

## BAB V

### SIMPULAN, IMPLIKASI, DAN REKOMENDASI

#### 5.1 Simpulan

Berdasarkan penelitian yang telah dilakukan, diperoleh pasangan primer *forward* yaitu F1 dan primer *reverse* yaitu R2 yang sudah sesuai dengan kriteria primer yang ideal dan telah berhasil mengamplifikasi gen CHD pada 55 spesies burung dari 18 familia dengan panjang ampikon 298-378 bp, berpotensi untuk identifikasi *sexing birds* yang sangat spesifik mendeteksi CHDW pada spesies burung. Namun, khusus untuk spesies *Hemispingus frontalis* mampu mendeteksi CHDZ. Adapun spesies *Apteryx australis mantelli* mampu mendeteksi CHDW dan CHDZ memungkinkan identifikasi jenis kelamin yang lebih spesifik pada spesies tersebut. Keberhasilan simulasi *in silico* memiliki potensi primer sebagai *sexing birds*, terutama untuk Familia Accipitridae, Columbidae dan Ciconiidae yang sebelumnya sulit diidentifikasi menggunakan primer P2/P8.

#### 5.2 Implikasi

Hasil uji coba primer F1/R2 secara *in silico* telah menunjukkan bahwa sekuens gen CHD dapat dikembangkan sebagai alat penentuan *sexing birds* yang efektif untuk berbagai spesies burung. Penelitian ini dapat menjadi acuan bagi penelitian selanjutnya dengan menggunakan data sekuens gen CHD dari berbagai spesies burung, khususnya yang sulit dibedakan secara morfologi. Selain itu, hasil ini memberikan informasi penting untuk mendukung upaya konservasi dan manajemen populasi burung, terutama spesies langka dan monomorfik di Indonesia.

#### 5.3 Rekomendasi

Untuk memastikan primer F1/R2 yang optimal diperlukan validasi *in vitro*. Oleh karena itu, penelitian selanjutnya disarankan untuk melakukan uji laboratorium secara *in vitro* terhadap primer yang telah dirancang untuk *sexing birds*, sekaligus melakukan validasi ulang untuk memastikan apakah primer tersebut juga mampu mengamplifikasi spesies yang telah diuji dalam simulasi PCR *test*. Pendekatan ini penting untuk mengonfirmasi efektivitas dan cakupan taksonomi primer secara akurat sebelum diaplikasikan secara luas.