

ANALISIS MOLEKULER TANAMAN FUNGSIONAL GENUS *Momordica* BERDASARKAN DNA BARCODE REGION *matK*

MOLECULAR ANALYSIS OF FUNCTIONAL PLANT FROM GENUS *Momordica* BASED ON *matK* DNA BARCODE REGION

Sumarlina^{1*}, Tia Sofiani Napitupulu¹, Aulia Nadhirah¹, Fadli Mulyadi²

¹ Politeknik Negeri Jember

² Universitas Brawijaya

***corresponding email:sumarlina@polije.ac.id**

ABSTRACT

*Most of the plant species from the genus *Momordica* which originated from Asia and Africa have been shown to have functional value, both as food and medicinal plants. However, the quality of utilization of medicinal plants needs to be controlled through accurate authentication, for example through molecular analysis based on DNA barcodes. The *matK* sequence is one of the most widely used DNA barcode regions in plant molecular studies. Therefore, this study was conducted to determine the genetic variation and phylogenetic relationships of several taxa from the genus *Momordica*, as well as to analyze the effectiveness of the application of the *matK* gene as a barcode region in the genus *Momordica*. The study was conducted by collecting *matK* sequence data from NCBI in order to obtain sequence data from 12 taxa of the genus *Momordica*. The data were then aligned and analyzed using MEGA 11 software, including analysis of genetic variation, reconstruction of phylogenetic trees based on Maximum Parsimony, and calculation of genetic distance values using the Kimura-2-Parameter substitution model. The results showed that the molecular analysis of 12 taxa from the genus *Momordica* based on *matK* DNA barcode region had been successfully carried out, as evidenced by the successful reconstruction of the phylogenetic tree which showed clear separation both at the interspecies and intraspecies levels. However, the separation that has formed has not been able to show the grouping of taxa based on the origin. Likewise, the calculation of genetic distance values shows consistent results. All analyses also showed that the *matK* DNA barcode region has a sequence composition that is quite effective for molecular analysis for the genus *Momordica*, but further studies are required to improve the effectiveness and accuracy of the results provided.*

Keywords: genetic variation, *matK*, *Momordica*, plant DNA barcode, phylogeny

PENDAHULUAN

Genus *Momordica* (di Indonesia dikenal sebagai kelompok tanaman pare atau labu) terdiri dari 60 spesies dari Afrika dan sekitar 10 spesies dari Asia (De Wilde & Duyfjes, 2002; Schaefer & Renner, 2011). Selain itu, data hasil penelitian mengenai genus *Momordica* juga cukup banyak ditemukan, baik terkait identifikasi dan klasifikasi, kandungan dan potensi, hingga data genomiknya. Beberapa spesies dari genus *Momordica* telah terbukti sebagai tanaman fungsional dengan berbagai kandungan dan

kegunaan. Beberapa diantaranya ialah *M. cochinchinensis* yang mengandung karotenoid dan β -karoten (Bharathi *et al.*, 2011) dan *M. balsamina* yang terbukti kaya akan bahan fitokimia (Ramabulana *et al.*, 2021), meskipun belum diteliti lebih lanjut secara spesifik. Beberapa spesies lain juga telah terkonfirmasi digunakan sebagai tanaman obat. Salah satunya ialah *M. charantia* yang terkonfirmasi sebagai anti-inflamasi (Bortolotti *et al.*, 2019), anti-virus dan anti-diabet (Fang & B Ng, 2011), anti-oksidan (Shan *et al.*, 2012), anti-kanker (Ganguly *et al.*, 2000), serta sebagai anti-diabet,

immunomodulator, serta anti-bakteri (Samadov, 2022). Beberapa jenis lain juga banyak digunakan sebagai bahan pangan, meskipun belum ada kajian lebih lanjut mengenai kandungan maupun potensinya. Hal ini tentu berkaitan dengan tingginya keragaman dan rendahnya sumber daya yang diperlukan, baik dari segi peneliti maupun keleluasaan budidayanya. Namun, banyaknya kajian terkait beberapa spesies *Momordica sp.* yang telah dikembangkan menunjukkan bahwa spesies dari genus *Momordica* memiliki nilai fungsional yang cukup potensial.

Saat ini pendekatan molekuler telah mengalami perkembangan yang cukup pesat, seiring dengan perkembangan teknologi dan informasi. Salah satunya ialah adanya metode DNA barcode yang juga didukung dengan berbagai munculnya peralatan pendukung yang canggih seperti mesin PCR (*Polymerase Chain Reaction*), *Next Generation Sequencing*, dan *database* molekuler yang dapat diakses secara global. Oleh karena itu, kajian-kajian yang melibatkan produk hayati mengalami pergeseran ke arah molekuler yang bukan hanya berfokus pada identifikasi biodiversitas. Hasil penelitian menunjukkan bahwa analisis molekuler melalui *DNA barcode* dapat menunjukkan resolusi spesies yang lebih tinggi mengenai interaksi ekologis antara tanaman dengan serangga herbivora (Zhu *et al.*, 2019). Hal tersebut bukan hanya bermanfaat dalam identifikasi biodiversitas dan kajian ekologis, tetapi juga sangat berguna untuk keperluan aplikasi pengelolaan hama pada komoditas pertanian agar hasilnya lebih maksimal. Selain itu, *DNA barcode* juga menjadi terobosan baru dalam pengelolaan berbagai tanaman hortikultura, misalnya pada tanaman buah maupun tanaman pangan secara umum. *DNA barcode* memiliki peranan besar

dalam identifikasi berbagai kultivar baru hasil pemuliaan tanaman. Begitupula dengan tanaman obat. Berdasarkan hasil kajian sebelumnya, diketahui bahwa 80% populasi dunia menggunakan produk pengobatan herbal, sehingga *DNA barcode* sangat diperlukan untuk otentikasi, *quality control*, dan deteksi pemalsuan produk obat herbal tersebut (Senapati *et al.*, 2022). Salah satu contohnya ialah kasus ditemukannya 3 sampel berlabel *M. charantia* yang dijual bebas pada pasar obat tradisional yang ternyata terbukti palsu atau salah pelabelan (Kumar *et al.*, 2020). Hal ini dapat terjadi karena produk herbal umumnya dijual dalam bentuk kering, sehingga pembeli maupun *supplier* tidak dapat mengkonfirmasi keasliannya terlebih dahulu secara langsung karena keterbatasan metode karakterisasi dan identifikasi secara tradisional. Oleh karena itu, pendekatan molekuler melalui *DNA barcode* menjadi salah satu solusi untuk mencegah terjadinya hal serupa.

DNA barcode region maturase-K (matK) termasuk salah satu gen pada genom kloroplas yang memiliki panjang mencapai 1500 bp dan berada diantara gen *trnK* (Hilu & Liang, 1997). Gen *matK* termasuk salah satu region yang paling banyak digunakan pada analisis molekuler tanaman. Berdasarkan penelitian, sekuens gen *matK* tergolong mudah diamplifikasi pada berbagai tanaman dan dapat menggambarkan variasi yang baik pada level genus (Ali *et al.*, 2015). Hal tersebut mempengaruhi jumlah data sekuens *matK* dari berbagai taxa tanaman yang cukup besar pada database molekuler, seperti *NCBI*. Adanya database tersebut semakin mendorong kajian-kajian molekuler pada tanaman, khususnya dengan menggunakan *DNA barcode region matK*.

Berdasarkan uraian tersebut, penelitian ini bertujuan untuk mengetahui variasi genetik dan hubungan

kekerabatan dari beberapa taxa genus *Momordica* berdasarkan *DNA barcode region matK*, serta menganalisis efektivitas aplikasi gen *matK* sebagai *barcode region* pada kelompok genus *Momordica*. Hasil penelitian ini diharapkan dapat memberikan gambaran variasi dan hubungan antar taxa dari genus *Momordica* yang memiliki nilai fungsional sebagai tanaman pangan maupun tanaman obat dari sudut pandang molekuler. Penelitian ini juga diharapkan dapat memberikan rekomendasi terkait aplikasi gen *matK* sebagai salah satu *DNA barcode region* pada tanaman.

METODOLOGI

Penelitian ini dilakukan dengan terlebih dahulu memilih beberapa taxa dari genus *Momordica* yang akan dikaji. Pemilihan taxa dilakukan berdasarkan nilai fungsional dan origin (diadaptasi dari Bharathi & John, 2013), serta taxa dengan data *partial sequence matK* yang diperoleh dari database *NCBI* (*National Center for Biotechnology Information*; URL: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) dengan kriteria tertentu. Kriteria tersebut antara lain memiliki nomor aksesori dan nama taxa yang terverifikasi, serta panjang ukuran sekuens >700 bp. Sekuens dari seluruh taxa terpilih selanjutnya disimpan dalam file berformat FASTA untuk dianalisis dengan *software* MEGA 11 (Tamura *et al.*, 2021). *Software* tersebut digunakan untuk analisis panyejajaran atau *Multiple Sequence Alignment by Clustal W*, analisis variasi genetik, rekonstruksi pohon filogenetik berdasarkan metode *Maximum Parsimony* (MP), dan perhitungan nilai jarak genetik antar taxa berdasarkan *pairwise distance* dengan model substitusi *Kimura-2-Parameter* (K2P). Rekonstruksi pohon filogenetik dan perhitungan nilai

jarak genetik dilakukan dengan pengulangan *bootstrap* sebanyak 1000. Semakin besar nilai jarak genetik, maka semakin jauh hubungan kekerabatannya (Aprilyanto & Sembiring, 2016).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Penelitian ini dilakukan dengan terlebih dahulu melalui studi literatur mengenai berbagai taxa (spesies, subspecies, maupun varietas) dari genus *Momordica* yang berasal Asia dan Afrika, sebagian besar diantaranya terbukti memiliki nilai fungsional. Selanjutnya dilakukan pencarian data sekuens gen *matK* pada database *NCBI* dari taxa yang telah dipilih, sehingga diperoleh 12 taxa yang memenuhi kriteria. Data tersebut disajikan pada Tabel 1. Tabel 1 menunjukkan bahwa 7 dari total 12 taxa genus *Moordica* yang diuji terbukti memiliki nilai fungsional yang beragam dengan tingkat kedalaman kajian yang berbeda. Namun, belum ditemukan kajian lebih lanjut mengenai 5 taxa lainnya. Selain itu, panjang ukuran sekuens *matK* dari genus *Momordica* yang telah terkumpul dan terverifikasi pada database *NCBI* juga cukup beragam yaitu dengan rentang 837 – 1207 bp. Disisi lain, ditemukan pula banyak data sekuens gen *matK* dari genus *Momordica* pada satu taxa yang sama, dengan kode aksesori dan *voucher* peneliti yang berbeda. Misalnya spesies *M. cochinchinensis* yang memiliki 6 data sekuens *matK* terverifikasi pada database *NCBI* dengan ukuran 770 – 1201 bp. Hal ini menunjukkan bahwa kajian mengenai analisis molekuler pada genus *Momordica* telah banyak dilakukan dan masih terus berkelanjutan.

Sumarlina, et. al.(2023) “Analisis Molekuler Tanaman Fungsional Genus *Momordica* Berdasarkan DNA Barcode Region *matK*”, Jurnal Agriment, 8(1).

Tabel 1. Data Taxa dan Ukuran Basa yang Diuji

Nomor Aksesi	Taxa	Jumlah basa (bp)	Origin	Nilai Fungsional
GQ163352.1	<i>M. balsamina</i>	1207	Africa	Sebagai bahan obat tradisional seperti obat malaria (Manuel <i>et al.</i> , 2020; Silva <i>et al.</i> , 2015) dan diabetes (Ramalhete <i>et al.</i> , 2022), mengandung senyawa golongan alkaloid, steroid, fenolik, dan flavonoid (Minarti <i>et al.</i> , 2021), kaya akan bahan fitokimia (Ramabulana <i>et al.</i> , 2021), mengandung senyawa alkaloid, tannin, saponin, Fe, Zn, dan Mn (Karumi <i>et al.</i> , 2004)
GQ163410.1	<i>M. humilis</i>	1204	Africa	-
GQ163413.1	<i>M. kirkii</i>	1201	Africa	-
GQ163435.1	<i>M. rostrata</i>	1204	Africa	Sebagai obat herbal tuberculosis (Amuka <i>et al.</i> , 2014)
GQ163437.1	<i>M. sessilifolia</i>	1207	Africa	-
GQ163457.1	<i>M. welwitschia</i>	1138	Africa	-
EF487561.1	<i>M. cochinchinensis</i>	1144	Asia	Memiliki kandungan karotenoid dan β-karoten (Aoki <i>et al.</i> , 2002; Vuong <i>et al.</i> , 2006; Bharathi <i>et al.</i> , 2011; Chuyen <i>et al.</i> , 2014; Ishida <i>et al.</i> , 2014;), sebagai anti oksidan (Kubola & Siriamornpun, 2011), mengandung asam lemak (Ishida <i>et al.</i> , 2014)
GQ163421.1	<i>M. multiflora</i> var. <i>albopilosa</i>	1207	Asia	-
GQ163451.1	<i>M. subangulata</i>	1198	Asia	Anti oksidan (Karmakar <i>et al.</i> , 2019)
KT727056.1	<i>M. dioica</i>	844	Asia	Anti-inflamasi (Nagarani <i>et al.</i> , 2014), tinggi protein dan karotin (Gopalan <i>et al.</i> , 1982)
MF071482.1	<i>M. charantia</i> var. <i>muricata</i>	837	Asia	Anti-inflamasi (Bortolotti <i>et al.</i> , 2019), anti-virus dan anti-diabet (F Fang & B Ng, 2011), anti-oksidan (Shan <i>et al.</i> , 2012), anti-kanker (Ganguly <i>et al.</i> , 2000), serta sebagai anti-diabet, <i>immunomodulator</i> , serta anti-bakteri (Samadov, 2022)
MF071481.1	<i>M. charantia</i> var. <i>charantia</i>	837	Asia	

Tabel 2 menunjukkan data hasil analisis variasi genetik 12 taxa genus *Momordica* berdasarkan *DNA barcode region matK* setelah dilakukan penyejajaran dan analisis melalui *software* MEGA 11. Data tersebut menggambarkan terdapat banyak sekuens yang harus dipotong setelah dilakukan *Multiple Sequence Alignment*, sehingga diperoleh 744 bp dari total rentang 775-1241 bp sekuens gen *matK* pada seluruh taxa yang diuji. Data tersebut juga menunjukkan bahwa gen *matK* memiliki *conserved site* (sekuens yang cenderung lestari/ tidak mudah

mengalami substitusi) yang cukup besar yaitu 697/744 bp, tetapi masih memiliki *variable site* yang cukup untuk menggambarkan variasi genetik yaitu 47/744 bp. Disisi lain, 21/44 bp diantara *variable site* tersebut merupakan Pi yang sangat berperan sebagai dasar algoritma rekonstruksi pohon filogenetik dan berbagai analisis molekuler lainnya melalui *DNA barcode*. Begitupula dengan adanya 26/47/744 bp *singleton site* yang ditemukan pada hasil penyejajaran tersebut. Situs informatif inilah yang menjadi sekuens dasar pembeda antar taksa (Aprilyanto & Sembiring, 2016).Hal

ini menunjukkan bahwa gen *matK* dapat digunakan sebagai *DNA barcode region* untuk menggambarkan variasi genetik dari anggota taxa genus *Momordica*. Hasil tersebut juga sejalan dengan penelitian yang menunjukkan bahwa lokus *matK* terbukti dapat menunjukkan variasi evolusi sekuens genetik dan membedakan spesies *Momordica* serta mengetahui hubungan kekerabatannya (Ramesh *et al.*, 2021).

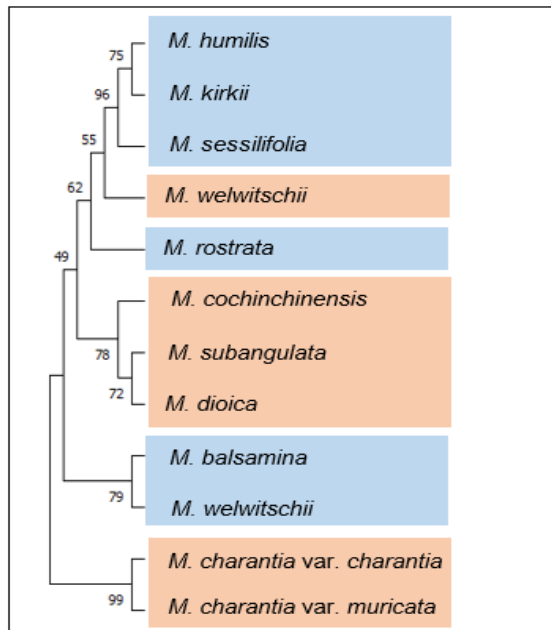
Tabel 2. Data Variasi Genetik Genus *Momordica* berdasarkan *DNA barcode region matK*

Parameter	Jumlah (bp)
Ukuran basa total (termasuk gap)	1241
Ukuran basa tanpa gap	775
Ukuran basa yang berhasil disejajarkan	744
Conserved site (C)	697/744
Variable site (V)	47/744
Parsimony informative site (Pi)	21/744
Singleton site (S)	26/744

Hasil rekonstruksi pohon filogenetik disajikan pada Gambar 1. Pohon filogenetik tersebut diperoleh berdasarkan metode *Maximum Parsimony (MP)* dengan penguangan *bootstrap* sebanyak 1000. Metode rekonstruksi filogenetik dengan *MP* dilakukan berdasarkan perubahan status karakter paling sedikit yang diperlukan untuk merekonstruksi pohon kekerabatan (Vu & Le, 2019). Selain itu, variasi homologi pada setiap *site* juga menjadi pertimbangan, sehingga metode tersebut dianggap lebih unggul dibanding *Maximum Likelihood (ML)* dan *Neighbor-joining (NJ)* (Chattopadhyay *et al.*, 2017). Hasil rekonstruksi berdasarkan sekuens *matK* menunjukkan bahwa pemisahan *clade* dari kedua belas taxa yang diuji cukup jelas, meskipun tidak sepenuhnya menggambarkan pemisahan berdasarkan wilayah originnya. Dua Varietas dari Asia

yaitu *M. charantia* var. *charantia* dan *M. charantia* var. *muricata* bahkan terlihat paling memisah diantara lainnya, disertai pemisahan kedua varietas yang mencapai nilai 99%. Hal ini menunjukkan bahwa sekuens *matK* dapat menunjukkan variasi genetik dan pemisahan *clade* pada level intraspesies. Sejalan dengan hal tersebut, penelitian menunjukkan bahwa penggunaan lokus *matK* sebagai *DNA barcode region* berhasil menunjukkan diversifikasi pada 2 spesies yang digunakan untuk infus herbal (Costa *et al.*, 2016). Penelitian lain juga menunjukkan bahwa *DNA barcode region matK* dapat menunjukkan diferensiasi spesies dari genus *Terminalia* dengan keberhasilan mencapai 80% (Nithaniyal & Parani, 2016).

Pengelompokan 12 taxa dari wilayah origin yang berbeda yang tidak sepenuhnya tergambarkan melalui *DNA barcode region matK* merepresentasikan bahwa penggunaan sekuens *matK* sebagai *DNA barcode region* pada genus *Momordica* masih perlu diuji lebih lanjut. Kajian yang dimaksud dapat berupa metode amplifikasi dan *sequencing*, taxa yang diuji, maupun kombinasi dengan sekuens *DNA barcode region* lainnya. Sejalan dengan hasil tersebut, aplikasi *DNA barcode* dengan sekuens *matK* memiliki potensi efisiensi pemisahan spesies tanaman anggrek permata yang lebih rendah dibandingkan dengan sekuens *rbcl* atau kombinasi keduanya (Ho *et al.*, 2021). Begitupula dengan hasil penelitian pada kelompok *Potamogeton* yang menunjukkan bahwa sekuens *matK* memiliki variasi intraspesifik yang rendah (Yang *et al.*, 2017). Dengan kata lain, kelompok taxa juga berpengaruh terhadap hasil analisis yang diberikan, sehingga pemilihan *DNA barcode region* juga perlu mempertimbangkan taxa yang akan diikuti.



Gambar 1. Hasil Rekonstruksi Pohon Filogenetik Genus *Momordica* Berdasarkan metode MP dengan *bootstrap* 1000

Keterangan : ■ Spesies Afrika
■ Spesies Asia

Hasil perhitungan nilai jarak genetik Tabel 3) berdasarkan model substitusi *Kimura-2-Parameter* dengan pengulangan *bootstrap* sebanyak 1000 juga menunjukkan hasil yang sejalan dengan hasil rekonstruksi pohon

filogenetik. Seluruh taxa menunjukkan adanya perbedaan nilai jarak genetik yang berarti bahwa variasi genetik antar taxanya cukup jelas. Namun, jarak genetik terendah ditunjukkan oleh *M. subangulata* dan *M. dioica* dengan nilai 0,00000 (tidak terdeteksi nilainya hingga 5 digit desimal). Hal ini menunjukkan bahwa jarak genetik yang terdeteksi antara keduanya sangat kecil, yang didukung dengan hasil rekonstruksi filogenetik bahwa keduanya tergabung ke dalam kelompok percabangan yang sama dan cukup dekat. Selain itu, keduanya berasal dari origin yang sama yaitu Afrika. Hal ini sesuai dengan pernyataan bahwa semakin besar nilai jarak genetik maka semakin jauh kekerabatannya, dan sebaliknya (Aprilyanto & Sembiring, 2016). Disisi lain, nilai jarak genetik ditunjukkan oleh *M. humilis* dan *M. welwitschia* yaitu sebesar 0,02600 yang berarti bahwa keduanya memiliki kekerabatan yang terjauh dibandingkan dengan lainnya. Hal tersebut juga tampak pada pohon filogenetik yang terbentuk yaitu bahwa meskipun keduanya tergabung dalam satu grup, tetapi terpisah menjadi sub grup yang sangat jauh berbeda.

Tabel 3. Hasil Perhitungan Nilai Jarak Genetik Berdasarkan Model Substitusi *K2P* dengan *bootstrap* 1000

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1												
2	0.02322											
3	0.02321	0.00540										
4	0.01493	0.01631	0.01630									
5	0.02044	0.00947	0.00947	0.01631								
6	0.01083	0.02600 ¹	0.02599	0.01768	0.02321							
7	0.02061	0.02761	0.02760	0.01922	0.02480	0.02340						
8	0.01220	0.01632	0.01631	0.01083	0.01356	0.01494	0.01921					
9	0.01367	0.02342	0.02341	0.01506	0.02061	0.01644	0.00955	0.01230				
10	0.00687	0.01801	0.01801	0.00964	0.01520	0.00964	0.00964	0.00688	0.00000 ²			
11	0.01494	0.02459	0.02460	0.01633	0.02184	0.01768	0.02203	0.01631	0.01784	0.00826		
12	0.01220	0.02182	0.02182	0.01357	0.01907	0.01493	0.01923	0.01356	0.01506	0.00549	0.00270	

Keterangan: *M. balsamina* (1), *M. humilis* (2), *M. kirkii* (3), *M. rostrate* (4), *M. sessilifolia* (5), *M. welwitschii* (6), *M. cochinchinensis* (7), *M. multiflora* var. *albopilosa* (8), *M. subangulata* (9), *M. dioica* (10), *M. charantia* var. *muricata* (11), *M. charantia* var. *charantia* (12), nilai jarak genetik tertinggi (¹), nilai jarak genetik terendah (²)

Selain itu, kombinasi sekuens *matK* dengan sekuens *DNA barcode region* lainnya juga perlu dipertimbangan. Penelitian menunjukkan bahwa kombinasi 2 lokus dengan *matK* sebagai salah satu lokus komposisinya, menghasilkan resolusi diferensiasi spesies yang lebih baik bersama dengan lokus *rbcl*, *psbA-trnH*, dan *ITS2* dibandingkan dengan kombinasi tanpa *matK* pada kajian kelompok tanaman *Hibiscus* (Poovitha *et al.*, 2016). Namun, tetap harus diuji secara spesifik pada kelompok taxa tertentu. Sejalan dengan hal tersebut, kombinasi beberapa lokus *DNA barcode* dapat meningkatkan hasil klasifikasi spesies tertentu (*CBOL Plant Working Group*, 2009; Ismail *et al.*, 2020), tetapi tidak pada semua spesies maupun semua kombinasi lokus (Ho *et al.*, 2021; Maloukh *et al.*, 2017). Oleh karena itu, kajian lebih lanjut mengenai penggunaan lokus *DNA barcode* tertentu masih sangat diperlukan. Dengan adanya metode *DNA barcode* yang terbukti efektif, maka investigasi pemalsuan atau kesalahan pelabelan yang tidak disengaja pada produk tanaman fungsional dapat diminimalisir bahkan di cegah (Swetha *et al.*, 2014; Vassou *et al.*, 2015).

KESIMPULAN

Berdasarkan penelitian yang telah dilakukan, dapat diketahui bahwa telah berhasil dilakukan analisis molekuler 12 taxa dari genus *Momordica* berdasarkan *DNA barcode region matK*. Hasil penelitian menunjukkan bahwa 12 taxa yang dipilih memiliki panjang sekuens *matK* dengan variasi genetik yang cukup untuk menggambarkan pemisahan *clade* secara jelas pada pohon filogenetik berdasarkan *Maximum Parsimony* dengan *bootstrap* 1000x. Hal tersebut direpresentasikan bukan hanya pada level interspesies, tetapi juga pada level intraspesies yang didukung dengan data perhitungan nilai jarak genetik dengan hasil yang sejalan. Namun, pemisahan yang terbentuk dari percabangan pohon filogenetik belum sepenuhnya

menggambarkan pengelompokan berdasarkan origin. Selain itu, penelitian ini membuktikan bahwa sekuens *matK* cukup efektif untuk digunakan sebagai *DNA barcode region* pada analisis molekuler tanaman dari genus *Momordica*, meskipun masih perlu kajian lebih lanjut untuk meningkatkan efektivitas dan akurasi. Hasil penelitian ini memberikan informasi bahwa penggunaan sekuens *matK* pada analisis molekuler tanaman fungsional khususnya genus *Momordica* sangat memungkinkan untuk dilakukan dengan hasil yang cukup baik. Sekuens *matK* memiliki potensi yang cukup besar dalam perkembangan analisis molekuler melalui *DNA barcode*. Lebih lanjut, metode *DNA barcode* menjadi pilihan metode modern untuk berbagai keperluan, khususnya untuk mengkonfirmasi otentikasi produk tanaman obat atau tanaman fungsional non obat. Namun, kajian mengenai metode untuk memperoleh hasil yang lebih baik pada berbagai taxa masih sangat diperlukan. Selain itu, kombinasi dengan lokus *DNA barcode* lainnya juga perlu diuji lebih lanjut.

DAFTAR PUSTAKA

- Ali, M. A., Gabor, G., & Al-Hemaid, F. (2015). *Plant DNA Barcoding and Phylogenetics*. Lambert Academic Publishing, Germany, pp. 155-170.
- Aprilyanto, V., & Sembiring, L. (2016). *Filogenetik molekuler*. Yogyakarta: *Innosain*.
- Bharathi, L. K., & John, K. J. (2013). *Momordica genus in Asia-An Overview*. Springer.
- Bharathi, L. K., Munshi, A. D., Vinod, Chandrashekar, S., Behera, T. K., Das, A. B., John, K. J., & Vishal Nath. (2011). Cytotaxonomical Analysis of *Momordica* L. (Cucurbitaceae) Species of Indian Occurrence. *Journal of Genetics*, 90, 21–30.
- Bortolotti, M., Mercatelli, D., & Polito, L.

- (2019). Momordica charantia, A Nutraceutical Approach for Inflammatory Related Diseases. *Frontiers in Pharmacology*, 10, 486.
- CBOL Plant Working Group. (2009). A DNA Barcode for Land Plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 12794–12797.
- Chattopadhyay, P., Banerjee, G., & Banerjee, N. (2017). Distinguishing Orchid Species by DNA Barcoding: Increasing The Resolutin of Population Studies in Plant Biology. *Omics*, 21(12), 711–720.
- Costa, J., Campos, B., Amaral, J. S., Nunes, M. E., Oliveira, M. B. P. P., & Mafra, I. (2016). HRM Analysis Targeting ITS1 and Matk Loci As Potential DNA Mini-Barcodes for The Authentication of Hypericum Perforatum and Hypericum Androsaemum in Herbal Infusions. *Food Control*, 61, 105–114.
- De Wilde, W., & Duyfjes, B. E. E. (2002). Synopsis of Momordica (Cucurbitaceae) in SE-Asia and Malesia. *Botanicheskii Zhurnal (St. Petersburg)*, 87, 132–148.
- F Fang, E., & B Ng, T. (2011). Bitter gourd (*Momordica charantia*) is a cornucopia of health: a review of its credited antidiabetic, anti-hiv, and antitumor properties. *Current Molecular Medicine*, 11(5), 417–436.
- Ganguly, C., De, S., & Das, S. (2000). Prevention of carcinogen-induced mouse skin papilloma by whole fruit aqueous extract of *Momordica Charantia*. *European Journal of Cancer Prevention*, 283–288.
- Hilu, K. W., & Liang, Gping. (1997). The matK Gene: Sequence Variation and Application in Plant Systematics. *American Journal of Botany*, 84(6), 830–839.
- Ho, V. T., Tran, T. K. P., Vu, T. T. T., & Widiarsih, S. (2021). Comparison of matK and rbcL DNA Barcodes for Genetic Classification of Jewel Orchid Accessions in Vietnam. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 19(1), 93.
- Ismail, M., Ahmad, A., Nadeem, M., Javed, M. A., Khan, S. H., Khawaish, I., Sthanadar, A. A., Qari, S. H., Alghanem, S. M., & Khan, K. A. (2020). Development of DNA Barcodes for Selected Acacia Species by Using rbcL and matK DNA Markers. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 27(12), 3735–3742.
- Kumar, J. U. S., Ramakrishan, M., Seethapathy, G. S., Krishna, V., Shaanker, R. U., & Ravikanth, G. (2020). DNA Barcoding of Momordica Species and Assessment of Adulteration in Momordica Herbal Products, An Anti-Diabetic Drug. *Plant Gene*, 22, 100227.
- Maloukh, L., Kumarappan, A., Jarrar, M., Salehi, J., El-Wakil, H., & Rajya Lakshmi, T. V. (2017). Discriminatory Power of rbcL Barcode Locus for Authentication of Some of United Arab Emirates (UAE) Native Plants. *3 Biotech*, 7, 1–7.
- Nithaniyal, S., & Parani, M. (2016). Evaluation of Chloroplast and Nuclear DNA Barcodes for Species Identification in Terminalia L. *Biochemical Systematics and Ecology*, 68, 223–229. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2016.08.001>
- Poovitha, S., Stalin, N., Balaji, R., & Parani, M. (2016). Multi-locus DNA barcoding identifies matk as a suitable marker for species identification in *Hibiscus* L. *Genome*, 59(12), 1150–1156.
- Ramabulana, A.-T., Petras, D., Madala, N. E., & Tugizimana, F. (2021).

- Metabolomics and molecular networking to characterize the chemical space of four *Momordica* plant species. *Metabolites*, 11(11), 763.
- Ramesh, G. A., Mathew, D., John, K. J., & Ravisankar, V. (2021). Chloroplast gene matK holds the barcodes for identification of *Momordica* (Cucurbitaceae) species from indian subcontinent. *Horticultural Plant Journal*, 8(1), 89–98.
- Samadov, B. S. (2022). The use of the medicinal plant *Momordica charantia* L in folk medicine. *Asian Journal of Pharmaceutical and Biological Research*, 11(2).
- Schaefer, H., & Renner, S. S. (2011). Phylogenetic relationships in the order cucurbitales and a new classification of the gourd family (Cucurbitaceae). *Taxon*, 60(1), 122–138.
- Senapati, A., Basak, S., & Rangan, L. (2022). A review on application of DNA barcoding technology for rapid molecular diagnostics of adulterants in herbal medicine. *Drug Safety*, 45(3), 193–213.
- Shan, B., Xie, J.-H., Zhu, J.-H., & Peng, Y. (2012). Ethanol modified supercritical carbon dioxide extraction of flavonoids from *Momordica charantia* L. and its antioxidant activity. *Food and Bioproducts Processing*, 90(3), 579–587.
- Swetha, V. P., Parvathy, V. A., Sheeja, T. E., & Sasikumar, B. (2014). DNA barcoding for discriminating the economically important *Cinnamomum verum* from its adulterants. *Food Biotechnology*, 28(3), 183–194. <https://doi.org/10.1080/08905436.2014.931239>
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022–3027.
- Vassou, S. L., Kusuma, G., & Parani, M. (2015). DNA barcoding for species identification from dried and powdered plant parts: a case study with authentication of the raw drug market samples of *Sida cordifolia*. *Gene*, 559(1), 86–93. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2015.01.025>
- Vu, H.-T., & Le, L. (2019). Bioinformatics Analysis on DNA Barcode Sequences for Species Identification: A Review. *Annual Research & Review in Biology*, 1–12.
- Yang, T., Zhang, T., Guo, Y., & Liu, X. (2017). Testing eight barcoding markers for potamogeton species at intraspecific levels. *Aquatic Botany*, 137, 56–64. <https://doi.org/10.1016/j.aquabot.2016.11.009>
- Zhu, C., Gravel, D., & He, F. (2019). Seeing is believing? comparing plant–herbivore networks constructed by field co-occurrence and DNA barcoding methods for gaining insights into network structures. *Ecology and Evolution*, 9(4), 1764–1776.