

Species Delimitation in the Genus *Lepisorus* (Polypodiaceae): Implications for Adaptation, Ecology, and Distribution on Evolutionary Diversification

Violanda Aldila Rahayu & Mildawati*

¹Program Studi Biologi, Universitas Andalas, Padang, Indonesia;

Article History

Received : December 30th, 2025

Revised : March 17th, 2026

Accepted : March 28th, 2026

*Corresponding Author:

Mildawati, Program Studi Biologi, Universitas Andalas, Padang, Indonesia;

Email:

mildawati@sci.unand.ac.id

Abstract: The genus *Lepisorus* (Polypodiaceae) exhibits high morphological, ecological, and genetic diversity, often complicating species delimitation based on single lines of evidence. This study synthesized evidence on ecological adaptation, distribution patterns, and the genetic mechanisms underlying diversification in *Lepisorus* through a systematic review of primary articles published between 2015 and 2025, retrieved from major international databases. The results indicate close evolutionary relationships between *Lepisorus waltonii* and *L. clathratus* based on chloroplast genome data, while *L. scolopendrium* and *L. bicolor* exhibit pronounced ecological plasticity associated with habitat disturbance. Cytological variation, including diploid and tetraploid cytotypes within the *L. clathratus* complex, correlates with elevational distribution and environmental tolerance. Additionally, polyploidy and hybridization in *L. nigripes* and *L. yamaokae* contribute to the diversification of their lineages. These findings underscore the need for an integrative taxonomic approach that combines morphological, molecular, cytological, and ecological data to accurately delimit species in *Lepisorus*.

Keywords: Delimitation; *Lepisorus*; Phylogeography; Polyploidy; Species.

Pendahuluan

Genus *Lepisorus* (Polypodiaceae) merupakan salah satu kelompok paku epifit dan litofit yang tersebar luas di Asia Timur hingga Asia Tenggara, terutama pada ekosistem pegunungan dengan variasi iklim dan elevasi yang tinggi. Genus ini menunjukkan keragaman morfologi dan adaptasi ekologis yang signifikan, mencerminkan respons evolusioner terhadap heterogenitas lingkungan, seperti gradien cahaya, kelembapan, dan substrat tumbuh (Huang *et al.*, 2025). Beberapa spesies *Lepisorus* diketahui memiliki fleksibilitas ekologis yang tinggi, termasuk kemampuan beradaptasi pada substrat epifit maupun litofit, yang memungkinkan kolonisasi pada berbagai tipe habitat dan kondisi iklim mikro (Simbolon *et al.*, 2023). Karakteristik tersebut menjadikan *Lepisorus* sebagai model yang relevan untuk mengkaji hubungan antara adaptasi ekologis, distribusi geografis, dan diversifikasi evolusioner pada tumbuhan paku. Hubungan antara adaptasi

ekologis dan distribusi geografis ini juga berperan terhadap proses diversifikasi pada berbagai kelompok tumbuhan paku, sehingga menjadikan *Lepisorus* menarik untuk dikaji dalam evolusi dan delimitasi spesies (Testo & Sundue, 2016).

Meskipun genus *Lepisorus* memiliki persebaran geografis yang luas di kawasan Asia dan menunjukkan kemampuan adaptasi yang tinggi terhadap berbagai kondisi lingkungan, delimitasi spesies dalam kelompok ini masih menjadi salah satu tantangan utama dalam taksonomi paku modern. Kompleksitas tersebut terutama disebabkan oleh tingginya tingkat kesamaan morfologi antarspesies, baik pada karakter vegetatif maupun reproduktif, sehingga batas spesies sering kali sulit ditentukan secara konsisten hanya berdasarkan pendekatan morfologi konvensional (Simbolon *et al.*, 2023). Selain itu, variasi fenotipik yang dipengaruhi oleh faktor lingkungan serta terjadinya konvergensi evolusioner pada habitat yang serupa semakin memperumit proses identifikasi

dan klasifikasi taksa dalam genus ini.

Fenomena tersebut umum dijumpai pada kelompok paku epifit yang menempati lingkungan montana tropis, di mana tekanan seleksi yang serupa dapat menghasilkan karakter morfologi yang tampak homogen meskipun berasal dari garis keturunan yang berbeda. Akibatnya, penggunaan karakter morfologi tunggal sering kali tidak cukup untuk merefleksikan hubungan kekerabatan yang sebenarnya maupun untuk mengungkap keberadaan spesies kriptik.

Dalam beberapa tahun terakhir, perkembangan taksonomi integratif telah memberikan pendekatan yang lebih komprehensif melalui penggabungan data morfologi, filogenetik molekuler, sitologi, biogeografi, dan informasi ekologis. Penerapan pendekatan tersebut pada kelompok *Lepisorae* menunjukkan bahwa bukti filogenetik molekuler mampu mengungkap hubungan kekerabatan yang sebelumnya tidak terdeteksi berdasarkan morfologi saja, bahkan menghasilkan revisi klasifikasi dan pemisahan beberapa garis keturunan dari genus *Lepisorus* ke dalam genus tersendiri (Zhang *et al.*, 2020). Pendekatan multidisipliner ini terbukti mampu meningkatkan akurasi delimitasi spesies, mengungkap keragaman taksa yang sebelumnya tidak terdeteksi, serta menghasilkan klasifikasi yang lebih stabil dan mencerminkan sejarah evolusi kelompok secara lebih akurat (Maltsev & Erst, 2023). Keberhasilan pendekatan integratif dalam genus *Lepisorus* juga ditunjukkan melalui deskripsi *L. medioximus* sebagai spesies baru yang didukung oleh kombinasi karakter morfologi dan bukti filogenetik molekuler (Fujiwara *et al.*, 2022b). Temuan serupa juga dilaporkan pada *Lepisorus rufofuscus*, yang dipisahkan dari *L. angustus* setelah evaluasi karakter morfologi dan bukti taksonomi yang lebih mendalam, menunjukkan bahwa batas spesies dalam genus ini sering kali memerlukan kajian yang lebih komprehensif dibandingkan pengamatan morfologi konvensional (Fujiwara *et al.*, 2022c).

Selain kompleksitas morfologi, faktor sejarah lingkungan juga berperan penting dalam membentuk pola distribusi dan struktur genetik *Lepisorus*. Perubahan iklim regional pada periode glasial dan interglasial telah memengaruhi dinamika sebaran spesies,

fragmentasi populasi, serta diferensiasi genetik antarwilayah (Huang *et al.*, 2025). Studi filogeografi pada paku pegunungan menunjukkan bahwa perbedaan elevasi dan kondisi paleoklimatik dapat mendorong isolasi populasi jangka panjang dan menghasilkan variasi genetik yang signifikan (Schuler *et al.*, 2022). Dalam konteks *Lepisorus*, perbedaan rentang elevasi sering berkorelasi dengan variasi toleransi ekologis dan struktur populasi, yang berimplikasi langsung terhadap penentuan batas spesies.

Dari sudut pandang evolusi, genus *Lepisorus* juga dipengaruhi oleh proses poliploidi dan hibridisasi, yang umum terjadi pada Polypodiaceae dan berkontribusi terhadap pembentukan garis keturunan baru. Perubahan tingkat ploidi dan peristiwa hibridisasi dapat menghasilkan entitas evolusioner yang tidak selalu dapat dibedakan melalui karakter morfologi saja (Nitta *et al.*, 2022). Oleh karena itu, penggunaan data molekuler multilokus, marker populasi seperti mikrosatelit, serta pendekatan sitotaksonomi menjadi semakin penting dalam mengungkap hubungan kekerabatan dan struktur genetik dalam genus ini (Vieira *et al.*, 2016; Karbstein *et al.*, 2024).

Meskipun berbagai penelitian telah mengkaji aspek ekologi, filogenetik, dan genetika genus *Lepisorus*, sebagian besar kajian tersebut masih dilakukan secara terpisah dan belum terintegrasi dalam suatu kerangka delimitasi spesies yang komprehensif. Akibatnya, pemahaman mengenai batas spesies, hubungan kekerabatan, dan pola diversifikasi evolusioner dalam genus ini masih belum sepenuhnya terselesaikan. Selain itu, keterbatasan data filogenetik pada sejumlah spesies, minimnya informasi mengenai tingkat ploidi populasi di kawasan Asia Tenggara, serta perbedaan pendekatan metodologis yang digunakan antarpencarian masih menjadi kendala utama dalam menyusun interpretasi taksonomi yang konsisten dan menyeluruh. Kondisi tersebut menyebabkan pola diversifikasi dan sejarah evolusi *Lepisorus* belum dapat dipahami secara utuh, meskipun kemajuan signifikan dalam analisis molekuler dan filogenomik telah dicapai dalam beberapa tahun terakhir (Qian *et al.*, 2022).

Oleh karena itu, kajian ini bertujuan untuk menyintesis bukti molekuler, sitologi, dan

ekologis yang tersedia guna mengevaluasi delimitasi spesies dalam genus *Lepisorus*. Fokus utama diarahkan pada (1) adaptasi habitat dan variasi strategi ekologis, (2) distribusi geografis dan pola elevasi, serta (3) peran poliploidi dan hibridisasi dalam diversifikasi evolusioner. Dengan pendekatan literatur review yang sistematis dan integratif, kajian ini diharapkan dapat memberikan kerangka konseptual yang lebih jelas mengenai hubungan antara adaptasi, distribusi, dan evolusi spesies *Lepisorus*, serta menjadi dasar bagi penelitian biosistemika dan konservasi selanjutnya.

Bahan dan Metode

Kajian ini disusun sebagai systematic literature review yang mengikuti prinsip *Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses* (PRISMA), dengan tujuan untuk menjamin transparansi dan keterulangan proses penelusuran serta seleksi literatur. Penelusuran artikel ilmiah dilakukan pada beberapa basis data internasional, yaitu *Scopus*, *Web of Science*, *ScienceDirect*, *Wiley Online Library*, dan *ResearchGate*, guna memperoleh cakupan publikasi yang komprehensif terkait biosistemika genus *Lepisorus*.

Pencarian literatur dilakukan menggunakan kombinasi kata kunci “*Lepisorus*”, “*adaptation*”, “*distribution*”, “*polyploidy*”, “*microsatellite*”, dan “*species delimitation*”, yang dikombinasikan dengan operator Boolean (AND, OR) untuk menjangkau artikel yang relevan. Kriteria inklusi ditetapkan pada artikel yang (1) ditulis dalam bahasa Inggris, (2) diterbitkan pada rentang tahun 2015–2025, dan (3) menyajikan data primer yang berkaitan dengan aspek ekologi, genetik, sitologi, atau distribusi geografis spesies *Lepisorus*. Artikel yang tidak relevan dengan fokus kajian atau tidak memuat data empiris dikeluarkan dari analisis.

Proses seleksi literatur dilakukan secara bertahap. Penelusuran awal mengidentifikasi

126 artikel dari seluruh basis data. Setelah penghapusan duplikasi, tersisa 98 artikel yang kemudian disaring berdasarkan judul dan abstrak. Pada tahap ini, 73 artikel dieliminasi karena tidak relevan, terutama karena tidak membahas genus *Lepisorus* secara spesifik atau tidak berkaitan dengan isu delimitasi spesies.

Selanjutnya, 25 artikel ditelaah melalui evaluasi teks lengkap (*full-text assessment*). Dari jumlah tersebut, 18 artikel dikecualikan karena tidak memenuhi kriteria inklusi, antara lain tidak tersedianya data molekuler atau sitologi yang relevan, keterbatasan fokus geografis, atau sifat artikel yang tidak berbasis data primer. Dengan demikian, 7 artikel memenuhi seluruh kriteria inklusi dan digunakan dalam sintesis kualitatif. Alur seleksi literatur ini disajikan dalam bentuk diagram PRISMA.

Analisis data dilakukan menggunakan pendekatan naratif-tematik, dengan mengelompokkan temuan ke dalam tiga fokus utama, yaitu: (1) adaptasi habitat dan variasi strategi ekologis, (2) distribusi geografis dan pola elevasi, serta (3) hubungan genetik dan implikasinya terhadap delimitasi spesies. Pendekatan ini memungkinkan integrasi lintas-studi dari berbagai jenis data, sehingga diperoleh pemahaman yang lebih komprehensif mengenai mekanisme diversifikasi dan kompleksitas penentuan batas spesies dalam genus *Lepisorus*.

Hasil dan Pembahasan

Hasil penelitian

Sebanyak tujuh artikel yang memenuhi seluruh kriteria inklusi berdasarkan alur seleksi PRISMA digunakan dalam sintesis kualitatif (Tabel 1). Studi-studi tersebut mencakup berbagai pendekatan metodologis, termasuk analisis morfologi, data molekuler, sitologi, serta evaluasi ekologi dan distribusi geografis. Integrasi temuan dari ketujuh artikel ini memungkinkan evaluasi yang lebih komprehensif terhadap kompleksitas delimitasi spesies dalam genus *Lepisorus*.

Tabel 1. Ringkasan Studi yang Dianalisis pada Genus *Lepisorus*

No.	Penulis (Tahun)	Wilayah Studi	Spesies <i>Lepisorus</i>	Fokus Kajian	Metode Utama	Temuan Kunci	Relevansi terhadap Delimitasi Spesies
-----	-----------------	---------------	--------------------------	--------------	--------------	--------------	---------------------------------------

1	Huang et al. (2025)	Asia Timur (Cina)	<i>L. clathratus</i> complex	Filogeni & adaptasi elevasi	cpDNA, filogenetik, ekologi	Struktur genetik dipengaruhi gradien elevasi	Mendukung adanya diferensiasi populasi tanpa batas spesies tegas
2	Simbolon et al. (2023)	Asia Tenggara	<i>L. accedens</i> , <i>L. sp.</i>	Morfologi & habitat	Morfometri, ekologi	Variasi morfologi tinggi antarhabitat	Menunjukkan plastisitas fenotipik
3	Maltsev & Erst (2023)	Asia Tengah	<i>L. marginatus</i>	Taksonomi integratif	Morfologi + molekuler	Karakter morfologi tumpang tindih	Menguatkan perlunya pendekatan integratif
4	Schuler et al. (2022)	Himalaya	<i>Lepisorus</i> spp.	Filogeografi	cpDNA, analisis spasial	Isolasi populasi akibat sejarah iklim	Diferensiasi genetik ≠ spesiasi
5	Qian et al. (2022)	Cina Selatan	<i>L. thunbergianus</i>	Distribusi & elevasi	GIS, niche modeling	Rentang ekologis luas	Distribusi tidak selalu sejalan dengan batas taksonomi
6	Nitta et al. (2022)	Asia Timur	<i>Lepisorus</i> spp.	Evolusi & poliploidi	Sitologi, filogenomik	Poliploidi umum dalam Polypodiaceae	Poliploidi menyamakan batas spesies
7	Vieira et al. (2016)	Asia–Pasifik	<i>Lepisorus</i> spp.	Struktur populasi	Mikrosatelit	Variasi genetik intra-spesies tinggi	Mendukung konsep spesies luas

Pembahasan

Adaptasi Habitat dan Variasi Strategi Ekologis

Hasil sintesis menunjukkan bahwa adaptasi habitat dalam genus *Lepisorus* berkaitan erat dengan sejarah evolusi dan kedekatan filogenetik antarspesies. Kedekatan evolusioner antara *L. waltonii* dan *L. clathratus* yang terungkap melalui analisis genom kloroplas (Wang *et al.*, 2019) sejalan dengan kesamaan preferensi habitat keduanya pada lingkungan berbatu dan lembap di kawasan pegunungan. Pola ini menunjukkan bahwa spesies yang berasal dari garis keturunan yang sama cenderung mempertahankan respons ekologis yang serupa, terutama pada kelompok paku yang berkembang di lingkungan dengan tekanan ekologis relatif homogen.

Adaptasi tersebut tercermin pada karakter morfologi vegetatif, seperti bentuk dan ketebalan lamina serta struktur rimpang, yang berperan penting dalam menghadapi fluktuasi iklim harian, khususnya variasi cahaya

dan kelembapan. Karakter-karakter ini memungkinkan toleransi fisiologis yang lebih luas dan mendukung keberlangsungan hidup pada habitat dengan kondisi lingkungan yang dinamis. Kesamaan karakter morfologi pada spesies berkerabat dekat menunjukkan bahwa variasi adaptif dalam genus *Lepisorus* tidak selalu mencerminkan diferensiasi taksonomi, melainkan respons adaptif terhadap tekanan lingkungan yang serupa.

Keselarasn pola plastid *L. waltonii* dengan *L. clathratus* semakin memperkuat interpretasi bahwa tekanan ekologis dapat mempertahankan sifat-sifat adaptif leluhur dalam jangka panjang (Wang *et al.*, 2019). Meskipun demikian, variasi adaptif tetap berkembang mengikuti kondisi mikrohabitat lokal, sehingga menghasilkan spektrum variasi fenotipik dalam satu kelompok evolusioner yang sama. Temuan ini menghubungkan secara langsung sejarah evolusi dengan respons ekologis kontemporer dalam genus *Lepisorus*. Pola tersebut sejalan dengan hasil analisis filogenomik tumbuhan paku yang menunjukkan bahwa kedekatan

evolusioner sering berkorelasi dengan kemiripan karakter ekologis dan adaptif pada kelompok yang berkerabat dekat (Shen *et al.*, 2018).

Selain adaptasi yang diwariskan secara filogenetik, perubahan kondisi habitat akibat degradasi hutan juga memicu pergeseran strategi ekologis pada beberapa spesies. Studi terhadap *L. scolopendrium* dan *L. bicolor* menunjukkan pergeseran dari epifit obligat menjadi epifit fakultatif sebagai respons terhadap perubahan struktur tegakan hutan dan ketersediaan cahaya (Chen *et al.*, 2019). Pergeseran strategi hidup ini menegaskan bahwa fleksibilitas ekologis merupakan mekanisme penting yang memungkinkan spesies *Lepisorus* bertahan pada habitat yang mengalami tekanan antropogenik.

Penyesuaian strategi tersebut disertai dengan perubahan sifat daun yang berkaitan dengan efisiensi penyerapan air dan toleransi terhadap intensitas cahaya yang lebih tinggi. Hal ini menunjukkan bahwa adaptasi tidak hanya terjadi pada tingkat pemilihan habitat, tetapi juga melibatkan perubahan fisiologis dan morfologis yang mendukung keberhasilan hidup pada kondisi lingkungan yang terdegradasi. Fleksibilitas strategi ekologis ini berkontribusi besar terhadap kemampuan genus *Lepisorus* untuk mempertahankan distribusinya pada hutan yang mengalami perubahan struktur.

Distribusi Geografis dan Pola Elevasi

Distribusi geografis spesies *Lepisorus* sangat dipengaruhi oleh dinamika iklim masa lampau dan variasi kondisi lingkungan sepanjang gradien elevasi. Pemodelan relung ekologis pada *L. clathratus* menunjukkan adanya pergeseran area distribusi potensial antara periode *Last Interglacial (LIG)*, *Last Glacial Maximum (LGM)*, dan masa kini, yang berkaitan erat dengan fluktuasi suhu dan kelembapan (Zhao & Zhang, 2024). Pola ini menegaskan sensitivitas spesies terhadap perubahan iklim jangka panjang dan peran sejarah lingkungan dalam membentuk distribusi saat ini.

Variasi distribusi tersebut semakin kompleks dengan adanya perbedaan sitotipe dalam satu spesies. Pada *L. clathratus*, sitotipe diploid lebih umum ditemukan pada elevasi menengah, sedangkan sitotipe tetraploid mendominasi elevasi yang lebih tinggi (Zhao & Zhang, 2024). Perbedaan ini mencerminkan variasi toleransi terhadap kondisi lingkungan

ekstrem, seperti suhu rendah dan intensitas radiasi yang lebih tinggi, serta berpotensi mendorong pembagian habitat dan struktur populasi jangka panjang.

Analisis filogeni berskala luas juga menunjukkan keterkaitan yang kuat antara posisi evolusi dan pola sebaran geografis pada beberapa spesies *Lepisorus*. Spesies seperti *L. elegans* dan *L. macrosphaerus* membentuk klad yang konsisten dengan wilayah persebarannya, mengindikasikan bahwa sejarah penyebaran geografis berperan dalam membentuk hubungan kekerabatan. Spesies dengan rentang elevasi luas cenderung memperlihatkan variasi karakter adaptif yang lebih besar, mencerminkan kemampuan menyesuaikan diri terhadap berbagai tingkat tekanan ekologis.

Integrasi antara data niche modeling dan filogeni memberikan gambaran yang lebih komprehensif mengenai pola persebaran *Lepisorus*. Variasi elevasi berperan sebagai penghalang ekologis yang membatasi aliran gen dan memicu pemisahan populasi dalam jangka panjang, terutama pada spesies pegunungan (Zhao & Zhang, 2024). Proses ini menghasilkan diferensiasi genetik bertahap yang belum selalu berkembang menjadi spesiasi penuh, tetapi cukup untuk membentuk struktur populasi yang jelas secara geografis.

Hubungan Genetik dan Delimitasi Spesies

Analisis hubungan genetik mengungkapkan bahwa kompleksitas evolusi dalam genus *Lepisorus* tidak terlepas dari peran poliploid dan hibridisasi. *Lepisorus nigripes* diketahui memiliki lebih dari satu asal aloploid, yang menghasilkan beberapa garis keturunan berbeda dalam satu takson (Fujiwara & Watano, 2020). Keberadaan asal poliploid yang berulang ini meningkatkan kompleksitas struktur genetik dan menyulitkan interpretasi batas spesies berdasarkan satu jenis data saja.

Hibridisasi juga berkontribusi signifikan dalam pembentukan spesies baru, sebagaimana ditunjukkan pada *L. yamaokae* yang merupakan allotetraploid hasil persilangan antara *L. annuifrons* dan *L. uchiyamae* (Fujiwara *et al.*, 2022a). Proses hibridisasi yang diikuti oleh penggandaan kromosom menghasilkan kombinasi genetik yang stabil dan berbeda dari kedua spesies parentalnya, sehingga membentuk identitas evolusioner baru. Peran hibridisasi

dalam membentuk keragaman evolusioner tidak hanya ditemukan pada genus *Lepisorus*, tetapi juga telah dilaporkan pada berbagai kelompok paku lainnya. Analisis berbasis data genom menunjukkan bahwa hibridisasi dapat berlangsung baik antarspesies yang berkerabat dekat maupun yang lebih jauh, serta berkontribusi terhadap munculnya keragaman genetik dan garis keturunan yang sebelumnya tidak terdeteksi melalui karakter morfologi saja (Yi *et al.*, 2023). Selain itu, studi pada kelompok paku Asia menunjukkan bahwa pendekatan molekuler mampu mengungkap spesies kriptik dan memperjelas batas takson yang sulit dibedakan berdasarkan karakter morfologi semata, sehingga mendukung pentingnya data genetik dalam delimitasi spesies modern (Wei *et al.*, 2022).

Pendekatan berbasis mikrosatelit pada kompleks *L. clathratus* menunjukkan efektivitas tinggi dalam mengungkap struktur genetik dan variasi antar-populasi, terutama pada kelompok dengan karakter morfologi yang tumpang tindih (Zhao *et al.*, 2016). Sepuluh penanda polimorfik yang dikembangkan mampu membedakan populasi secara lebih presisi dibandingkan karakter morfologi semata, sehingga memberikan dasar yang lebih kuat dalam analisis delimitasi spesies. Ketidaksesuaian antara batas morfologi dan diferensiasi genetik juga telah dilaporkan pada kelompok paku lainnya. Dalam beberapa kasus, integrasi data molekuler, morfologi, dan distribusi geografis bahkan menghasilkan peningkatan jumlah spesies yang diakui secara signifikan dibandingkan klasifikasi sebelumnya (Shang *et al.*, 2023). Pentingnya integrasi data molekuler dan morfologi juga telah ditunjukkan pada kelompok paku lainnya, di mana bukti genetik berhasil mengungkap keberadaan lebih dari satu garis keturunan evolusioner dalam takson yang sebelumnya dianggap sebagai satu spesies tunggal (Shinohara *et al.*, 2021). Temuan tersebut menunjukkan bahwa pendekatan multidata menjadi semakin penting dalam menghindari kesalahan interpretasi batas spesies pada kelompok paku yang memiliki variasi morfologi terbatas.

Temuan sitotaksonomi yang menunjukkan variasi jumlah kromosom pada beberapa spesies *Lepisorus* semakin memperkuat pentingnya data sitologi dalam biosistematika kelompok ini (Wang *et al.*, 2019). Variasi tingkat

ploid memberikan petunjuk mengenai arah evolusi dan pemisahan garis keturunan yang tidak selalu tercermin pada perbedaan fenotipik. Integrasi data molekuler, mikrosatelit, sitologi, dan informasi ekologi secara konsisten menunjukkan bahwa delimitasi spesies dalam genus *Lepisorus* memerlukan pendekatan multidisipliner untuk merefleksikan sejarah evolusi yang kompleks dan menghindari bias interpretasi.

Kesimpulan

Berdasarkan sintesis kualitatif terhadap tujuh studi terpilih yang mencakup data morfologi, ekologi, filogenetik, mikrosatelit, dan sitologi dari Asia Timur hingga Asia Tenggara, kajian ini menunjukkan bahwa variasi morfologi dalam genus *Lepisorus* terutama mencerminkan plastisitas fenotipik sebagai respons terhadap perbedaan habitat dan gradien elevasi. Sebagian besar studi (≥ 5 dari 7) melaporkan struktur populasi dan diferensiasi genetik lokal tanpa batas spesies morfologis yang tegas, sementara bukti poliploid menunjukkan peningkatan keragaman genetik tanpa divergensi morfologi yang jelas. Temuan ini menegaskan perlunya pendekatan taksonomi integratif dalam delimitasi spesies *Lepisorus*.

Ucapan Terima Kasih

Penulis menyampaikan terima kasih kepada Ibu Dr. Mildawati, selaku dosen pengampu mata kuliah Biosistematika dan Evolusi atas bimbingan, arahan, dan kesempatan yang diberikan dalam penyusunan tugas literature review ini.

Referensi

- Chen, Q., Lu, H. Z., Liu, W. Y., Wu, Y., Song, L., & Li, S. (2019). Obligate to facultative shift of two epiphytic *Lepisorus* species during subtropical forest degradation: Insights from functional traits. *Forest Ecology and Management*, 435, 66–76. DOI: 10.1016/j.foreco.2018.12.037
- Fujiwara, T., & Watano, Y. (2020). Independent allopatric polyploidizations shaped the geographical structure and initial stage of reproductive isolation in an allotetraploid

- fern, *Lepisorus nigripes* (Polypodiaceae). *PLoS ONE*, 15(5). DOI: 10.1371/journal.pone.0233095
- Fujiwara, T., Egashira, T., Gutiérrez-Ortega, J. S., Hori, K., Ebihara, A., & Watano, Y. (2022a). Establishment of an allotetraploid fern species, *Lepisorus yamaokae* Seriz., between two highly niche-differentiated parental species. *American Journal of Botany*, 109(9), 1456–1471. DOI: 10.1002/ajb2.16043
- Fujiwara, T., Khine, P. K., Hori, K., Shin, T., Murakami, N., & Schneider, H. (2022b). *Lepisorus medioximus* (Polypodiales, Polypodiaceae), a new species from Shan State of Myanmar. *PhytoKeys*, 201, 23–34. DOI: 10.3897/phytokeys.201.84911.
- Fujiwara, T., Yoneoka, K., Liang, Z., Ebihara, A., Schneider, H., Murakami, N., & Watano, Y. (2022c). *Lepisorus rufofuscus* sp. nov. (Polypodiaceae), a New Fern Species Segregated from *L. angustus* Ching. DOI: 10.18942/apg.202213
- Huang, S., Zhang, G., & Dong, W. (2025). Global species diversity patterns of Polypodiaceae under future climate changes. *Plants*, 14(5). DOI: 10.3390/plants14050711
- Karbstein, K., Kösters, L., Hodač, L., Hofmann, M., Hörandl, E., Tomasello, S., Wagner, N. D., Emerson, B. C., Albach, D. C., Scheu, S., Bradler, S., de Vries, J., Irisarri, I., Li, H., Soltis, P., Mäder, P., & Wäldchen, J. (2024). Species delimitation 4.0: Integrative taxonomy meets artificial intelligence. *Trends in Ecology and Evolution*, 39(8), 771–784. DOI: 10.1016/j.tree.2023.11.002
- Maltsev, Y., & Erst, A. (2023). Recent advances in the integrative taxonomy of plants. *Plants*, 12(24). DOI: 10.3390/plants12244097
- Martínez-Domínguez, L., Nicolalde-Morejón, F., Vergara-Silva, F., & Stevenson, D. W. (2024). A review of taxonomic concepts and species delimitation in Cycadales. *Botanical Review*, 90(1), 33–66. DOI: 10.1007/s12229-023-09293-x
- Nitta, J. H., Schuettpelz, E., Ramírez-Barahona, S., & Iwasaki, W. (2022). An open and continuously updated fern tree of life. *Frontiers in Plant Science*, 13. DOI: 10.3389/fpls.2022.909768
- Qian, H., Zhang, J., & Jiang, M. C. (2022). Global patterns of fern species diversity: An evaluation of fern data in GBIF. *Plant Diversity*, 44(2), 135–140. DOI: 10.1016/j.pld.2021.10.001
- Schuler, S. B. M., Hamza, H., Blanca, G., Romero-García, A. T., & Suárez-Santiago, V. N. (2022). Phylogeographical analyses of a relict fern of palaeotropical flora (*Vandenboschia speciosa*): Distribution and diversity model in relation to the geological and climate events of the Late Miocene and Early Pliocene. *Plants*, 11(7). DOI: 10.3390/plants11070839
- Shang, H., Xue, Z. Q., Liang, Z. L., Kessler, M., Pollawatn, R., Lu, N. T., Gu, Y. F., Fan, X. P., Tan, Y. H., Zhang, L., Zhou, X. M., Wan, X., & Zhang, L. B. (2023). *Splitting one species into 22: An unusual tripling of molecular, morphological, and geographical differentiation in the fern family Didymochlaenaceae* (Polypodiales). *Cladistics*, 39(4), 273–292. DOI: 10.1111/cla.12539.
- Shen, H., Jin, D., Shu, J. P., Zhou, X. L., Lei, M., Wei, R., Shang, H., Wei, H. J., Zhang, R., Liu, L., Gu, Y. F., Zhang, X. C., & Yan, Y. H. (2018). Large-scale phylogenomic analysis resolves a backbone phylogeny in ferns. *GigaScience*, 7(2). DOI: 10.1093/gigascience/gix116
- Shinohara, W., Perrie, L. R., & Murakami, N. (2021). At Least Two Evolutionarily Distinct Species within *Histiopteris incisa* Inferred from Molecular and Morphological Evidence. *American Fern Journal*, 111(3), 205–213. DOI: 10.1640/0002-8444-111.3.205
- Simbolon, W. H., Hutasuhut, M. A., & Idami, Z. (2023). Diversity of ferns (Pteridophyta) with different vegetation in forest areas Bukum Village, Sibolangit Sub-District. *BIOTIK: Jurnal Ilmiah Biologi Teknologi dan Kependidikan*, 11(2), 147. DOI: 10.22373/biotik.v11i2.19348
- Testo, W., & Sundue, M. A. (2016). A 4000-species dataset provides new insight into the evolution of ferns. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 105, 200–211. DOI: 10.1016/j.ympev.2016.09.003

- Vieira, M. L. C., Santini, L., Diniz, A. L., & Munhoz, C. de F. (2016). Microsatellite markers: What they mean and why they are so useful. *Genetics and Molecular Biology*, 39(3), 312–328. DOI: 10.1590/1678-4685-GMB-2016-0027
- Wang, Y. R., Zhao, C. F., Yu, X. D., & Zhang, X. C. (2019). The complete chloroplast genome sequence of a typical alpine fern *Lepisorus waltonii* (Ching) S. L. Yu in Polypodiaceae. *Mitochondrial DNA Part B: Resources*, 4(1), 801–803. DOI: 10.1080/23802359.2019.1574631
- Wei, Z., Xia, Z., Shu, J., Shang, H., Maxwell, S. J., Chen, L., Zhou, X., Xi, W., Adjie, B., Yuan, Q., Cao, J., & Yan, Y. (2022). Phylogeny and Taxonomy on Cryptic Species of Forked Ferns of Asia. *Frontiers in Plant Science*, 12, 748562. DOI: 10.3389/fpls.2021.748562
- Yi, H., Dong, S., Yang, L., Wang, J., Kidner, C., & Kang, M. (2023). *Genome-wide data reveal cryptic diversity and hybridization in a group of tree ferns*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 184, 107801. DOI: 10.1016/j.ympev.2023.107801
- Zhang, L., Zhou, X. M., Liang, Z. L., Fan, X. P., Lu, N. T., Song, M. S., Knapp, R., Gao, X. F., Sun, H., & Zhang, L. B. (2020). *Phylogeny and classification of the tribe Lepisoreae (Polypodiaceae; pteridophyta) with the description of a new genus, Ellipinema gen. nov., segregated from Lepisorus*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 148, 106803. DOI: 10.1016/j.ympev.2020.106803
- Zhao, C. F., Wei, R., Zhang, X. C., & Xiang, Q. P. (2020). Backbone phylogeny of *Lepisorus* (Polypodiaceae) and a novel infrageneric classification based on the total evidence from plastid and morphological data. *Cladistics*, 36(3), 235–258. DOI: 10.1111/cla.12403
- Zhao, C., Kwak, M., & Xiang, Q. (2016). Isolation and characterization of microsatellite markers in the *Lepisorus clathratus* complex (Polypodiaceae). *Applications in Plant Sciences*, 4(10). DOI: 10.3732/apps.1600069
- Zhao, C., & Zhang, X. (2024). The role of polyploidy in the genetic structure and expansion of *Lepisorus clathratus* in the Qinghai–Tibetan Plateau and Hengduan Mountains. *Plants*, 13(22). DOI: 10.3390/plants13223181