

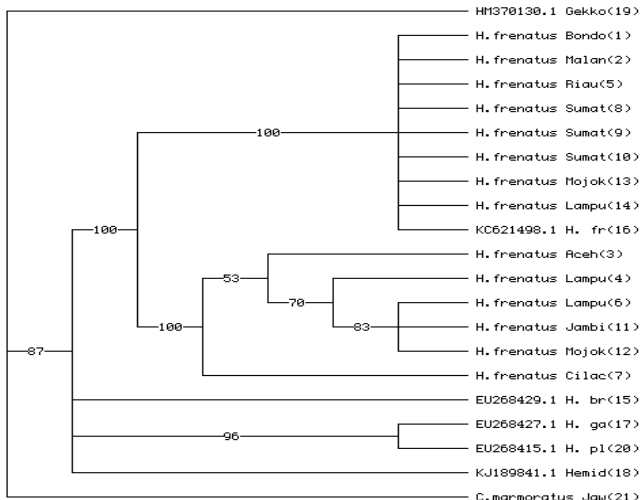
LAMPIRAN

Lampiran 1. Hasil alignment sekuen



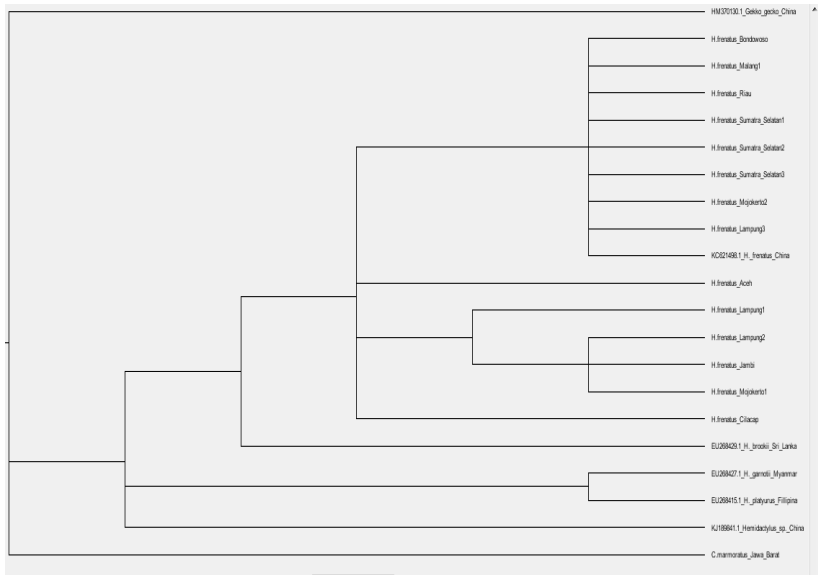
LG18. Hasil alignment sekuen dengan program *Mega 7.0*

Lampiran 2. Hasil rekonstruksi pohon filogenetik *Maximum Parsimony*



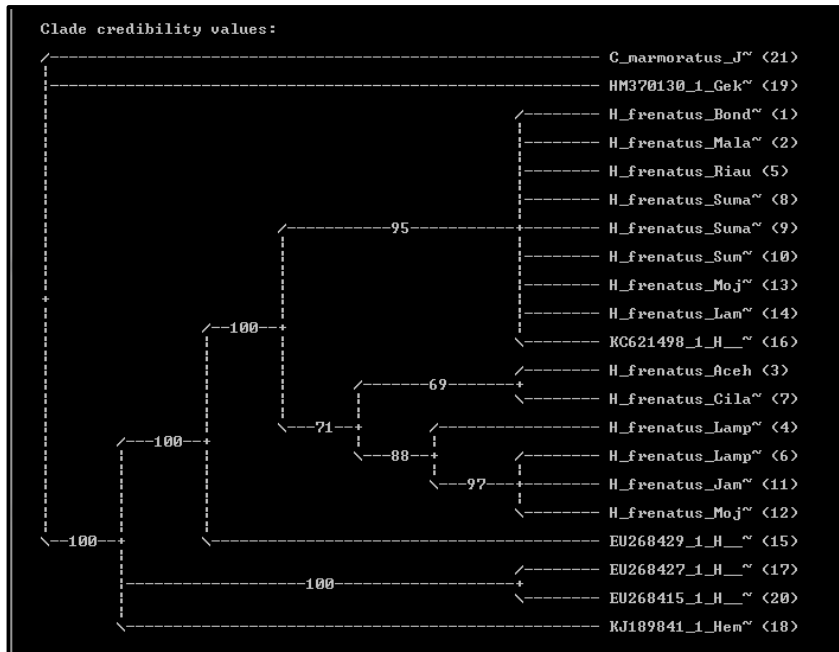
LG19. Rekonstruksi pohon filogenetik *Maximum Parsimony* (*bootstrap*) dengan menggunakan program *PAUP*4.0b10*

Lampiran 3. Hasil rekonstruksi pohon filogenetik *Maximum Likelihood*



LG20. Rekonstruksi pohon filogenetik *Maximum Likelihood* (tanpa *bootstrap*) dengan menggunakan program *PAUP*4.0b10*

Lampiran 4. Hasil rekonstruksi pohon filogenetik *Bayesian*



Inference

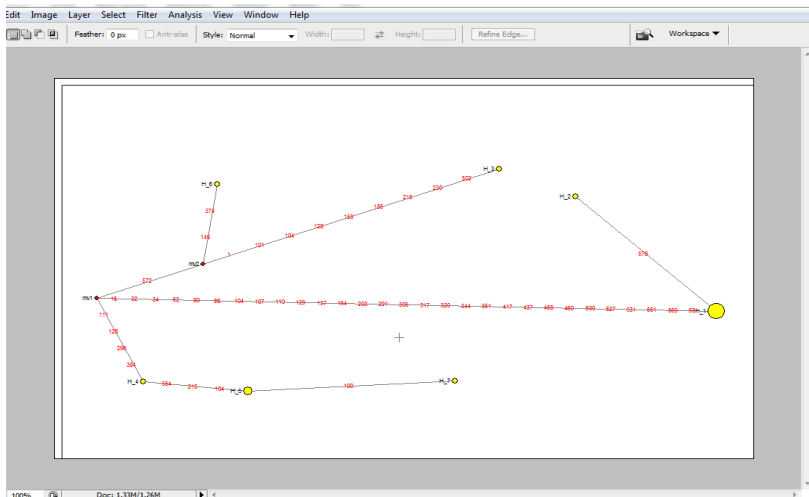
LG21. Rekonstruksi pohon filogenetik *Bayesian Inference* dengan program *Mr. Bayes*

Lampiran 5. Nilai *p*-distance (Pairwise Distance)

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	
1																							
2			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19		
3	1	H.frenatus_Bondowoso																					
4	2	H.frenatus_Lampung3	0.00																				
5	3	H.frenatus_Rias	0.00	0.00																			
6	4	H.frenatus_Sumatra_Selatan2	0.00	0.00	0.00																		
7	5	KC621498.1_H.frenatus_China	0.00	0.00	0.00	0.00																	
8	6	H.frenatus_Sumatra_Selatan1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00																
9	7	H.frenatus_Mojokerto2	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00															
10	8	H.frenatus_Sumatra_Selatan3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00														
11	9	H.frenatus_Malang1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00													
12	10	H.frenatus_Aceh	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06												
13	11	H.frenatus_Lampung2	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.01											
14	12	H.frenatus_Cilacap	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.01	0.01									
15	13	H.frenatus_Lampung1	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.01	0.00	0.01								
16	14	H.frenatus_Jambi	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.01	0.00	0.01	0.00							
17	15	H.frenatus_Mojokerto1	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.01	0.00	0.01	0.00	0.00						
18	16	EU268429.1_H_brooki_Sri_Lanka	0.34	0.34	0.34	0.34	0.34	0.34	0.34	0.34	0.34	0.35	0.34	0.33	0.34	0.33	0.33	0.33					
19	17	KJ1898411_Hemidactylus_sp_China	0.36	0.36	0.36	0.36	0.36	0.36	0.36	0.36	0.36	0.40	0.41	0.39	0.40	0.41	0.41	0.41	0.33				
20	18	C.marcoratus_Jawa_Barat	0.39	0.39	0.39	0.39	0.39	0.39	0.39	0.39	0.39	0.41	0.42	0.42	0.41	0.42	0.42	0.42	0.44	0.44			
21	19	EU268415.1_H_platyurus_Filipina	0.41	0.41	0.41	0.41	0.41	0.41	0.41	0.41	0.41	0.40	0.40	0.40	0.39	0.40	0.40	0.37	0.41	0.48			
22	20	EU268427.1_H_garnoti_Myanmar	0.43	0.43	0.43	0.43	0.43	0.43	0.43	0.43	0.43	0.44	0.45	0.43	0.44	0.45	0.45	0.42	0.39	0.42	0.34		
23	21	HM370130.1_Gekko_gecko_China	0.46	0.46	0.46	0.46	0.46	0.46	0.46	0.46	0.47	0.47	0.46	0.47	0.46	0.46	0.46	0.45	0.44	0.55			

LG22. Nilai *p*-distance (Pairwise Distance) Genus *Hemidactylus* dengan menggunakan program *Mega 7.0*.

Lampiran 6. Hasil *Haplotype Network Hemidactylus frenatus*



LG23. *Haplotype Network Hemidactylus frenatus* di Jawa dan Sumatra