

BAB V

PENUTUP

5.1 Kesimpulan

Berdasarkan hasil penelitian identifikasi bakteri endofit pada daun *Excoecaria agallocha* menggunakan pendekatan metagenomik serta analisis potensi penghasil enzim L-Asparaginase melalui basis data *The Bacterial Diversity Metadatabase (BacDive)*, *Uniprot*, dan NCBI maka dapat disimpulkan hal-hal berikut:

1. Keragaman komunitas bakteri endofit dapat diidentifikasi dengan metode *Next Generation Sequencing* (NGS) dengan alur kerja meliputi : ekstraksi (lisis, pengikatan DNA, pencucian DNA, elusi DNA), library preparation, sequencing, analisis bioinformatika. Dilanjutkan dengan alur kerja bioinformatika meliputi : preparasi sampel dan sequencing, data diolah di BLAST pada NCBI, dan analisis secara visual menggunakan software bioinformatika untuk memvisualisasi dan melihat kelimpahan relatif.
2. Berdasarkan hasil penelusuran bioinformatika melalui *BacDive* dan *UniProt*, ditemukan delapan spesies bakteri endofit yang berpotensi menghasilkan enzim L-Asparaginase, yaitu *Aeromonas veronni*, *Bacillus altitudinis*, *Cytobacillus firmus*, *Enterobacter hormaechi*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pantoea anthophila*, *Pantoea dispersa*, dan *Vibrio alginolyticus*.
3. Berdasarkan hasil analisis data metagenomik ditemukan bahwa spesies *Cytobacillus firmus* dengan kelimpahan relative terbesar sebesar 13,24% menjadi penghasil enzim L-Asparaginase terbesar pada daun *Excoecaria agallocha*.

5.2 Saran

1. Penelitian lanjutan disarankan untuk mengeksplorasi potensi bakteri endofit daun *Excoecaria agallocha*, guna memperluas pemahaman mengenai potensi serta fungsi dari masing-masing bakteri yang ditemukan.

2. Studi serupa juga sebaiknya dilakukan pada bagian tanaman mangrove *Excoecaria agallocha* lainnya, seperti akar, batang, atau kulit, agar diperoleh gambaran yang lebih menyeluruh mengenai keanekaragaman serta potensi metabolik bakteri endofit yang berasosiasi dengan tanaman tersebut.

