

BAB V

SIMPULAN, IMPLIKASI, DAN REKOMENDASI

5.1 Simpulan

Setiap barcode secara terpisah menunjukkan pola yang serupa dalam mengelompokkan genus dengan kekerabatan dekat sehingga ketiganya mampu menghasilkan filogenetik Lamiaceae yang cukup akurat. Namun, beberapa spesies ditemukan terpisah dari genusnya dengan posisi yang beragam. Gabungan ketiga barcode membentuk pohon filogenetik yang berhasil mengelompokkan setiap spesies dengan genus yang sesuai. Filogenetik Lamiaceae berdasarkan gabungan ketiga barcode DNA parsial dapat mencegah adulterasi dan mendukung konservasi dengan memberikan informasi mengenai kekerabatan spesies target adulterasi. Pengetahuan tersebut berguna sebagai langkah awal dalam mengidentifikasi spesies adulteran dan menemukan spesies alternatif dengan sifat minyak esensial yang serupa untuk diteliti lebih lanjut potensi medisnya.

5.2 Implikasi

Pohon filogenetik Lamiaceae berbasis tiga barcode DNA parsial berkontribusi terhadap upaya penyelesaian rekonstruksi hubungan kekerabatan Lamiaceae yang telah mengalami tantangan hingga saat ini dan menjadi salah satu acuan untuk studi lanjutan. Klad monofiletik menjadi panduan untuk studi metabolomik spesies dengan potensi terapeutik sehingga dapat mengurangi tekanan produksi obat herbal pada spesies yang kerap dijadikan target adulterasi. Informasi filogenetik Lamiaceae menunjukkan prospek yang baik untuk diintegrasikan ke dalam regulasi pengendalian mutu produk herbal berbasis DNA melalui riset intensif.

5.3 Rekomendasi

Penelitian lanjutan sebaiknya menggunakan sampel yang komprehensif dengan mempertimbangkan genus *incertae sedis*, rentang geografis, dan takson nonmonofiletik. Penggunaan sekuens DNA lengkap yang menggabungkan data sekunder dengan data primer pun direkomendasikan untuk memperkaya informasi genetik. Selain itu, model pohon *maximum parsimony* sebaiknya dikombinasikan dengan model rekonstruksi pohon lainnya untuk menguji konsistensi

pengelompokan takson. Dengan demikian, hubungan filogenetik yang lebih mendalam, khususnya untuk takson nonmonofiletik, dapat direkonstruksi dengan akurasi tinggi.

Studi di masa depan dapat menggeserkan fokusnya terhadap identifikasi gen yang mengekspresikan metabolit sekunder terapeutik melalui pemanfaatan informasi filogenetik Lamiaceae. Penelitian *in vitro* dan *in vivo* dapat dilaksanakan untuk menguji senyawa bioaktif dari spesies yang berkerabat dekat dengan spesies target adulterasi. Pengujian tersebut krusial untuk mengevaluasi profil keamanan senyawa dalam konteks pengembangan obat herbal. Penggunaan pendekatan filogenetik dalam mengeksplor spesies memastikan bahwa pemanfaatan Lamiaceae untuk kebutuhan manusia dapat dilakukan secara terarah dan berkelanjutan.