

## BAB V

### PENUTUP

#### 5.1 Kesimpulan

1. Sekuens DNA barcoding *Betta brownorum* yang diperoleh dari hasil amplifikasi gen COI menggunakan primer LCO1490 dan HCO2198 menghasilkan panjang urutan sebesar 664 pasangan basa (bp). Komposisi nukleotida yang dominan dalam sekuens tersebut adalah basa T (31,52%), diikuti oleh C (25,70%), A (22,51%), dan G (20,26%). Komposisi ini menunjukkan pola khas gen mitokondria yang penting untuk identifikasi spesies secara molekuler.
2. Hasil analisis filogenetik menggunakan empat metode (*Neighbor-Joining*, *UPGMA*, *Maximum Parsimony*, dan *Maximum Likelihood*) menunjukkan bahwa *Betta brownorum* memiliki hubungan kekerabatan yang paling dekat dengan *Betta coccina* dan *Betta persephone*, tergabung dalam satu klade. Hasil jarak genetik menguatkan kedekatan ini, dengan nilai jarak genetik terendah terhadap *Betta coccina* sebesar 0,11, serta tertinggi terhadap *Osphronemus goramy* sebagai outgroup sebesar 0,28. Hal ini menunjukkan bahwa *Betta brownorum* merupakan bagian dari kompleks spesies yang secara genetik masih berkerabat dekat dalam genus *Betta*, khususnya kelompok *coccina*-complex.

#### 5.2 Saran

Dengan melihat hasil kesimpulan di atas, maka ada beberapa saran dari peneliti yakni sebagai berikut:

##### 1. Bagi Lembaga Akademik

Diharapkan institusi pendidikan dapat menyediakan dukungan fasilitas laboratorium yang lebih lengkap, khususnya dalam hal ketersediaan alat dan bahan yang diperlukan untuk penelitian berbasis biologi molekuler. Hal ini penting guna menunjang kualitas dan efisiensi proses penelitian mahasiswa, terutama dalam bidang sistematika molekuler dan genetika konservasi.

##### 2. Bagi Peneliti Selanjutnya

Pengujian lebih lanjut disarankan tidak hanya bergantung pada satu penanda genetik seperti gen COI, tetapi juga perlu dibandingkan dengan penanda genetik lainnya seperti *cytochrome b* (*cytb*) atau gen mitokondria lain yang relevan.

Pendekatan multigen ini dianggap lebih komprehensif dan akurat dalam membedakan spesies, terutama pada kelompok yang memiliki kemiripan morfologi atau spesies kriptik, sebagaimana yang sering ditemukan dalam kompleks *Betta coccina*. Integrasi data dari berbagai penanda genetik dapat memperkuat validitas identifikasi spesies dan hubungan filogenetik antar taksa. Oleh karena itu, hasil dari pendekatan ini tidak hanya meningkatkan pemahaman sistematika, tetapi juga memberikan kontribusi penting dalam upaya konservasi serta pelestarian keanekaragaman hayati ikan endemik di habitat alaminya.

