

V. KESIMPULAN DAN SARAN

A. Kesimpulan

1. Urutan *region trnL-F* pada genom *A. reginae* mempunyai sekuen *contig* sepanjang 402 bp (sampel *A. reginae* 1) dan 406 bp (sampel *A. reginae* 2) dengan komposisi basa nukleotidanya meliputi: (a) T(U): 35,01%; (b) C: 17,88%; (c) A: 30,98%; dan (d) G: 16,12%.
2. Hasil analisis filogenetik berdasarkan *region trnL-F* menunjukkan bahwa sampel *A. reginae* dengan *A. nebula* dan *A. melo* memiliki nilai jarak genetik yang sangat kecil yaitu 0 (nol). Nilai jarak genetik 0 di ketiga sampel tersebut yang terdeteksi melalui sekuen *trnL-F* tidak dapat dijadikan sebagai dasar mutlak bahwa sampel-sampel tersebut termasuk ke dalam satu spesies. Oleh karena itu, diperlukan studi filogenetik lebih lanjut melalui penggunaan lokus *barcode* lain yang ideal dengan tingkat resolusi tinggi guna memaksimalkan akurasi dalam membedakan inter dan intra spesies.

B. Saran

1. Studi molekuler lebih lanjut mengenai DNA *barcoding* berbasis sekuen ITS, *psbA-trnH*, *rbcL*, dan *matK* terhadap genom *A. reginae* perlu dilakukan guna melengkapi data *A. reginae* pada pustaka *genbank* yang tergolong masih terbatas.
2. Studi DNA *barcoding* lebih lanjut berbasis sekuen ITS terhadap genom *A. reginae* disarankan menggunakan primer dengan tingkat spesifisitas yang tinggi.
3. Analisis filogenetik lebih lanjut terhadap *A. reginae* dengan kerabat dekatnya perlu dilakukan melalui penggunaan lokus *barcode* ideal dengan tingkat resolusi yang tinggi sehingga mampu mendiskriminasi tumbuhan secara akurat hingga tingkatan taksa yang lebih rendah.

4. Pendekatan komprehensif melalui integrasi antara karakter morfologi dengan molekuler terhadap *A. reginae* perlu dilakukan untuk mendukung upaya konservasi secara berkelanjutan dan presisi. Ketersediaan basis data holistik yang mencakup faktor fenotipe dan genotipe merupakan landasan yang krusial dalam memaksimalkan validitas taksonomi.

