frenatus* memiliki karakteristik umum yaitu memiliki granular kecil pada bagian punggung, bersifat heterogen, memiliki sisik halus yang bercampur dan tersusun secara teratur, ukuran relatif besar, sisik berbentuk kerucut, halus, tersusun secara membujur pada bagian dorsolateral, sisik membentang dari tengah sampai batang tubuh, memiliki lipatan kulit ventrolateral pada batang tubuh dan paha. Digit pada kaki cukup lebar, sedikit berselaput, dengan jumlah lamella pada jari pertama sebanyak lima, lamella pada jari ke empat berjumlah 8, dan pada jari kaki keempat berjumlah 10. Mempunyai sisik supralabial sebanyak 10-11, sisik infralabial sebanyak 9-10. Outer postmental bersentuhan langsung dengan sisik infralabial dan memiliki *precloaca femoral pore* sebanyak 31 yang terpisah dengan satu buah pori-pori sisik. Ekor dengan tipe kecil dan cukup sempit, berbentuk oval pada bagian penampang ekor, dan memiliki sisik yang berbentuk kerucut pada bagian tepi ekor sebanyak 6 buah (Patel dkk., 2016).



(Dokumentasi Pribadi ENS, 2017)

Gambar 8. Bentuk *femoral pore* pada *Hemidactylus frenatus*.  
Keterangan: A) *H. frenatus*, Sumatra; B) *H.frenatus*, Jawa.  
Scale bar = 0,5 cm; — = Scale bar; 1 = pore

Berdasarkan hasil pengamatan *H. frenatus* dari Sumatra memiliki bentuk atau struktur *femoral* yang kompleks dengan adanya *pore* pada bagian *femoral* sehingga disebut dengan *femoral continous pore*, Selain itu juga memiliki struktur sisik yang sangat rapi dengan ukuran yang sama besar pada bagian bawah *femoral continous pore*. Sedangkan *Hemidactylus frenatus* dari Jawa cenderung tidak memiliki struktur *femoral pore* dan tidak memiliki struktur sisik yang jelas di bawah bagian femoral (Gambar 8). Hal tersebut menunjukkan bahwa sampel yang berasal dari Jawa dengan sampel

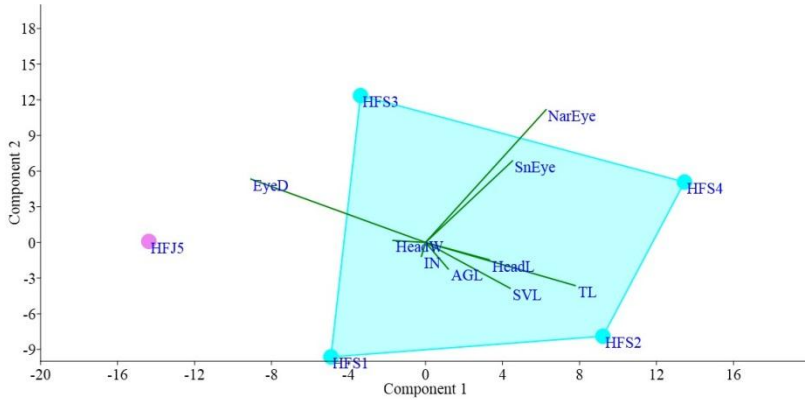
yang berasal dari Sumatra memiliki struktur morfologi yang sangat jelas berbeda di antara kedua wilayah.

#### **4.2 *Principal Component Analysis (PCA) Genus *Hemidactylus* di Jawa dan Sumatra Berdasarkan Analisis Morfologi dan Meristik***

Analisis PCA dilakukan untuk mengidentifikasi pola pengelompokan *H. frenatus* di Jawa dan Sumatra berdasarkan persamaan karakter morfologi dan meristik. Pengelompokan dilakukan berdasarkan jenis kelamin pada sampel. Perbedaan antara sampel jantan dan betina didasarkan pada ukuran badan (SVL), jarak antara kedua mata (IN), diameter mata (Eye-D), lebar kepala (Head-W), dan jarak antara hidung sampai ke mata (Nar-Eye).

Karakter morfologi akan memberikan data pendukung dalam suatu analisis karena setiap spesies memiliki karakter morfologi khusus yang berbeda antara satu dengan yang lainnya dan mampu menjadi pembanding suatu individu dari tingkat Genus dalam suatu spesies. Oleh sebab itu, data morfologi sangat dibutuhkan untuk menjadi penguat data molekuler dalam suatu analisis sehingga akan menghasilkan nilai kevalidan yang lebih signifikan. Selain karakter morfologi, karakter meristik yang meliputi pengukuran panjang dan lebar suatu spesies juga dapat dijadikan suatu acuan dalam analisis morfologi karena metode ini pernah digunakan dan menjadi data primer atau data utama sebelum ditemukannya metode analisis secara molekuler (Patel dkk., 2016).

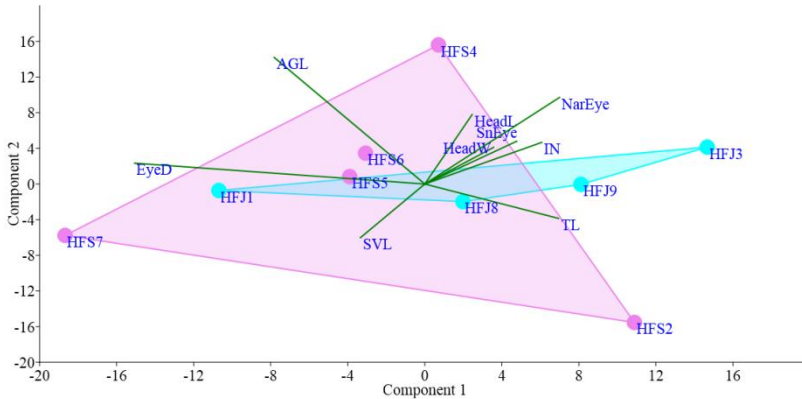
Secara umum karakter meristik yang dianalisis dalam suatu Genus *Hemidactylus* beraneka ragam, tergantung dari spesies yang dianalisis. Karakter meristik dapat dianalisis dengan menggunakan program *PAST* untuk menghasilkan data *Principal Component Analysis (PCA)*. Data PCA memberikan suatu penjelasan mengenai perbedaan secara morfologi dan meristik dari setiap spesies yang dianalisis (Patel dkk., 2016). Secara keseluruhan banyak sekali karakter yang dapat dijadikan acuan dalam identifikasi secara morfologi dan meristik, namun terdapat karakter khusus yang biasanya akan muncul secara signifikan dan mampu dijadikan karakter pembeda berdasarkan hasil analisis PCA (Patel dkk., 2016).



Gambar 9. Hasil PCA *H. frenatus* betina. Keterangan: HFS1=*H. frenatus*, Sumatra; HFS2=*H. frenatus*, Sumatra; HFS3=*H. frenatus*, Sumatra; HFS4=*H. frenatus*, Sumatra; HJS5=*H. frenatus*, Jawa

Berdasarkan hasil PCA pada individu cicak pohon betina berjumlah lima individu, yaitu *H. frenatus*. Garis warna biru menandakan sampel yang dikoleksi dari Pulau Sumatra berjumlah empat individu, sedangkan garis warna ungu menunjukkan sampel yang dikoleksi dari Pulau Jawa yang berjumlah satu individu. Hasil tersebut menunjukkan bahwa sampel yang berasal dari Sumatra mengelompok dengan sampel dari Sumatra dengan kode sampel yaitu HFS1, HFS2, HFS3, dan HFS4. Sampel dengan kode HFS2 yaitu *Hf* yang berasal dari Lampung dengan sampel HFS4 yang berasal dari Aceh memiliki hubungan korelasi positif, hal tersebut dapat diketahui dari hasil PCA yang ditunjukkan oleh adanya persamaan karakter ukuran panjang dari hidung sampai mata (Nar-Eye), ukuran panjang dari ujung mulut sampai mata (Sn-Eye), ukuran panjang total dari ujung mulut sampai pangkal ekor (TL), ukuran panjang kepala (Head-L) dan ukuran panjang dari ujung mulut sampai bagian anus (SVL) (Gambar 9). Sedangkan sampel HFJ5 dengan HFS4 berdasarkan PCA memiliki perbedaan garis yang sangat jelas, hal tersebut disebabkan oleh adanya perbedaan lokasi yang sangat signifikan yaitu sampel *Hemidactylus frenatus* (HFS4) dari wilayah Banda Aceh, Aceh dan sampel *Hemidactylus*

*frenatus* (HFJ5) dari wilayah Malang, Jawa Timur. Namun, sampel HFS1, HFS3, dan HFJ5 memiliki persamaan dari karakter diameter mata (Eye-D) (Gambar 9).



Gambar 10. Hasil PCA *Hemidactylus frenatus* jantan. Keterangan: HFJ1=*H. frenatus*, Jawa; HFS2=*H. frenatus*, Sumatra; HFJ3=*H. frenatus*, Jawa; HFS4=*H. frenatus*, Sumatra; HFS5=*H. frenatus*, Sumatra; HFS6=*H. frenatus*, Sumatra; HFS7=*H. frenatus*, Sumatra; HFJ8=*H. frenatus*, Jawa; HFJ9=*H. frenatus*, Jawa

Berdasarkan hasil PCA pada individu cicak pohon jantan berjumlah sembilan individu, yaitu *H. frenatus*. Garis warna biru menandakan sampel yang dikoleksi dari Pulau Jawa berjumlah empat individu, sedangkan garis warna ungu menunjukkan sampel yang dikoleksi dari Pulau Sumatra yang berjumlah lima individu. Hasil tersebut menunjukkan bahwa sampel yang berasal dari Jawa dan Sumatra memiliki kesamaan satu dengan yang lain, hal tersebut dapat diketahui dari sampel *H. frenatus* dari Jawa (HFJ1) dan *H. frenatus* dari Sumatra (HFS7) yang memiliki karakter sama, yaitu diameter mata (Eye-D) dan jarak antara ketiak tangan sampai ketiak kaki (AGL) (Gambar 10). Kemudian, sampel HFS7 dan HFJ3 terlihat nyata perbedaan berdasarkan letak wilayah yang sangat jelas, yaitu sampel *H. frenatus* dari Jawa, khususnya wilayah Cilacap, Jawa Tengah dan sampel *H. frenatus* dari Sumatra yaitu wilayah Kuala

Tungkal, Jambi. Namun, dari seluruh sampel yang berasal dari Pulau Jawa, sampel HFJ3 yang berasal dari Cilacap, Jawa Tengah, memiliki perbedaan dengan sampel HFJ1 yang berasal dari Bondowoso, Jawa Timur (Gambar 10). Sedangkan dari seluruh sampel yang berasal dari Pulau Sumatra sampel HFS7 dari Kuala Tungkal, Jambi memiliki perbedaan dengan sampel HFS2 dari Dumai, Riau dan cenderung memiliki persamaan kedekatan dengan sampel HFJ3 yang berasal dari Cilacap, Jawa Tengah berdasarkan karakter ukuran panjang dari ujung mulut sampai pangkal ekor (TL).

#### **4.3 Hubungan Kekerabatan Genus *Hemidactylus* dari Jawa dan Sumatra Berdasarkan Analisis Gen ND4**

Hasil *alignment* dari konstruksi pohon filogenetik dilakukan pada 19 sekuen *Hemidactylus* dan dua sekuen *outgroup* dengan panjang 590 bp setelah *gap* pada posisi kanan dan kiri dihapus menggunakan software Mega 7. Rekonstruksi pohon filogenetik dilakukan dengan tiga analisis, yaitu *Maximum likelihood* (ML), *Maximum Parsimony* (MP) dan *Bayesian Inference* (BI). Hasil dari ketiga analisis tersebut menunjukkan topologi pohon yang sama, sehingga dapat direkonstruksi menjadi satu pohon filogenetik. Namun, pada beberapa percabangan memiliki nilai dukungan *bootstrap* yang tidak valid. Berdasarkan hasil pohon filogenetik yang terbentuk, terdapat tiga *clade* utama, yaitu *clade* A, B, dan C. Nilai disetiap cabang pohon filogenetik, didasarkan pada nilai *bootstrap Maximum likelihood Bootstrap* (MLBS), *Maximum Parsimony Bootstrap* (MPBS), dan *Bayesian Posterior Probabilty* (BPP).

Menurut Huelsenbeck & Hillis (1993), sebuah pohon filogeni memiliki percabangan yang valid apabila didukung dengan *bootstrap* lebih dari 70 untuk MLBP dan MPBP, serta lebih dari 95 untuk analisis BPP. Nilai *bootstrap* yang muncul pada tiga pohon filogenetik didasarkan pada uji statistik yang berbeda, namun berdasarkan kesamaan dan perbedaan genetik antar spesies. Hasil analisis *maximum likelihood*, *maximum parsimony* dan *bayessian inference* dapat ditinjau pada topologi satu pohon filogenetik *Hemidactylus* (Gambar 15).

*Clade* A dan *clade* B merupakan kelompok monofiletik yang ditunjukkan dengan nilai *bootstrap* MLBS/MPBS/BPP (81/85/100) (Gambar 15). *Clade* A merupakan kelompok spesies *Hemidactylus frenatus* dari sebagian Sumatra dan Jawa yang mengelompok dengan

spesies *Hemidactylus frenatus* dari China. *Clade B* merupakan kelompok *Hemidactylus platyurus* dari Filipina, *Hemidactylus brooki* dari Sri Lanka, *Hemidactylus garnotii* dari Myanmar dan *Hemidactylus* sp. dari China. *Clade C* merupakan spesies *outgroup* yaitu *Gekko gecko* yang berasal dari China dan *Cyrtodactylus marmoratus* yang berasal dari Jawa Barat, keduanya masih dalam satu famili Gekkonidae dengan *Hemidactylus frenatus*. Selain itu, berdasarkan *uncorrected p-distance* perbedaan genetik antara dua spesies yaitu *Hemidactylus* dengan *outgroup* sekitar 39-46 %.

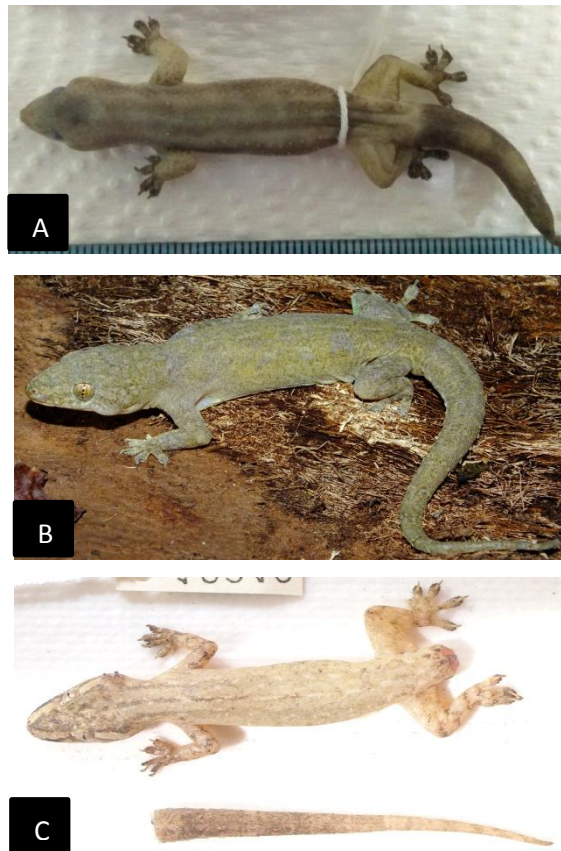
#### 4.3.1 *Clade A*

*Clade A* terdiri atas spesies *Hf* yang berasal dari Jawa, Sumatra, dan China meliputi wilayah Bondowoso, Malang, Riau, Sumatra Selatan, Mojokerto, Lampung, Cilacap, Aceh, Jambi, dan China. *Clade A* didukung dengan hasil analisis MLBS/MPBS/BPP (99/100/100) yang menunjukkan bahwa *clade* ini memiliki hasil nilai topografi yang sangat valid. Nilai *bootstrap* pada cabang pohon filogenetik yang mencapai >70 % dianggap signifikan, sedangkan antara 50-70% dianggap sebagai tendensi, sedangkan analisis BI dengan nilai >95% pada cabang BPP dianggap signifikan. *Hemidactylus brooki* (Sri Lanka) merupakan *sister lineage* dari spesies *Hemidactylus frenatus* Jawa, Sumatra, dan China (Gambar 15).

*Clade A* mempunyai dua *subclade*, yaitu *subclade I* dan *II*. *Subclade I* dan *Subclade II* mempunyai hubungan parafiletik, karena tidak memiliki satu nenek moyang yang sama. Hasil tersebut juga didukung dengan hasil *bootstrap* yang rendah. *Subclade I* merupakan spesies *Hf* yang berasal dari Jawa, Sumatra dan China. *Clade I* didukung dengan hasil analisis MLBS/MPBS/BPP (97/100/95). *Clade I* tergolong *clade* yang politomi terdiri dari spesies *Hf* dari Bondowoso, *Hf* dari Malang, *Hf* dari Riau, *Hf* dari Sumatra Selatan (1), *Hf* dari Sumatra Selatan (2), *Hf* dari Sumatra Selatan (3), *Hf* dari Mojokerto (2), *Hf* dari Lampung (3), dan *Hf* dari China. Berdasarkan analisis *p-distance*, semua spesies *Hemidactylus frenatus* dari Bondowoso, Malang, Riau, Sumatra Selatan, Mojokerto, Lampung dan China berkerabat dekat dengan nilai (*p-distance* = 0,00). Oleh sebab itu, kesembilan spesies *Hemidactylus frenatus* tersebut sangat berkerabat dekat dan masih dalam satu spesies karena memiliki nilai



$p < 0,05$  dengan hasil *bootstrap* MPBS/MLBS/BPP (97/100/95) (Gambar 15).



(Dokumentasi Pribadi ENS, 2017)

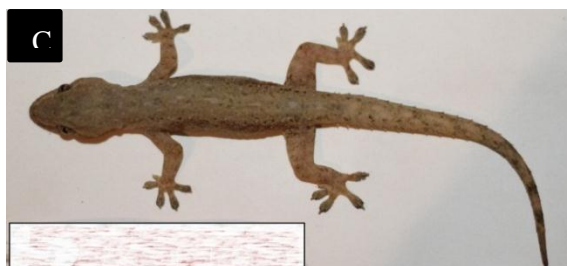
Gambar 11. Spesies *Hemidactylus frenatus* betina. Keterangan: A. Malang; B. Lampung; C. Aceh

Menurut Carranza & Arnold (2006), kelompok *Hemidactylus* merupakan suatu Genus yang paling mendominasi dari Famili Gekkonidae, dan spesies *H. garnotii*, *H. frenatus*, *H. turcicus*, dan *H. mabouia* adalah kelompok spesies yang paling banyak tersebar luas secara merata di hampir seluruh wilayah di Asia (Gambar 12).

Distribusi Genus *Hemidactylus* yang luas ini sangat mempengaruhi perkembangan dan kelangsungan proses adaptasi spesies dalam Genus secara terbatas dengan pembagian rentang wilayah yang sangat terbatas (Gambar 11). Secara umum, kelompok *Hf* memiliki distribusi persebaran yang sangat luas, yaitu hampir di seluruh wilayah daratan Asia dan wilayah tropis, seperti Indonesia (Gambar 12). Hal tersebut menyebabkan persebaran dan jarak genetisnya cenderung sangat rendah antara satu wilayah dengan wilayah lain (Boulenger, 1890). Hasil tersebut menunjukkan bahwa penelitian ini mendukung penelitian sebelumnya yang menyatakan bahwa persebaran *Hf* memiliki cakupan wilayah yang sangat luas, yaitu hampir di seluruh daratan Asia Tropis.

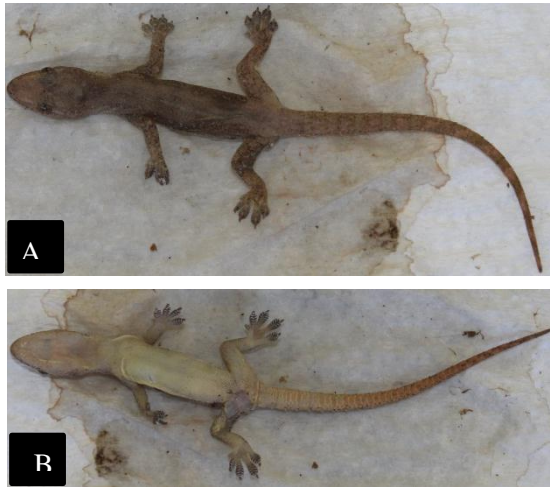
Subclade II terdiri atas spesies *Hemidactylus frenatus* yang berasal dari Jawa dan Sumatra, meliputi *Hf* dari Aceh, *Hf* dari Cilacap, *Hf* dari Lampung (1), *Hf* dari Lampung (2), *Hf* dari Jambi, dan *Hf* dari Mojokerto (1). Subclade II terbagi lagi menjadi Ila dan Iib. Adapun kelompok Ila dan Iib mempunyai hubungan monofiletik, namun hanya didukung dengan nilai *bootstrap* MLBS/MPBS/BPP (-/100/71). Nilai *bootstrap* pada cabang pohon filogenetik mencapai >70%, sehingga dikategorikan sudah signifikan (Leache & Reeder, 2002 dalam Matsui dkk., 2010; Knowles & Carstens, 2007).

Carranza & Arnold (2006), menunjukkan bahwa spesies *Hf* dari Asia merupakan anggota kelompok dari Genus *Hemidactylus* di wilayah Asia tropis berdasarkan *clade* yang terbentuk. *Hf* berada pada *subclade* yang sama dengan *H. Brooki* dan *H. Flaviridi*. Hasil tersebut didukung oleh beberapa karakter morfologi yang identik diantara spesies tersebut. Zug dkk. (2007) dan Bauer dkk. (2010) memberikan penjelasan bahwa hubungan terdekat spesies *Hf* dalam kelompok *Gekko* cenderung mengelompok dengan *clade Hemidactylus* terrestrial, termasuk *H. platyurus*, *H. brooki*, *H. bowringi*, dan *H. albofasciatus* yang berasal dari Semenanjung Malaysia, Myanmar, Kalimantan, dan Sri Lanka.



(Dokumentasi Pribadi ENS, 2017)

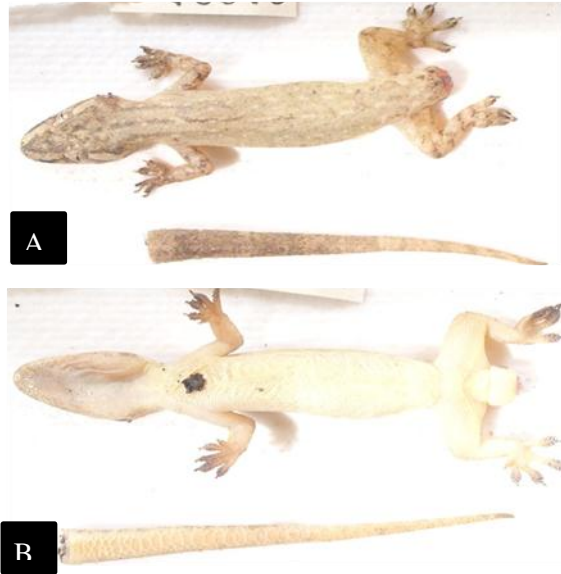
Gambar 12. Spesies *Hemidactylus frenatus* jantan. Keterangan: A. Bondowoso; B. Cilacap; C. Riau; D. Sumatra Selatan



(Dokumentasi Pribadi ENS, 2017)

Gambar 13. Spesies *Hemidactylus frenatus* dari Cilacap. Keterangan:  
A. bagian dorsal; B. Bagian ventral

Sub-kelompok IIa terdiri dari spesies *Hf* dari Lampung1, *Hf* Lampung2, *Hf* dari Jambi, dan *Hf* dari Mojokerto1. Berdasarkan analisis *p-distance*, spesies *Hemidactylus frenatus* yang berasal dari Lampung (1) dan Mojokerto (1) berkerabat dekat dengan nilai *p-distance* 0,01 dan didukung dengan nilai *bootstrap* MLBS/MPBS/BPP (76/84/97). *Hemidactylus frenatus* yang berasal dari Lampung (2) dan Jambi juga menunjukkan hubungan kekerabatan yang dekat dan masih dalam satu spesies (*p-distance* = 0,00-0,01). *Hemidactylus frenatus* yang berasal dari Lampung (1) dan Jambi berkerabat dekat dan masih dalam satu spesies (*p-distance* = 0,00). *Hemidactylus frenatus* (Lampung1) merupakan *sister lineage* dari ketiga spesies tersebut dengan nilai *p-distance* = 0,00 yang masih berkerabat dalam satu spesies (MPBS/MLBS/BPP = 56/70/88). Seluruh spesies dalam sub kelompok IIa berkerabat dekat dan masih dalam satu spesies (*p-distance* < 0,05). Sehingga terdapat kemungkinan mempunyai ciri-ciri morfologi yang sama.



(Dokumentasi Pribadi ENS, 2017)

Gambar 14. Spesies *Hemidactylus frenatus* dari Aceh. Keterangan: A. bagian dorsal; B. Bagian ventral

Dua spesies dalam sub kelompok IIb yaitu *Hf* dari Aceh dan *Hf* dari Cilacap cenderung berkerabat dekat dan masih berada dalam satu spesies ( $p$ -distance < 0,05), meskipun tidak didukung dengan nilai *bootstrap* yang signifikan MLBS/MPBS/BPP (-/53/69). Tapi, masih terdapat kemungkinan bahwa spesies yang berasal dari dua wilayah yang berbeda tersebut mempunyai ciri-ciri morfologi dan meristik yang mirip (Gambar 13 & 14).

#### 4.3.2 Clade B

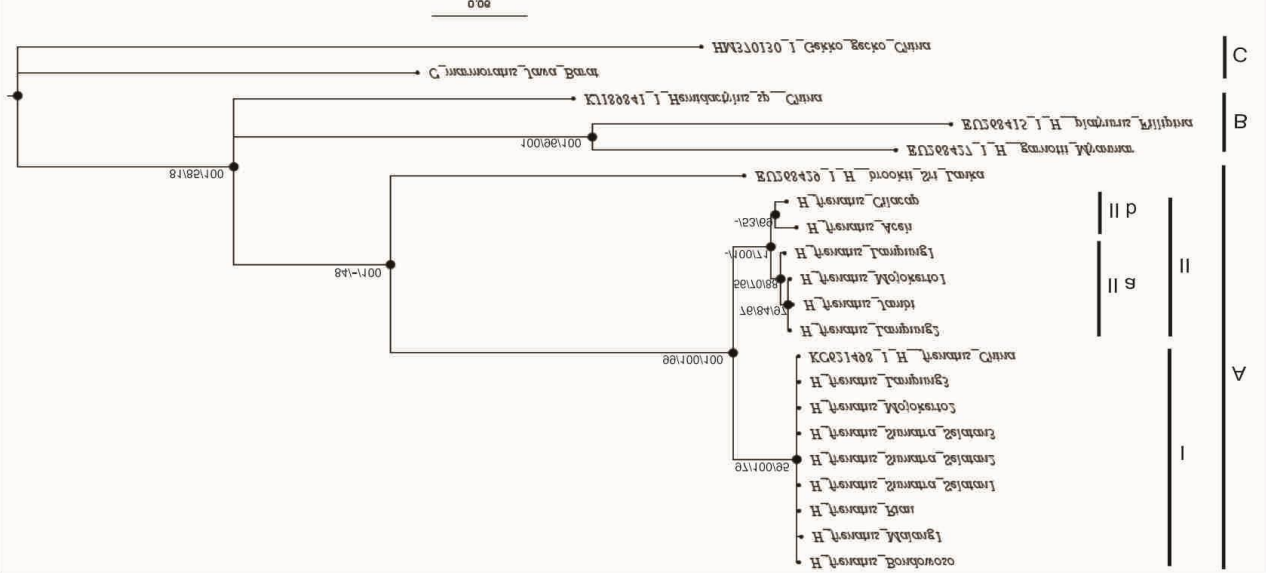
*Clade B* merupakan sampel Genus *Hemidactylus* yang dikoleksi dari *Genbank* NCBI, terdiri atas *H. garnotii* yang berasal dari Myanmar, *H. platyurus* dari Fillipina, dan *Hemidactylus* sp. dari China. Dua spesies dari *clade B* yaitu *Hg* dan *Hp* merupakan spesies yang berbeda jauh, hal tersebut ditunjukkan dengan nilai  $p$ -distance < 0,05, yaitu sebesar 34%. Hasil tersebut juga didukung dengan nilai *bootstrap* yang signifikan yaitu MPBS/MLBS/BPP (100/96/100). *Hemidactylus* sp. (China) merupakan *sister lineage* dari spesies *Hg*

dan *Hp* yang ditunjukkan dengan nilai *p*-distance yang sangat jauh antara *Hemidactylus* sp. dengan *H. platyurus* sebesar 41% dan antara *Hemidactylus* sp. dengan *H. garnotii* sebesar 39% (Gambar 15).

Tiga spesies utama yang memiliki persebaran sangat merata di daratan Asia tropis adalah *H. bowringii*, *H. brooki*, dan *H. platyurus*. Secara umum ketiga kelompok spesies tersebut pada dasarnya mengelompok pada wilayah Asia Timur dan memiliki nama yang masih konsisten hingga saat ini (Boulenger, 1890). Akan tetapi, *H. bowringii* diperkirakan memiliki peta persebaran yang sangat terbatas dibandingkan dengan dua spesies yang lain, yaitu mengalami persebaran dari Cina Selatan Indochina Timur, Taiwan, dan Ryukus (McMahan & Zug, 2007).

Penggabungan antara data morfologi dan molekuler menunjukkan bahwa sampel *Hemidactylus frenatus* dari Sumatra dan *Hemidactylus frenatus* dari Jawa memiliki kesamaan secara genetik yang ditunjukkan dengan hasil pohon filogenetik dan nilai jarak genetik yang tidak terlalu jauh berbeda, namun secara morfologi memiliki perbedaan dari segi sisik dagu dan kloaka. Hal tersebut dipengaruhi oleh adanya faktor eksternal berupa lingkungan yang mengakibatkan spesies tersebut harus melakukan adaptasi dengan lingkungan barunya dan faktor internal yaitu peristiwa polimorfisme, ekspresi gen, dan epigenetik. Menurut (Allis dkk., 2007) membuktikan bahwa peristiwa epigenetik merupakan salah satu proses terjadinya perubahan fenotip atau ekspresi gen yang disebabkan oleh adanya mekanisme selain perubahan sekuen DNA, hal tersebut sangat berpengaruh terhadap bentuk dan struktur morfologi dari suatu organisme, namun secara genetik tidak memiliki perbedaan yang sangat signifikan atau dapat dikatakan masih dalam satu kelompok organisme atau spesies yang sama.

PPB = Pterodon pterodroma  
MFBP = Maximum Parsimony  
qststooD boorliiklI tumikakM =  
PPBVMPPBPPBPPB



Gambar 15. Filogram Maximum likelihood, Maximum Parsimony dan Bayesian Inference berdasarkan Gen ND4 di Jawa dan Sumatra

#### 4.4 *P-Distance* dari Genus *Hemidactylus* berdasarkan Wilayah Persebaran

*P-distance* yang dihasilkan berdasarkan hasil *alignment* menunjukkan bahwa sampel yang berada pada *clade* A (Gambar 15) memiliki jarak genetik yang tidak terlalu jauh, yaitu antara 1-6%. *Clade* A dibagi menjadi sub*clade* I yaitu sampel *Hf* dari Bondowoso, Lampung, Riau, Sumatra Selatan, Mojokerto, Malang, dan China. Sub*clade* II terdiri atas sampel *Hf* dari Aceh, Lampung, Jambi, Mojokerto, dan Cilacap yang memiliki jarak genetik sebesar 6%. Nilai *p-distance* tersebut menunjukkan bahwa sampel tersebut masih dalam spesies yang sama yaitu *H. frenatus*. Menurut Lemey dkk. (2009), nilai *p-distance* pada kelas reptil sebesar 15-17 % dengan menggunakan sekuen gen ND4 sudah dapat dinyatakan sebagai spesies baru atau berbeda spesies.

Sub*clade* I, yaitu sampel *Hf* dari Bondowoso, Lampung3, Riau, Sumatra Selatan2, Sumatra Selatan 1, Mojokerto2, Sumatra Selatan3, Malang dan China menghasilkan nilai jarak genetik yang relatif sama, yaitu sebesar 0% atau tidak mengalami perubahan berdasarkan genetik dan cenderung konstan, sehingga dimasukkan dalam spesies *H. frenatus*. Sub*clade* II, yaitu sampel *Hf* yang berasal dari Lampung, Jambi, Mojokerto1, Lampung1, Aceh, dan Cilacap menghasilkan jarak genetik yang bervariasi yaitu antara 0-1%, sehingga masih dikategorikan dalam spesies *Hf*.

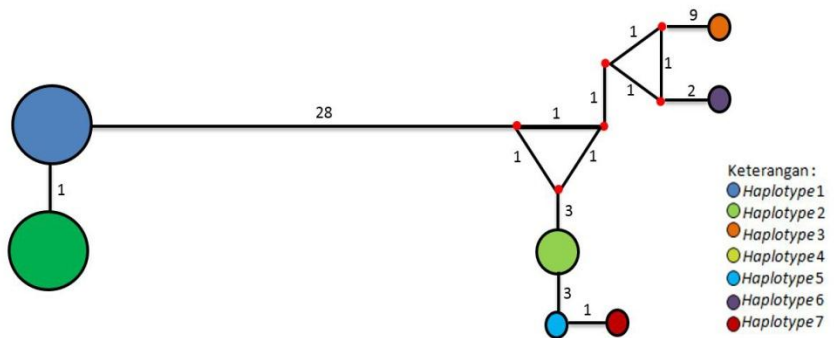
Sub*clade* II dikelompokkan menjadi kelompok IIa, yaitu sampel *Hf* yang berasal dari Lampung, Jambi, dan Mojokerto, dan IIb yaitu sampel *Hf* yang berasal dari Aceh dan Cilacap, menghasilkan jarak genetik sebesar 1%. Sub*clade* IIa sendiri terdiri atas spesies *Hf* karena tidak mengalami variasi secara genetik atau konstan, yaitu *P*-0,00. Sedangkan kelompok sub*clade* IIb, yaitu *Hf* dari wilayah Aceh dan Sumatra memiliki jarak genetik yang sangat rendah, yaitu *P*-0,01, sehingga mengalami variasi genetik yang rendah. Salah satu faktor yang menyebabkan jarak genetik sangat rendah dipengaruhi oleh beberapa faktor salah satunya adalah gen ND4 yang bersifat tidak *conserve* atau sulit mengalami mutasi secara genetik (Avice, 1994; Knowles, 2001).

#### 4.5 *Haplotype* Genus *Hemidactylus*

Berdasarkan analisis distribusi *haplotype* menghasilkan jumlah *haplotype* yang terbentuk dari spesies *Hf* sebanyak tujuh (h:7),



dengan nilai diversitas *haplotype* sebesar 72,38% (Hd:0,7238). *Haplotype* 1 terdiri atas spesies *Hf* dari Sumatra Selatan1, Sumatra Selatan2, Sumatra Selatan3 dan Riau. *Haplotype* 2 terdiri atas spesies *Hf* dari Malang, Bondowoso, Mojokerto1, dan Mojokerto2. *Haplotype* 3 merupakan spesies *Hf* dari Aceh. *Haplotype* 4 merupakan *Hf* dari Lampung1 dan Lampung3. *Haplotype* 5 merupakan *Hf* dari Lampung2 (Gambar 16). *Haplotype* 6 merupakan *Hf* dari Cilacap dan *Haplotype* 7 adalah sampel *Hf* dari Jambi. Pembagian setiap *Haplotype* berdasarkan dari seberapa besar perbedaan basa yang dimiliki oleh suatu spesies yang didasarkan pada jarak genetik yang dihasilkan. Semakin berbeda suatu spesies atau Genus, maka akan semakin tinggi perbedaan basa yang dimiliki oleh suatu kelompok spesies tersebut (Smid dkk., 2015).



Gambar 16. Jaringan parsial *haplotype network Hemidactylus frenatus*

*Haplotype* 1, terdiri atas *Hf* Sumatra Selatan1, Sumatra Selatan2, Sumatra Selatan3 dan Riau, menghasilkan perbedaan jumlah basa yang sangat jauh dengan *haplotype* 3, yaitu *Hf* dari Aceh sebesar 39 basa yang berbeda. Di sisi lain, *haplotype* 1 memiliki perbedaan jumlah basa yang sangat sedikit dengan *haplotype* 2, yaitu *Hf* dari Malang, Bondowoso, Mojokerto1, dan Mojokerto2 sebesar 1 pada nomor basa ke 578 (Gambar 16). Peristiwa tersebut terjadi dikarenakan letak suatu *barrier* wilayah yang sangat jauh akan mempengaruhi kondisi fisiologis dan molekuler suatu spesies (Smid dkk, 2015). Oleh sebab itu, spesies *Hf* dari *haplotype* 1 cenderung

memiliki perbedaan yang sangat besar dengan *haplotype* 3 (Gambar 16).

Hubungan silsilah dari *H. frenatus* dianalisis dengan menggunakan marker DNA ND4 dan selanjutnya dikonstruksi dengan *Haplotype Network*. Posisi heterozigous diidentifikasi berdasarkan adanya dua kelompok *haplotype* puncak dengan ketinggian yang kira-kira sama pada lokasi nukleotida tunggal di kedua untaian. *Haplotype* disimpulkan dengan menggunakan FASE v.2.1 (Stephens dkk., 2001) dengan nilai ambang batas probabilitas ditetapkan menjadi 0,7, kemudian digunakan SeqPHASE untuk mengubah input data dan file output (Flot, 2010).

#### **4.6 Zoogeografi Genus *Hemidactylus***

*Hemidactylus frenatus* merupakan salah satu dari sekian banyak spesies dari famili gekkonidae yang memiliki wilayah persebaran sangat luas, yaitu hampir menyeluruh di wilayah Asia tropis (Gambar 17). Genus ini cenderung aktif di malam hari atau bersifat nokturnal. Distribusi Genus *Hemidactylus* (Kluge, 1969) saat ini diwakili oleh 127 spesies (Uetz, 2016) yang tersebar merata di daerah tropis dan subtropis meliputi Afrika, Asia, Amerika Utara, Amerika Selatan, Karibia, dan Eropa Mediterania (Bauer dkk., 2010) (Gambar 17). Mengingat plastisitas adaptif, yaitu kemampuan *H. frenatus* untuk menyesuaikan dengan lingkungan baru sangat tinggi, menyebabkan spesies ini dengan mudah tersebar di seluruh wilayah melalui agen manusia, termasuk juga spesies *H. brooki*, *H. garnotii*, *H. mabouia*, *H. platyurus*, dan *H. turcicus* (Carranza & Arnold, 2006). *H. frenatus* merupakan salah satu spesies yang memiliki distribusi terluas dibandingkan spesies lain dalam Genus yang sama.

Berdasarkan hal tersebut, lima spesies yang terdistribusi secara luas di Belahan Timur dan Barat, meskipun memiliki variasi bentuk dan ukuran, namun masih berada dalam Genus *Hemidactylus*. Analisis secara kariotip dan molekuler menunjukkan bahwa spesies ini masih samar dalam taksa *H. bowringii*, *H. brookii*, *H. Frenatus*, *H. garnotii*, dan *H. platyurus* (McMahan & Zug, 2007; Lajmi dkk., 2016). Banyak spesies *Hemidactylus* yang telah diketahui mengalami introduksi dari habitat aslinya yang disebabkan oleh aktifitas manusia. Setidaknya sudah terdapat sembilan spesies yang secara efektif mampu beradaptasi dengan habitat barunya (Carranza & Arnold, 2006; Bauer dkk., 2010).

Berdasarkan geologi menunjukkan bahwa kelompok dari cicak pohon, terutama empat spesies *H. brooki*, *H. parvimaclatus*, *H. frenatus*, *H. flaviridis*, berasal dari anak benua India (Gambar 17). *Common House Gecko* atau *Hf* berasal dari Asia Selatan dan Asia Tenggara serta Kepulauan Indo-Australia, namun telah diperkenalkan sebelumnya (Bauer, 1994). Sampai saat ini, persebaran *Hf* telah mencakup wilayah bagian dari Afrika Timur, Madagaskar, Hawaii, Meksiko, Amerika Tengah dan Amerika Serikat. Tapi, sangat sedikit yang mengetahui tentang distribusi dari spesies ini pada habitat aslinya dan ditambahkan dengan ketidakpastian mengenai status taksonomi menyebabkan terbatasnya pengetahuan terkait zoogeografi dari *Hf*.

Berdasarkan analisis terbaru mengungkapkan bahwa *Hf* termasuk ke dalam kelompok Genus yang berada pada *clade* Asia Tropis. Hasil tersebut ditunjukkan dengan variabilitas genetik yang tinggi dalam populasi yang berbeda, sehingga dapat dikategorikan sebagai spesies kompleks. Data yang telah ada membuktikan bahwa di India, spesies *Hf* yang didefinisikan saat ini telah tercatat sebagai spesies yang berasal dari negara bagian Selatan dan Timur India (Srinivasaulu dkk., 2014).



Gambar 17. Peta persebaran spesies *Hemidactylus frenatus* di wilayah Asia tropis