

## BAB V

### SIMPULAN, IMPLIKASI DAN REKOMENDASI

#### A. Simpulan

Sekuens DNA daerah ITS dari seluruh sampel berhasil didapatkan dan diketahui memiliki ukuran berkisar antara 550 - 602 pasang basa, hal ini sesuai dengan yang telah dikemukakan oleh Baldwin *et al.* (1995) bahwa sekuen DNA daerah ITS pada tumbuhan tingkat tinggi berukuran kurang dari 700 pasang basa. Sulistyarningsih *et al.* (2014) melakukan penelitian analisis filogenetik terhadap sampel *Musa* yang ada di daerah Sulawesi dan didapatkan hasil yang serupa, yaitu panjang sekuen DNA daerah ITS yang dimiliki berkisar pada ukuran 600 - 700 pasang basa.

Tiga pohon hasil rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan sekuen tunggal DNA daerah 5.8S, daerah ITS – 2 dan gabungan sekuen 5.8S dan sekuen daerah ITS-2 berhasil dilakukan. Pohon filogenetik yang direkonstruksi menggunakan sekuen tunggal DNA daerah 5.8S dan sekuen daerah ITS – 2 menunjukkan pengelompokan yang kurang sesuai. Penggunaan data sekuen gabungan daerah 5.8S dan ITS – 2 menunjukkan pola yang lebih sesuai dibandingkan menggunakan data sekuen tunggal. Terdapat tiga kelompok besar monofiletik yang terbentuk pada pohon filogeni dengan nilai *bootstrap* yang lebih dari 50%. Kelompok satu terdiri dari delapan anggota kelompok yang keseluruhannya memiliki karakter genom A. Kelompok dua merupakan kelompok yang terdiri dari tujuh anggota yang 5 diantaranya memiliki karakter gabungan A dan B, sedangkan dua anggota lainnya memiliki karakter genom A dan karakter genom B. Kelompok tiga terdiri dari enam anggota kelompok yang lima diantaranya didominasi oleh karakter genom A dan satu individu lainnya memiliki karakter gabungan antara genom A dan B. Secara umum, rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan sekuen DNA daerah ITS berhasil dilakukan dan mendukung penelitian sebelumnya. Pada pemanfaatannya, kegiatan hibridisasi diprediksi dapat dilakukan antara satu sama lain organisme pisang yang berada pada satu kelompok monofiletik untuk menghasilkan individu pisang dengan karakter yang diinginkan dan meningkatkan nilai ekonomi tanaman.

## B. Implikasi

Pohon filogenetik yang ditunjukkan pada hasil temuan (Gambar 4.8) menunjukkan bahwa 27 sampel pisang yang dianalisis termasuk ke dalam kelompok monofiletik dan terbagi menjadi tiga kelompok besar. Secara umum, pengelompokan individu sampel pisang (*Musa spp.*) menggunakan sekuen DNA daerah ITS – 2 dan daerah 5.8S dengan metode analisis *maximum parsimony heuristic* menunjukkan pola kekerabatan yang hampir sama dengan pengelompokan individu pisang (*Musa spp.*) oleh Sulistyaningsih *et al.* (2014), yaitu dalam satu pohon filogenetik individu pisang dengan species yang sama akan berada pada satu kelompok atau berada pada posisi yang berdekatan. Menurut Retnoningsih *et al.* (2016), pada umumnya suatu individu pisang dengan species atau genom yang sama akan berkelompok atau berada pada posisi yang berdekatan pada pohon hasil rekonstruksi filogenetik.

## C. Rekomendasi

Untuk penelitian selanjutnya diperlukan sampel organisme yang lebih banyak dilibatkan, karena semakin banyak sampel yang diuji maka akan semakin besar peluang untuk mendapatkan informasi mengenai organisme pisang mana saja yang benar – benar berkerabat dekat dengan nilai kekerabatan yang tinggi. Analisis filogenetika menggunakan sekuen DNA daerah ITS lengkap disarankan untuk dilakukan untuk mendapatkan hasil yang lebih valid dengan meminimalisir kesalahan pada saat rekonstruksi pohon.