

Pengaruh Isolasi Pulau Terhadap Morfologi, Evolusi, dan Biogeografi Genus *Bronchocela* Kaup, 1827 (Reptilia: Agamidae) di Indonesia = Island Isolation Effect on Morphology, Evolution, and Biogeography of the Genus *Bronchocela* Kaup, 1827 (Reptilia: Agamidae) in Indonesia

Amarasinghe Achchige Thasun, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920540943&lokasi=lokal>

Abstrak

Isolasi merupakan faktor utama dalam biogeografi pulau, disini kami mencoba memahami fenomena filogeografi kelompok londok pohon Asia Tenggara yaitu genus *Bronchocela* di Kepulauan Indonesia dengan dukungan data morfologi (ukuran tengkorak), molekuler (DNA mitokondria dan inti) dan data evolusi. Genus *Bronchocela* kosmopolit, morfologi sangat bervariasi tersebar dan terisolasi di hutan yang terfragmentasi di kepulauan Indonesia. Variasi yang kompleks pada genus ini menyebabkan kesulitan dalam penentuan batas spesies dengan jelas. Sebanyak 520 individu spesimen koleksi museum telah diperiksa untuk diuji mengenai dampak isolasi pulau secara geografis terhadap struktur morfologi populasi. Uji statistic dilakukan dengan menggunakan analisis univariat dan multivariat. Sejauh ini baru diketahui hanya empat spesies yang teridentifikasi di wilayah Indonesia, setelah dilakukannya penelitian ini setidaknya teridentifikasi menjadi enam spesies. Rekonstruksi pohon filogenetik dilakukan berdasarkan marka DNA mitokondria yaitu 16s rRNA (~500 bp) dan ND2 (~1300 bp) serta gen inti yaitu oocyte maturation factor mos (CMOS). Hasil penelitian menunjukkan bahwa *B. cristatella* yang tersebar luas, dalam penelitian ini terbukti sebagai spesies kompleks yang setidaknya terdiri atas tiga spesies berbeda. Rekonstruksi pohon filogenetik DNA mitokondria dan inti menggunakan Maximum Likelihood (ML) dan Bayesian Inference (BI) menunjukkan adanya enam garis keturunan evolusi *Bronchocela* di Indonesia. Tingkat variasi selama ini mungkin diremehkan karena tingginya tingkat kesamaan morfologi yang disebabkan oleh sifat arboreal. Haplotipe network berdasarkan gen mitokondria ND2 dengan jelas menunjukkan adanya delapan garis keturunan. Indeks isolasi diestimasi melalui uji interaksi dua arah (ANOVA) antara luas daratan dan ukuran tubuh dari setiap populasi. Hasil penelitian ini menunjukkan pulau-pulau yang lebih besar mendukung kehidupan londok yang berukuran besar dibandingkan dengan pulau-pulau yang lebih kecil (fenomena dwarfisme pulau) dan sejalan dengan teori isolasi pulau. Hasil analisis waktu BEAST berbasis penggabungan menghasilkan pohon filogenetik dengan dua klade utama dan mengungkapkan nenek moyang terbaru atau most recent common ancestor (MRCA) untuk *Bronchocela* berasal sekitar 42 juta tahun yang lalu di daratan Asia. Pohon filogenetik menunjukkan bahwa klade basal *Bronchocela* terdiri dari *B. burmana* dan taksa nenek moyangnya yang sebagian besar terbatas di Semenanjung Malaysia. Pohon kredibilitas clade maksimum atau Maximum Credibility Clade (MCC) skala waktu geologi menunjukkan bahwa genus *Bronchocela* berevolusi pada zaman Miosen awal (~18,7 juta tahun yang lalu) dan memulai spesiasi cepat pada Miosen akhir. Pohon filogenetik menunjukkan bahwa klade basal *Bronchocela* terdiri dari *B. burmana* dan taksa nenek moyangnya yang sebagian besar terbatas di Semenanjung Malaysia. Dalam penelitian ini, distribusi klade berdasarkan keberadaan spesies londok dalam pohon filogenetik. Model State-dependent Speciation and Extinction (SSE) digunakan untuk merekonstruksi Ancestral Range Estimation (ARE). Hasil simulasi silsilah *Bronchocela* dengan ARE sesuai hipotesis kami bahwa daratan Sunda merupakan asal muasal genus ini dan menjalan kepulauan Sunda Besar,

kepulauan Sulu, Sulawesi, dan Maluku utara pada zaman Miosen. Penelitian ini memberikan wawasan baru mengenai isolasi pulau di wilayah yang belum pernah diteliti sebelumnya dan hal ini menyiratkan bahwa pola distribusi Bronchocela sebagian besar dibentuk oleh peristiwa dispersal pada pra-Pliosen yang diikuti oleh peristiwa vicarian yang mendalam. Penelitian ini juga menunjukkan bahwa perubahan iklim Pliosen dapat berdampak besar pada diversifikasi spesies dan demografi spesies-spesies hutan ini.

.....Isolation is the main factor in insular biogeography, here we try to understand the insular biogeographical phenomenon of the southeast Asian arboreal lizard genus Bronchocela across the Indonesian Archipelago with the support of morphological (including skull morphology), molecular (mitochondrial and nuclear DNA) and evolutionary data. The morphologically highly variable, cosmopolitan arboreal forest lizards of the genus, Bronchocela are dispersed and isolated in fragmented island forests across the Indonesian Archipelago. These species exhibit complex morphological variations, which weaken clear species delimitation. To determine the effects of geographical island isolation on the morphological structure of the populations, 520 individuals of museum specimens (including name-bearing types) were examined across Peninsular Malaysia and the Indonesian Archipelago. Both univariate and multivariate analyses were conducted on morphometric characters. So far only four species have been identified within Indonesian territory and after evaluating morphological and morphometric evidence at least six distinct species have been recognised. We screened two mitochondrial markers comprising 16s rRNA (~500 bp) and ND2 (~1300 bp), with intervening nuclear loci (CMOS) to obtain a robust phylogenetic hypothesis. Based on both morphology and genetics, we delimit potential biogeographic boundaries of the species composition. The previously widely distributed *Bronchocela cristatella* is here considered as a species complex with at least three distinct species. The phylogeny of mitochondrial and nuclear DNA using Maximum likelihood (ML) and Bayesian Inference (BI) revealed at least six evolutionary lineages within the Indonesian Bronchocela. This level of variation has probably been underestimated because of the high levels of morphological similarity brought about by the arboreal lifestyle. The haplotype networks based on the ND2 mitochondrial gene differentiated the eight lineages. An isolation index was estimated and defined for each island landmass based on its area and tested for twoway interactions (ANOVA) between landmass and the mean body sizes of each population. Our results show the significant influence of the larger islands supporting larger-bodied lizards compared to the smaller islands, agreeing with the island theory. The coalescent-based BEAST time-analysis yielded a phylogenetic tree with two major clades. It revealed that the most recent common ancestor (MRCA) for the Bronchocela genus originated approximately 42 MYA in mainland Asia. The basal clade of Bronchocela consists of *B. burmana* and its ancestral taxa which are mostly confined to the Malay Peninsula. The geological time-scaled maximum clade credibility (MCC) tree indicated that the genus Bronchocela evolved in the early Miocene epoch (~18.7 MYA) and started rapid speciation in the late Miocene. We divided the distribution of the clade into regions based on the species in the phylogenetic tree by its presence in those regions, and we used the State-dependent Speciation and Extinction (SSE) models to reconstruct Ancestral Range Estimation (ARE). As we hypothesised, ancestral Range Estimation (ARE) analyses supported that mainland Sundaland served as the origin for Bronchocela, which colonized the Great Sundaic Islands, the Sulu Archipelago, Sulawesi, and Northern Moluccas during the Miocene epoch. Our results provide new insights into insular isolation in a previously unstudied region, and it implies that the distribution pattern of Bronchocela has been largely shaped by pre-Pliocene dispersal followed by deep vicariance events. We further demonstrate that Pliocene climatic changes can have profound effects on species diversification and demography in these forest species.