

## Karakterisasi Fenotip dan Molekular Melon (*Cucumis melo* L.) ‘Hikadi’ berdasarkan *DNA Barcode* Gen *matK*

### INTISARI

*DNA barcode* merupakan metode identifikasi suatu spesies yang akurat, cepat, dan otomatis menggunakan sekuen pendek dari DNA genom. Perakitan kultivar baru perlu ditindaklanjuti dengan identifikasi. Gen *matK* merupakan gen yang populer digunakan dalam *DNA Barcode* tumbuhan, sehingga konstruksi *DNA barcode* berdasarkan gen *matK* diharapkan dapat menunjukkan karakteristik molekular yang spesifik pada melon. Konstruksi *DNA Barcode* melon ‘Hikadi’ berdasarkan gen *matK* dilakukan untuk mengetahui karakter molekular kultivar tersebut. Pengamatan karakter fenotip juga dilakukan untuk mengkaji data yang meliputi karakter fenotip kuantitatif dan fenotip kualitatif. Sebanyak 25 sampel tanaman diamati untuk mewakili setiap parameter. Data karakter fenotip dianalisis dengan menggunakan ANAVA pada taraf signifikansi 1%. Data karakter molekular hasil konstruksi *DNA Barcode* digunakan sebagai bahan untuk analisis hubungan kekerabatan genetik melon kultivar Hikadi dengan melon kultivar lain. Sekuen gen *matK* melon ‘Hikadi’ dan beberapa melon kultivar lain disejajarkan menggunakan program *ClustalX* dan direkonstruksi pohon filogenetiknya menggunakan program *MEGA 5.2*. Analisis dan rekonstruksi pohon filogenetik dilakukan dengan metode *Maximum Parsimony*. Hasil penelitian menunjukkan bahwa karakter fenotip melon ‘Hikadi’ sudah seragam dan stabil. Analisis karakter molekular berdasarkan *DNA barcode* gen *matK* menunjukkan bahwa gen *matK* melon Hikadi berbeda dengan melon kultivar lain dan gen ini mampu membedakan variasi intraspesies pada tanaman melon.

Kata kunci: *Cucumis melo* L., fenotip, molekular, *DNA Barcode*, gen *matK*, filogenetik

## Phenotype and Molecular Characterization of Melon (*Cucumis melo* L.) 'Hikadi' Based on DNA Barcode of *matK* Gen

### ABSTRACT

DNA barcode is an identification method of a new species that is accurate, rapid, and automatic using a short sequence of genomic DNA. New cultivars need to be followed for identification. *MatK* gene is a popular gene used in DNA Barcode of plants in the world, hence the construction of DNA barcodes based on *MatK* gene is expected to show the specific molecular characteristics of the melon. DNA Barcode construction of 'Hikadi' melon based on *MatK* gene is conducted to determine the molecular character of this cultivar. Observations also will be performed on phenotypic characters including quantitative phenotypic characters and qualitative phenotypic characters. A total of 25 plant samples are observed to represent each parameter. The data of phenotypic character is analyzed with ANOVA at a significance level of 1%. The data of molecular character from DNA barcode is used for material to analyze the genetic relationship of 'Hikadi' cultivar with another melon cultivars. *MatK* gene sequences of melon 'Hikadi' and some other cultivars are aligned using ClustalX program and reconstruct the phylogenetic tree using the MEGA 5.2 program. Analysis and reconstruction of phylogenetic trees is done with Maximum Parsimony method. The results showed that the phenotypic characters of melon 'Hikadi' has uniform and stable. Analysis of molecular character based on DNA barcode of *matK* gene shows that *matK* gene of melon 'Hikadi' different from the other cultivars and this gene is able to distinguish intraspecies variations in melon.

Keywords: *Cucumis melo* L., phenotype, molecular characters, DNA Barcodes, *MatK* gene, phylogenetic