

Kajian *in silico* kekerabatan filogenetik dan kandungan fitokimia tanaman rimpang (Zingiberaceae) endemik Indonesia untuk identifikasi potensi pengobatan

Fahrizal Sahdan^{1*}, Fahmi Azrial¹

¹Prodi Biologi Fakultas Tarbiyah dan Keguruan Universitas Islam Negeri Raden Intan Lampung

*Corresponding author: Jl. P. Tirtayasa 76 Bandar Lampung, Lampung, Indonesia. 35122

E-mail addresses: f4hriz4ls4hd4n@gmail.com

Kata kunci

Filogenetik
Fitokimia
ITS
Pengobatan tradisional
Zingiberaceae

Keywords

Phylogenetics
Phytochemistry
ITS
Traditional medicine
Zingiberaceae

Diajukan: 4 Agustus 2025

Ditinjau: 23 Agustus 2025

Diterima: 18 September 2025

Diterbitkan: 29 November 2025

Cara Sitasi:

F. Sahdan, F. Azrial. "Kajian *in silico* kekerabatan filogenetik dan kandungan fitokimia tanaman rimpang (Zingiberaceae) endemik Indonesia untuk identifikasi potensi pengobatan", *Filogeni: Jurnal Mahasiswa Biologi*, vol. 5, no. 3, pp. 287-301, 2025.

Abstrak

Indonesia memiliki keanekaragaman rimpang (Zingiberaceae) yang sejak lama dimanfaatkan dalam pengobatan tradisional, namun identifikasi morfologi sering terkendala oleh variasi bentuk dan ketergantungan pada organ reproduktif. Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi kandungan fitokimia secara *in silico* pada Zingiberaceae endemik Indonesia serta menganalisis potensinya sebagai kandidat obat, dengan dasar konfirmasi kekerabatan filogenetik melalui penanda ITS. Data sekuen ITS dari 17 spesies dan 1 outgroup diunduh dari GenBank, kemudian dianalisis menggunakan perangkat lunak MEGA 12 dengan metode *Neighbor-Joining*. Hasil menunjukkan terbentuk dua klade utama, yaitu Klade I (*Curcuma*, *Zingiber*, *Kaempferia*, *Boesenbergia*) dan Klade II (*Etlintera*, *Amomum*, *Alpinia*, *Elettaria*), masing-masing dengan karakteristik fitokimia dan aktivitas terapeutik khas. Spesies berkerabat dekat seperti *C. xanthorrhiza*, *C. zedoaria*, dan *C. aeruginosa* memiliki senyawa bioaktif serupa berupa kurkuminoid dan minyak atsiri dengan aktivitas antiinflamasi, antioksidan, dan antimikroba, sedangkan perbedaan filogenetik menghasilkan diversifikasi senyawa aktif seperti antikanker (*Z. zerumbet*) dan antibakteri (*Z. cassumunar*). Penelitian ini menyimpulkan bahwa pendekatan *in silico* berbasis ITS efektif untuk memetakan hubungan evolusi dan fitokimia, memperkuat dasar ilmiah pemanfaatan rimpang dalam pengobatan tradisional, serta memberikan rekomendasi strategis bagi pengembangan fitofarmaka dan konservasi keanekaragaman genetik Indonesia.

Abstract

Indonesia possesses a rich diversity of rhizomes (Zingiberaceae) that have long been utilized in traditional medicine, yet morphological identification is often hindered by variations in form and reliance on reproductive organs. This study aims to identify phytochemical compounds *in silico* in endemic Indonesian Zingiberaceae and analyze their potential as drug candidates, with phylogenetic relationships confirmed using ITS markers. ITS sequence data from 17 species and one outgroup were downloaded from GenBank and analyzed using MEGA 12 software with the Neighbor-Joining method. The results revealed two major clades: Clade I (*Curcuma*, *Zingiber*, *Kaempferia*, *Boesenbergia*) and Clade II (*Etlintera*, *Amomum*, *Alpinia*, *Elettaria*), each with distinct phytochemical characteristics and therapeutic activities. Closely related species such as *C. xanthorrhiza*, *C. zedoaria*, and *C. aeruginosa* share similar bioactive compounds, including curcuminoids and essential oils, with anti-inflammatory, antioxidant, and antimicrobial properties, while greater phylogenetic differences correspond to diversified active compounds such as anticancer (*Z. zerumbet*) and antibacterial (*Z.*

cassumunar). This study concludes that the ITS-based *in silico* approach is effective in mapping evolutionary and phytochemical relationships, strengthening the scientific basis for the use of rhizomes in traditional medicine, and providing strategic recommendations for the development of phytopharmaceuticals and the conservation of Indonesia's genetic diversity.

Copyright © 2025. The authors. This is an open access article under the CC BY-SA license

1. Pendahuluan

Indonesia sebagai negara tropis kepulauan memiliki keanekaragaman flora yang luar biasa, termasuk kekayaan jenis tanaman rimpang (Zingiberaceae) endemik yang belum banyak tereksplorasi. Selain jenis-jenis yang telah dikenal luas seperti jahe (*Zingiber officinale*), kunyit (*Curcuma longa*), dan kencur (*Kaempferia galanga*), Indonesia memiliki banyak rimpang endemik seperti temu mangga (*Curcuma mangga*), temu giring (*Curcuma heyneana*), dan lengkuas hitam (*Alpinia nigra*) yang secara turun-temurun dimanfaatkan dalam pengobatan tradisional [1]. Rimpang-rimpang endemik ini diduga kaya akan senyawa bioaktif unik seperti turunan kurkuminoid, xanthorrhizol, dan zerumbon yang memiliki aktivitas antiinflamasi, antikanker, dan antioksidan yang potensial [2][3][4]. Secara ekonomi, potensinya juga signifikan sekitar 94% industri jamu nasional bergantung pada bahan baku rimpang lokal [5], dengan peluang pengembangan yang besar di sektor farmasi dan kosmetik herbal, khususnya dari sumber daya endemik yang belum termanfaatkan secara optimal [6].

Namun, identifikasi taksonomi tanaman rimpang berdasarkan morfologi seringkali bermasalah akibat variasi morfologi yang tinggi [7], keberadaan spesies kriptik [8], dan ketergantungan pada organ reproduktif (bunga/buah) yang tidak selalu tersedia [9]. Hal ini menyulitkan klasifikasi akurat yang diperlukan untuk eksplorasi potensi bioaktifnya. Oleh karena itu, analisis molekuler seperti sekuensing *Internal Transcribed Spacer* (ITS) menjadi solusi. Teknik ini mampu mengungkap hubungan filogenetik melalui variasi sekuens DNA yang tinggi [10], kemudahan amplifikasi dengan primer universal [11], dan ketersediaan basis data GenBank yang luas [12]. Dalam kajian ini, analisis filogenetik secara empiris dalam kajian ini dilakukan dengan metode *Neighbor-Joining* menggunakan perangkat lunak MEGA [13]. Tahapan analisis meliputi alignment sekuens, pemilihan model evolusi, dan rekonstruksi pohon dengan pengujian *bootstrap* untuk menilai kepercayaan setiap klade [14].

Studi filogenetik sebelumnya telah mengungkap hubungan kekerabatan kompleks dalam Zingiberaceae. Sebagai contoh, kajian empiris membuktikan bahwa *Kaempferia*, *Boesenbergia*, dan *Zingiber* membentuk klade terpisah dari *Curcuma*, sementara *Pyrgophyllum* justru berkerabat dekat dengan *Hedychium* [15]. Sementara itu, analisis serupa menggunakan penanda RAPD dan ISSR berhasil mengklasifikasikan 20 spesies *Zingiberaceae* ke dalam tiga suku berbeda [16]. Namun, penelitian filogenetik berbasis ITS yang memiliki resolusi tinggi pada level genus untuk tanaman rimpang endemik Indonesia masih terbatas, terutama pada genus seperti *Etlingera* dan *Boesenbergia*. Lebih penting lagi, hubungan antara kedekatan filogenetik dengan profil fitokimia komparatif belum sepenuhnya terpetakan. Dengan kata lain, belum jelas bagaimana kedekatan genetik pada genus-genus endemik Indonesia ini berkorelasi dengan variasi dan kesamaan kandungan senyawa bioaktifnya, yang merupakan dasar ilmiah dari pemanfaatan tradisionalnya.

Pemahaman atas hubungan filogenetik dan fitokimia ini sangat krusial karena spesies yang berkerabat dekat cenderung memiliki kandungan kimia serupa, sehingga dapat menjadi

panduan dalam eksplorasi senyawa baru. Selain itu, konfirmasi hubungan evolusioner dapat memperkuat dasar ilmiah pemanfaatan spesies tertentu dalam pengobatan tradisional, serta membantu identifikasi klade dengan potensi farmakologis tinggi untuk prioritas konservasi [17].

Penelitian ini bertujuan untuk mengisi celah pengetahuan tersebut melalui pendekatan *in silico*. Tahap pertama penelitian adalah menganalisis kekerabatan filogenetik tanaman rimpang endemik Indonesia berdasarkan penanda ITS untuk memetakan keanekaragaman dan menentukan perwakilan spesies dari setiap klade utama. Selanjutnya, penelitian akan mengidentifikasi kandungan fitokimia yang telah dilaporkan dari spesies perwakilan tersebut dan menilai potensi terapinya. Dengan pendekatan ini, penelitian tidak dimaksudkan untuk mencari korelasi langsung, melainkan menggunakan pohon filogenetik sebagai dasar seleksi sampel yang komprehensif dan tidak bias dalam kajian fitokimia. Metode *in silico* dipilih karena efisiensi biaya dan waktu dibandingkan studi *in vitro* atau *in vivo* [18], di samping memanfaatkan data sekuens ITS yang tersedia di GenBank. Hasil penelitian ini diharapkan tidak hanya memperkaya basis data filogenetik tanaman rimpang Indonesia, tetapi juga memberikan rekomendasi ilmiah untuk pengembangan obat berbasis keanekaragaman genetik.

2. Metode Penelitian

Penelitian ini merupakan studi deskriptif eksploratif yang menggunakan pendekatan bioinformatika *in silico* untuk menganalisis hubungan filogenetik tanaman rimpang Indonesia (Zingiberaceae). Data sekuens ITS diambil dari NCBI GenBank dengan metode *purposive* [19], mencakup 17 spesies tanaman rimpang endemik Indonesia dan 1 spesies di luar tanaman rimpang sebagai outgroup yang tersaji pada Tabel 1.

Instrumentasi. Alat yang digunakan dalam penelitian ini adalah laptop dan perangkat lunak MEGA 12. Bahan yang digunakan mencakup sampel data urutan nukleotida yang diambil dari GenBank melalui situs NCBI (*National Center for Biology Information*) <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. Data urutan nukleotida yang diambil merupakan perwakilan genus dari famili tumbuhan rimpang, dengan tujuan untuk memeriksa hubungan antar spesies yang berbeda yang tertera pada Tabel 1.

Tabel 1. Data spesies tanaman rimpang yang digunakan dalam penelitian

No	Nama Lokal	Spesies	Sinonim	BP	Nomor Akses	Asal Geografis
1	Lengkuas	<i>Alpinia galanga</i> (L.) Willd	<i>Maranta galanga</i> L.	647	AF478715.1	Thailand
2	Lengkuas hitam	<i>Alpinia nigra</i> (Gaertn.) Burt	<i>Zingiber nigrum</i> Gaertn.	341	OP764027.1	Indonesia (Yogyakarta)
3	Lengkuas kecil	<i>Alpinia officinarum</i> Hance	<i>Languas officinarum</i> (Hance) Farw.	639	AF478718.1	China
4	Kapulaga	<i>Amomum compactum</i> (Sol. ex Maton) Skornick. & A.D.Poulsen	<i>Amomum compactum</i> Sol. ex Maton	622	AY351986.1	Indonesia (Jawa)
5	Temu kunci	<i>Boesenbergia rotunda</i> (L.) Mansf.	<i>Curcuma rotunda</i> L.	669	KY701331.1	Malaysia
6	Temu ireng	<i>Curcuma aeruginosa</i> Roxb.	-	592	JQ409983.1	Indonesia
7	Temu giring	<i>Curcuma heyneana</i> Valeton & Zijp	-	355	KJ803142.1	Indonesia (Jawa)

8	Temu mangga	<i>Curcuma mangga</i> Valeton & Zijp	-	554	KY129786.1	Indonesia
9	Kunyit	<i>Curcuma longa</i> L.	<i>Kua domestica</i> Medik. <i>Stissera curcuma</i> Giseke.	238	DQ445151.1	Korea Selatan
10	Temu lawak	<i>Curcuma xanthorrhiza</i> Roxb.	-	583	JQ409918.1	Indonesia (Jawa)
11	Temu putih	<i>Curcuma zedoaria</i> (Christm.) Roscoe	<i>Amomum zedoaria</i> Christm.	600	JQ409980.1	Indonesia (Jawa Barat)
12	Kapulaga sabrang	<i>Elettaria cardamomum</i> (L.) Maton	<i>Amomum cardamomum</i> L.	616	MH396866.1	India (Kerala)
13	Kecombrang	<i>Etlingera elatior</i> (Jack) R.M.Sm.	<i>Alpinia elatior</i> Jack	357	OL536478.1	Indonesia (Jawa Barat)
14	Kencur	<i>Kaempferia galanga</i> L.	<i>Alpinia sessilis</i> J.Koenig	721	OQ603810.1	Indonesia (Bali)
15	Bangle	<i>Zingiber cassumunar</i> Roxb.	<i>Zingiber purpureum</i> Roscoe	622	OR703696.1	Thailand
16	Jahe	<i>Zingiber officinale</i> Roscoe	<i>Amomum zingiber</i> L.	350	MT495786.1	China
17	Lempuyang	<i>Zingiber zerumbet</i> (L.) Roscoe ex Sm.	<i>Amomum zerumbet</i> L.	494	PQ564960.1	Indonesia (Jawa Barat)
18	Gendola	<i>Basella alba</i> L.	-	534	MK610434.1	China

Sumber: NCBI & Catalogue of Life

Prosedur kerja. Analisis filogenetik dilakukan secara *in silico* menggunakan perangkat lunak MEGA 12 (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*) [20]. Proses analisis mengikuti *pipeline* standar filogenetik [21] yang terdiri dari beberapa tahapan.

Pengumpulan dan seleksi data sekuen. Sekuen nukleotida daerah ITS untuk 17 spesies target dan 1 spesies outgroup (*Basella alba*) diunduh dari database NCBI GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>). Seleksi sekuen dilakukan secara *purposive* dengan beberapa kriteria, yaitu: merupakan sekuen lengkap dari daerah ITS yang mencakup ITS1, gen 5.8S, dan ITS2; berasal dari spesies tanaman rimpang yang merupakan endemik atau telah teridentifikasi dengan baik dan dibudidayakan di Indonesia; serta prioritas diberikan kepada sekuen yang diisolasi dari spesimen asal Indonesia untuk meningkatkan relevansi biogeografis studi. Asal geografis setiap sekuen yang digunakan tercantum pada Tabel 1.

Evaluasi kualitas dan preparasi data. Kualitas setiap sekuen dievaluasi berdasarkan panjang sekuen dan kelengkapan daerah ITS. Sekuen dengan panjang di bawah 500 pasangan basa (bp) dieksklusi dari analisis karena dianggap sebagai sekuen parsial yang tidak lengkap dan dapat mengakibatkan bias pada saat *alignment*. Seluruh sekuen yang memenuhi kriteria kemudian dikonversi ke dalam format FASTA untuk proses lebih lanjut.

Multiple sequence alignment (penyelarasan sekuen berganda). Penyelarasan sekuen berganda dilakukan menggunakan algoritma MUSCLE (*Multiple Sequence Comparison by Log-Expectation*) [22] yang terintegrasi dalam perangkat lunak MEGA 12. Parameter *alignment* menggunakan pengaturan default. Hasil *alignment* kemudian diperiksa dan disesuaikan secara manual untuk memastikan homologi posisi nukleotida dan memperbaiki daerah yang *mis-aligned*, terutama pada daerah ujung (*flanking regions*) sekuen.

Konstruksi pohon filogenetik. Pohon filogenetik direkonstruksi menggunakan metode *Neighbor-Joining* (NJ) [23]. Jarak genetik antar sekuen dihitung menggunakan

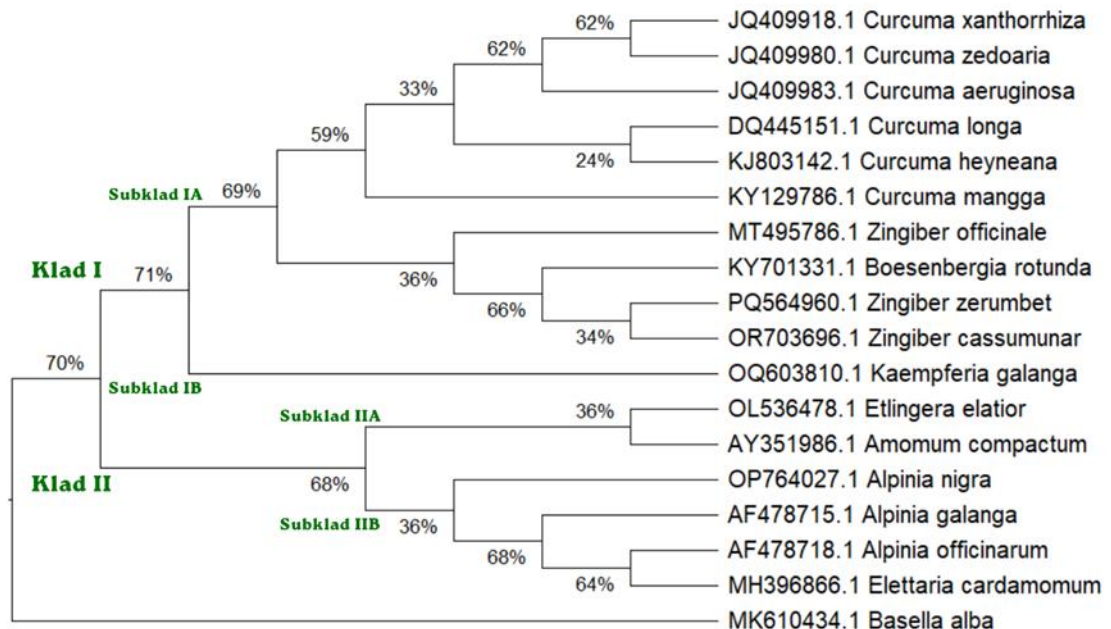
model substitusi nukleotida Kimura 2-Parameter (K2P). Pemilihan model K2P didasarkan pada kesederhanaan dan kemampuannya yang baik untuk data sekuen dengan tingkat divergensi menengah seperti ITS [24]. Semua posisi yang mengandung gap dan data yang missing dieliminasi (*complete deletion*). Kekuatan topologi dan kepercayaan setiap percabangan pada pohon filogenetik diuji menggunakan metode bootstrap dengan 1000 replikasi [25]. Nilai *bootstrap* $\geq 70\%$ umumnya dianggap sebagai indikator *support* yang kuat untuk sebuah klade.

Analisis dan interpretasi pohon. Pohon filogenetik yang dihasilkan dianalisis untuk mengidentifikasi pengelompokan (klade) dan hubungan kekerabatan antar takson. Hasil ini kemudian diinterpretasikan secara deskriptif dalam konteks etnobotani Indonesia dengan menghubungkan kedekatan filogenetik dengan profil fitokimia dan potensi pengobatan yang telah dilaporkan dalam literatur.

3. Hasil dan Pembahasan

3.1 Hasil Penelitian

Pohon filogenetik yang direkonstruksi berdasarkan sekuens penanda ITS menggunakan metode *Neighbor-Joining* (model Kimura 2-parameter) dengan 1000 replikasi *bootstrap* disajikan pada Gambar 1. Analisis ini berhasil mengungkap hubungan kekerabatan molekuler antar 17 spesies tanaman rimpang endemik Indonesia dengan nilai *support* yang bervariasi. Nilai *bootstrap* ($>50\%$) dari 1000 replikasi ditampilkan pada setiap node. Panjang cabang mencerminkan jarak evolusioner (jumlah substitusi nukleotida per site). *Basella alba* (Famili *Basellaceae*) digunakan sebagai *outgroup*.



Gambar 1. Pohon filogenetik tanaman rimpang berdasarkan penanda ITS

Pohon filogenetik berhasil mengelompokkan spesies-spesies tersebut menjadi dua klade utama dengan nilai *bootstrap* yang tinggi (Gambar 1). Klade I, yang didukung nilai *bootstrap* 68%, secara monofiletik mencakup genus *Curcuma*, *Zingiber*, *Kaempferia*, dan *Boesenbergia*. Klade I selanjutnya terbagi menjadi dua subklade yang didukung dengan kuat, yaitu subklade IA (*bootstrap* 69%) yang terdiri dari genus

Curcuma (6 spesies), *Zingiber* (3 spesies), dan *Boesenbergia rotunda*, serta subklade IB (*bootstrap* 59%) yang beranggotakan secara eksklusif *Kaempferia galanga*. Sementara itu, Klad II (*bootstrap* 38%) juga bersifat monofiletik dan terdiri dari genus *Etlingera*, *Amomum*, *Alpinia*, dan *Elettaria*. Di dalam klade II, terbentuk subklade IIB (*bootstrap* 64%) yang mengelompokkan *Alpinia officinarum* dan *Elettaria cardamomum* dengan hubungan kekerabatan yang sangat erat. Sebagai outgroup, *Basella alba* terpisah sangat jauh dari semua anggota famili Zingiberaceae, yang mengonfirmasi validitas pengakarannya dan bahwa kedua klade utama tersebut merupakan kelompok yang alami. Seluruh kelompok filogenetik utama beserta nilai *bootstrap* dan karakteristik umumnya dirangkum dalam Tabel 2.

Tabel 2. Ringkasan klade filogenetik utama berdasarkan analisis penanda ITS

Klade/Subklade	Nilai <i>Bootstrap</i> (%)	Genera yang Terwakili	Contoh Spesies
Klade I	68	<i>Curcuma</i> , <i>Zingiber</i> , <i>Boesenbergia</i> , <i>Kaempferia</i>	<i>C. longa</i> , <i>Z. officinale</i> , <i>B. rotunda</i> , <i>K. galanga</i>
Subklade IA	69	<i>Curcuma</i> , <i>Zingiber</i> , <i>Boesenbergia</i>	<i>C. xanthorrhiza</i> , <i>C. zedoaria</i> , <i>Z. zerumbet</i>
Subklade IB	59	<i>Kaempferia</i>	<i>K. galanga</i>
Klade II	38	<i>Etlingera</i> , <i>Amomum</i> , <i>Alpinia</i> , <i>Elettaria</i>	<i>E. elatior</i> , <i>A. compactum</i> , <i>A. galanga</i>
Subklade IIB	64	<i>Alpinia</i> , <i>Elettaria</i>	<i>A. officinarum</i> , <i>E. cardamomum</i>

Hubungan kekerabatan yang erat terlihat pada beberapa kelompok, seperti kelompok *Curcuma* yang terdiri dari *C. xanthorrhiza*, *C. zedoaria*, dan *C. aeruginosa* (nilai *bootstrap* 62%), serta kelompok *Zingiber* yang beranggotakan *Z. zerumbet* dan *Z. cassumunar* (nilai *bootstrap* 34%). Keeratan hubungan evolusioner ini selanjutnya akan menjadi dasar untuk hubungan dengan profil fitokimia untuk mengidentifikasi potensi pengobatan dari tanaman rimpang endemik Indonesia.

3.2 Pembahasan

Secara umum, pohon filogenetik yang dihasilkan menunjukkan pengelompokan yang sesuai dengan taksonomi genus. Meskipun sekuen-sekuen yang dianalisis berasal dari berbagai negara (Tabel 1), seperti Indonesia, Thailand, Malaysia, China, dan India, pengelompokan tetap didasarkan pada hubungan genetik dan bukan kedekatan geografis. Hal ini mengindikasikan bahwa marka ITS cukup kuat untuk mengungkap kekerabatan evolusioner pada famili Zingiberaceae yang melampaui batas biogeografis.

Selaras dengan pengelompokan taksonomi, pola filogenetik juga menunjukkan korelasi dengan kemiripan profil fitokimia dalam suatu klad atau genus. Sebagai contoh, spesies-spesies dalam genus *Curcuma* (klade I) seperti *C. longa*, *C. xanthorrhiza*, dan *C. zedoaria* cenderung kaya akan kurkuminoid dan senyawa turunannya, yang bertanggung jawab atas aktivitas antiinflamasi dan antioksidan yang kuat [26][27][28]. Sementara itu, genus *Zingiber* (klade I), termasuk *Z. officinale* dan *Z. zerumbet*, dikenal dengan kandungan gingerol dan zerumbone yang khas, yang masing-masing berperan dalam aktivitas gastrointestinal dan antikanker [2][29][30]. Namun, pemahaman yang komprehensif dan berbasis bukti mengenai potensi pengobatan setiap spesies memerlukan pendekatan yang melibatkan kajian literatur terhadap kandungan fitokimia dan aktivitas biologisnya. Berdasarkan kajian literatur, seluruh spesies tanaman rimpang yang diteliti menunjukkan profil fitokimia dan potensi terapeutik yang khas. Sebagai contoh, *Alpinia galanga* mengandung galangin dan minyak atsiri dengan aktivitas imunostimulan dan antibakteri [4]

[31][32], sedangkan *Boesenbergia rotunda* kaya akan panduratin yang berperan dalam efek nefroprotektif dan antiinflamasi [33][34]. *Curcuma aeruginosa* menunjukkan kemampuan sebagai penghambat lipase pankreas [28], sementara *Etlingera elatior* dilaporkan memiliki efek antidiabetes melalui penghambatan enzim α -glukosidase [35, 36]. *Kaempferia galanga* menonjol dengan kandungan ethyl-p-methoxycinnamate yang memiliki aktivitas anti-angiogenik atau antikanker [37], dan *Zingiber cassumunar* unggul dalam aktivitas antibakteri yang spesifik melalui terpinen-4-ol [30]. Dengan demikian, meskipun terdapat kemiripan dalam kelompok filogenetik yang sama, setiap spesies memiliki kekhasan fitokimia dan potensi terapetiknya sendiri-sendiri yang telah divalidasi oleh berbagai penelitian. Temuan ini memberikan panduan yang lebih terpercaya untuk eksplorasi potensi pengobatan berdasarkan bukti empiris yang tersaji pada Tabel 3.

Tabel 3. Potensi fitokimia dan aktivitas biologis tanaman rimpang berdasarkan studi empiris

No	Nama Ilmiah	Kandungan Fitokimia Utama	Aktivitas Biologis yang Dilaporkan	Referensi
1	<i>Alpinia galanga</i>	Galangin, flavonoid, minyak atsiri (1'-acetoxychavicol acetate)	Imunostimulan, afrodisiak, antibakteri, antioksidan	[4][31][32]
2	<i>Alpinia nigra</i>	Flavonoid, polifenol, minyak atsiri	Imunomodulator, antioksidan, antibakteri	[32]
3	<i>Alpinia officinarum</i>	Galangin, diarylheptanoid	Antimikroba, antioksidan, penghambat asetilkolinesterase	[38]
4	<i>Amomum compactum</i>	Flavonoid, polifenol, minyak atsiri (borneol, camphor)	Antibakteri, antioksidan, antidiabetes	[39]
5	<i>Boesenbergia rotunda</i>	Panduratin, pinostrobin, flavonoid	Nefroprotektif, antiinflamasi (penghambat TNF- α), antibakteri	[33][34]
6	<i>Curcuma aeruginosa</i>	Kurkuminoid, flavonoid, fenolik, minyak atsiri	Antioksidan, penghambat lipase pankreas, antimikroba	[28][40][41]
7	<i>Curcuma heyneana</i>	Kurkuminoid	(Data terbatas, diduga mirip genus <i>Curcuma</i> : antioksidan, antiinflamasi)	-
8	<i>Curcuma mangga</i>	Kurkuminoid, myrcene, p-cymene	Antimikroba, untuk gangguan pencernaan dan pernapasan (bronkitis, asma)	[42][43][44]
9	<i>Curcuma longa</i>	Kurkumin, demetoksikurkumin, bisdemetoksikurkumin	Antiinflamasi (NF- κ B), hepatoprotektif, imunomodulator (COVID-19), antimalaria	[3][45][46][47]
10	<i>Curcuma xanthorrhiza</i>	Kurkuminoid, xanthorrhizol, ar-turmeron	Antiinflamasi, antioksidan, antimikroba, hepatoprotektor, sinergis dengan antibiotik	[5][26][48]
11	<i>Curcuma zedoaria</i>	Kurkumin, zederon, germakron	Antitumor, antiinflamasi, antimikroba	[27][49]
12	<i>Elettaria cardamomum</i>	Terpen, senyawa fenolik, minyak atsiri	Penghambat asetilkolinesterase, untuk gangguan pencernaan, antioksidan	[38][50][51]
13	<i>Etlingera elatior</i>	Flavonoid, polifenol	Antidiabetes (penghambat α -glukosidase/ α -amilase), antioksidan, hepatoprotektif	[35][36][52]

14	<i>Kaempferia galanga</i>	Ethyl-p-methoxycinnamate, ethyl-cinnamate	Anti-angiogenik (antikanker), antihipertensi, ekspektoran, diuretik	[37][53][54]
15	<i>Zingiber cassumunar</i>	Terpinen-4-ol, γ -terpinene	Antibakteri (penghambat biofilm & quorum sensing <i>P. aeruginosa</i>)	[30]
16	<i>Zingiber officinale</i>	Gingerol, shogaol	Antioksidan, untuk gangguan gastrointestinal, antiemetik	[2][55]
17	<i>Zingiber zerumbet</i>	Zerumbone	Antikanker (apoptosis), antiinflamasi sistemik (NLRP3), antiulcer	[29][56][57][58]

Pohon filogenetik yang direkonstruksi menggunakan penanda ITS mengungkap struktur kekerabatan yang jelas di antara 17 spesies Zingiberaceae endemik Indonesia (Gambar 1). Hasil analisis menunjukkan pemisahan yang kuat menjadi dua klade utama (I dan II), yang konsisten dengan klasifikasi taksonomi tingkat genus. Klade I didominasi oleh genera *Curcuma*, *Zingiber*, *Kaempferia*, dan *Boesenbergia*, sementara klade II terdiri atas *Etlingera*, *Amomum*, *Alpinia*, dan *Elettaria*. Struktur ini memberikan kerangka evolusioner untuk memahami distribusi kandungan fitokimia dan potensi pengobatan pada suku Zingiberaceae. Keputusan menggunakan penanda ITS dalam studi ini didasarkan pada keunggulannya yang banyak dimanfaatkan dalam identifikasi keanekaragaman tanaman [59] antara lain tingkat akurasi dan spesifisitas yang tinggi, laju mutasi yang relatif cepat, serta ukurannya yang pendek (sekitar 700 pasang basa) [60]. Selain itu, sekuens ITS telah terbukti berfungsi sebagai penanda molekuler yang efektif untuk menentukan hubungan kekerabatan antar spesies tanaman rimpang [61].

Analisis kladogram dengan metode NJ lebih lanjut mengungkapkan pembagian dua klade utama tersebut. Klade I mencakup empat genera, yaitu *Curcuma*, *Zingiber*, *Kaempferia*, dan *Boesenbergia*, sedangkan Klade II terdiri dari genus *Etlingera*, *Amomum*, *Alpinia*, dan *Elettaria*. Pengelompokan ini merepresentasikan hubungan kekerabatan yang berbeda di antara spesies tanaman rimpang tersebut. Tingkat kepercayaan terhadap pengelompokan diperkuat oleh nilai bootstrap yang tertera pada setiap percabangan pohon filogenetik.

Klade I terbagi menjadi dua subklade, yaitu IA dan IB. Subklade IA mencakup enam spesies genus *Curcuma*, tiga spesies genus *Zingiber*, dan satu spesies genus *Boesenbergia*. Analisis *bootstrap* menunjukkan kedekatan filogenetik antara *C. xanthorrhiza* dan *C. zedoaria* dengan nilai 62%, yang mengindikasikan hubungan kekerabatan yang erat. Kedua spesies ini memiliki kesamaan kandungan kurkuminoid yang berperan dalam aktivitas anti-inflamasi, antioksidan, dan antimikroba [26][62]. Senyawa-senyawa ini menjadi dasar pemanfaatan kedua tanaman tersebut dalam pengobatan tradisional Asia. Selain kurkuminoid, minyak esensial dari kedua spesies juga dilaporkan memiliki efek terapeutik, khususnya dalam aktivitas antimikroba dan anti-inflamasi [62].

Kelompok dengan nilai bootstrap 62% juga mencakup *C. aeruginosa*, membentuk triad spesies *Curcuma* dengan profil fitokimia mirip. *C. xanthorrhiza* mengandung kurkuminoid, xanthorrhizol, dan ar-turmeron [5][26], sedangkan *C. zedoaria* dominan akan kurkumin, zederon, dan germakron [27]. Sementara itu, *C. aeruginosa* kaya akan flavonoid dan senyawa fenolik [28]. Komposisi ini mendukung efek antioksidan dan antiinflamasi yang menjadi ciri ketiga spesies. Senyawa tambahan seperti terpenoid dan seskuiterpenoid (xanthorrhizol pada *C. xanthorrhiza* dan triterpenoid pada *C. aeruginosa*) memperkuat aktivitas antimikroba dan antitumor, didukung pula oleh peran minyak atsiri [48][49]. Dalam

praktik pengobatan, ketiganya memiliki spesialisasi berbeda yaitu *C. xanthorrhiza* sebagai hepatoprotektor, *C. zedoaria* untuk terapi tumor, dan *C. aeruginosa* sebagai penghambat lipase [41]. Potensi integrasi dengan pengobatan modern juga terlihat, seperti sinergi *C. xanthorrhiza* dengan antibiotik tetrasiklin dan *C. zedoaria* dengan kemoterapi [5][49], yang membuka peluang pengembangan fitofarmaka standar.

Berbeda dengan kelompok sebelumnya, pasangan *C. longa* dan *C. heyneana* menunjukkan divergensi lebih besar (*bootstrap* 24%). *C. longa* mengandung kurkumin sebagai senyawa utama dengan efek anti-inflamasi kuat melalui inhibisi jalur NF- κ B [45], serta berperan dalam terapi hepatoprotektif dan COVID-19 [46][47]. Sebaliknya, meskipun *C. heyneana* memiliki senyawa serupa seperti kurkuminoid, penelitian tentang efektivitas terapinya masih terbatas. Perbedaan konsentrasi senyawa aktif dan variasi metabolit sekunder diduga menjadi penyebab disparitas kemanjuran klinis antara kedua spesies ini.

Variabilitas antarkultivar menjadi pembeda penting, terutama pada *C. longa* yang menunjukkan keragaman metabolit sekunder signifikan [63]. Hal ini memengaruhi optimalisasi pemanfaatan klinisnya. Pada *C. heyneana*, variabilitas serupa diperkirakan ada namun memerlukan penelitian lebih mendalam untuk mengidentifikasi kultivar dengan potensi terapeutik optimal. Dengan demikian, meskipun berasal dari genus yang sama, perbedaan komposisi kimia dan tingkat eksplorasi ilmiah menjadikan aplikasi kedua spesies ini dalam pengobatan memiliki spektrum yang berbeda.

Dalam subklade IA, *C. mangga* menempati posisi filogenetik yang paling jauh dibandingkan spesies *Curcuma* lainnya. Studi komparatif menunjukkan perbedaan signifikan dalam komposisi fitokimia *C. mangga* dibandingkan *C. longa* dan *C. zedoaria* [42][43]. Meskipun mengandung kurkuminoid dan terpenoid seperti genus *Curcuma* pada umumnya, *C. mangga* memiliki keunikan dalam profil minyak atsiri dan asam fenolik yang memberi karakter aroma spesifik. Berbeda dengan *C. longa* yang dominan kurkumin [64], *C. mangga* justru kaya senyawa volatil seperti myrcene dan p-cymene yang berkontribusi pada aktivitas antimikroba unggul [44].

Spesialisasi terapi *C. mangga* terletak pada penanganan gangguan pencernaan dan pernapasan. Dalam sistem pengobatan Ayurvedic dan Unani [42], tanaman ini secara khusus dimanfaatkan untuk terapi bronkitis, asma, dan gangguan gastrointestinal. Kontras dengan *C. longa* yang lebih berperan sebagai antiinflamasi sistemik dan hepatoprotektor, *C. mangga* unggul dalam pengobatan infeksi kulit karena aktivitas antimikrobanya yang poten terhadap bakteri patogen [43]. Keunggulan ini berkorelasi dengan dominasi senyawa volatil dalam profil fitokimianya.

Studi empiris mengungkap perbedaan mendasar dalam variabilitas genetik yaitu pada *C. mangga*, variasi kimia terutama memengaruhi komposisi minyak atsiri, sementara pada *C. longa* lebih berdampak pada kadar kurkumin [64]. Implikasi klinisnya, strategi standarisasi ekstrak *C. mangga* harus berfokus pada komponen volatil, berbeda dengan *C. longa* yang memprioritaskan kurkuminoid. Temuan ini mempertegas pentingnya pendekatan spesifik-spesies dalam pemanfaatan tanaman obat.

Meskipun berkerabat dekat secara filogenetik (nilai *bootstrap* 34%), *Z. zerumbet* dan *Z. cassumunar* menunjukkan divergensi kimia dan terapeutik yang mencolok. *Z. zerumbet* mengandung zerumbone sebagai senyawa utama dengan aktivitas antikanker melalui mekanisme apoptosis dan antiinflamasi sistemik [29][56]. Senyawa ini juga terbukti memiliki efek antiulser dan meningkatkan kualitas hidup pasien kanker [57]. Sebaliknya, *Z. cassumunar* unggul dalam kandungan terpinen-4-ol dan γ -terpinene yang memberi efek antibakteri unik, termasuk inhibisi biofilm dan quorum sensing *Pseudomonas aeruginosa* [30].

Perbedaan farmakologi kedua spesies terletak pada mekanisme molekuler yaitu zerumbone bekerja via modulasi jalur NLRP3 [58], sedangkan komponen *Z. cassumunar* menargetkan membran sel bakteri. Secara klinis, *Z. zerumbet* lebih cocok untuk penyakit kronis seperti kanker, sementara *Z. cassumunar* efektif untuk infeksi bakteri akut. Perbedaan ini menunjukkan bagaimana keragaman genus *Zingiber* dapat dimanfaatkan untuk terapi yang lebih spesifik.

B. rotunda (temu kunci) membentuk klaster terpisah dari *Z. officinale* (nilai *bootstrap* 36%), dengan keunggulan dalam efek nefroprotektif. Ekstrak etanol rimpangnya (EEBR) terbukti mengurangi biomarker nefrotoksitas seperti Hacr1 dan Casp7 pada model tikus [33], sekaligus menunjukkan aktivitas antiinflamasi melalui inhibisi TNF- α [34]. Sementara itu, *Z. officinale* (jahe) lebih dikenal akan manfaat gastrointestinalnya melalui kandungan gingerol dan shogaol yang memodulasi stres oksidatif [55]. Kedua spesies ini merepresentasikan diversifikasi terapeutik dalam famili Zingiberaceae.

Subklade IB secara eksklusif terdiri dari spesies *K. galanga*. Tanaman ini mengandung berbagai senyawa bioaktif, terutama minyak esensial dengan komponen dominan berupa ethyl-para-methoxycinnamate dan ethyl-cinnamate [53]. Senyawa-senyawa tersebut terutama dapat diekstraksi menggunakan pelarut organik seperti heksana, diklorometana, dan metanol. Analisis lebih lanjut terhadap profil minyak esensialnya mengungkap keberadaan senyawa lain seperti pentadecane, cyperene, alpha-gurjunene, dan ethyl p-methoxycinnamate [54], yang banyak dimanfaatkan dalam industri karena karakteristik aromatikanya.

Secara tradisional, *K. galanga* telah lama dimanfaatkan dalam pengobatan berbagai penyakit, termasuk hipertensi, gangguan pernapasan (batuk dan asma), serta rematik. Selain itu, tanaman ini juga berfungsi sebagai ekspektoran, stimulan, dan diuretik dalam praktik pengobatan tradisional [53]. Lebih lanjut, penelitian modern mengungkap potensi terapeutik yang lebih spesifik dari senyawa turunannya. Senyawa trans-ethyl p-methoxycinnamate (TEM) yang diisolasi dari *K. galanga* terbukti memiliki aktivitas anti-angiogenik yang kuat melalui mekanisme penghambatan aktivitas VEGF [37], menjadikannya kandidat potensial untuk pengembangan terapi kanker.

Klade II terbagi menjadi dua subklade, yaitu subklade IIA dan subklade IIB. Pada subklade IIA, hanya terdapat dua spesies, yaitu *E. elatior* dan *A. compactum*, dengan tingkat kekerabatan yang cukup jauh (nilai *bootstrap* 36%). *E. elatior* menunjukkan sifat antidiabetik yang signifikan melalui kemampuannya menghambat enzim α -glukosidase dan α -amilase, meningkatkan sensitivitas insulin, serta melindungi sel pankreas dari stres oksidatif [35, 36, 52]. Sementara itu, *A. compactum* kaya akan metabolit sekunder seperti flavonoid dan polifenol yang berkontribusi pada aktivitas antibakteri dan antioksidannya [39]. Senyawa-senyawa ini menjadikannya efektif dalam mencegah stres oksidatif dan infeksi bakteri.

Pada subklade IIB, terdapat dua genus, yaitu *Alpinia* dan *Elettaria*. *A. nigra* dan *A. galanga* memiliki hubungan kekerabatan yang relatif jauh. *A. galanga* telah terbukti meningkatkan fungsi seksual pada pria dengan disfungsi ereksi yang diinduksi SSRI. Sebuah uji klinis menunjukkan bahwa suplementasi ekstrak *A. galanga* secara signifikan meningkatkan skor fungsi ereksi dibandingkan plasebo [31]. Di sisi lain, minyak atsiri *A. nigra* menunjukkan efek proliferasi pada sel mononuklear darah tepi manusia (PBMC) dan meningkatkan produksi sitokin, mengindikasikan potensinya sebagai agen imunostimulan alami untuk terapi pendamping kemoterapi [32].

Sementara itu, *A. officinarum* dan *E. cardamomum* memiliki kekerabatan yang lebih dekat (nilai *bootstrap* 64%). Keduanya merupakan anggota famili Zingiberaceae dengan

karakteristik fisiologis dan fitokimia yang mendukung penggunaannya dalam pengobatan tradisional maupun modern. *A. officinarum* (lengkuas kecil) dan *E. cardamomum* (kapulaga sabrang) dikenal akan sifat aromatiknnya serta kandungan senyawa bioaktif yang beragam. Minyak esensial kapulaga, misalnya, kaya akan terpen dan senyawa fenolik yang bertanggung jawab atas efek terapeutiknya [38][50]. Keberadaan senyawa-senyawa ini menjadikan kedua tanaman tersebut banyak dimanfaatkan dalam pengobatan tradisional untuk mengatasi gangguan pencernaan dan infeksi [51].

Sebagai outgroup, *Basella alba* L. (famili Basellaceae) secara konsisten menempati posisi terpisah dan jauh dari seluruh spesies dari famili Zingiberaceae. Hal ini membuktikan bahwa pemilihan outgroup telah tepat untuk mengakar pohon filogenetik ini [65]. Secara keseluruhan, analisis ini menunjukkan bahwa penanda ITS efektif dalam mengungkap hubungan evolusi tanaman rimpang sekaligus memperkuat temuan etnobotani mengenai korelasi antara kedekatan genetik dengan pola pemanfaatan tradisional oleh masyarakat.

4. Kesimpulan

Penelitian *in silico* ini berhasil menganalisis kekerabatan filogenetik 17 spesies rimpang (Zingiberaceae) endemik Indonesia menggunakan penanda ITS, menunjukkan korelasi erat antara kedekatan genetik dengan profil fitokimia dan potensi pengobatan. Rekonstruksi filogenetik membagi spesies ke dalam dua klade utama: Klade I (*Curcuma*, *Zingiber*, *Kaempferia*, *Boesenbergia*) dan Klade II (*Etlingera*, *Amomum*, *Alpinia*, *Elettaria*). Spesies berkerabat dekat, seperti *C. xanthorrhiza*, *C. zedoaria*, dan *C. aeruginosa*, memiliki senyawa bioaktif serupa (kurkuminoid, minyak atsiri) dengan aktivitas antiinflamasi, antioksidan, dan antimikroba, sedangkan divergensi genetik menghasilkan diversifikasi senyawa seperti antikanker (*Z. zerumbet*) dan antibakteri (*Z. cassumunar*). Temuan ini memperkuat dasar ilmiah pemanfaatan rimpang dalam pengobatan tradisional dan memberi panduan eksplorasi senyawa baru berbasis kedekatan genetik. Namun, keterbatasan penelitian meliputi ketergantungan pada kualitas data ITS, penggunaan satu penanda gen, serta sifat prediktif analisis *in silico* yang memerlukan validasi eksperimental. Oleh karena itu, penelitian lanjutan disarankan dengan pendekatan multi-gen atau genom lengkap, isolasi langsung senyawa fitokimia, uji farmakologis *in vitro* dan *in vivo*, kajian genetik biosintesis senyawa bioaktif, serta penambahan sampel rimpang endemik Indonesia untuk memperkaya basis data dan analisis.

Daftar Pustaka

- [1] M. Kamal, Y. Hariadi, F. I. Lismana, R. Y. Amanda, N. Nasriati, M. Mauliza, M. Mutia, R. Yanti, N. E. Puteri, and N. O. Maliza, "Studi etnobotani tanaman herbal di Desa Lae Gecih: Pemanfaatan dan Pelestarian," *Teknodimas: Teknologi Pengabdian Masyarakat*, vol. 2, no. 1, pp. 171–176, 2024.
- [2] S. Srikandi, M. Humaeroh, and R. T. M. Sutamihardja, "Kandungan gingerol dan shogaol dari ekstrak jahe merah (*Zingiber officinale* Roscoe) dengan metode maserasi bertingkat," *Al Kimiya: Jurnal Ilmu Kimia dan Terapan*, vol. 7, no. 2, pp. 75–81, 2020, doi: 10.15575/ak.v7i2.6545.
- [3] M. Fahira, M. A. Darmawan, M. R. I. Y. Pratama, M. R. Irawan, N. Safira, and M. Andanalusia, "Potensi kurkumin pada kunyit (*Curcuma longa* sp.) dalam penatalaksanaan malaria," *Lombok Medical Journal*, vol. 2, no. 2, pp. 142–147, 2023, doi: 10.29303/lmj.v2i2.2790.
- [4] M. Hapsari, W. Rizkiprilisa, and A. Sari, "Pengaruh lama fermentasi terhadap aktivitas antioksidan minuman fermentasi kombucha lengkuas merah (*Alpinia purpurata*)," *Agromix*, vol. 12, no. 2, pp. 146–149, 2021, doi: 10.35891/agx.v12i2.2647.
- [5] Y. Yuandani, W. A. Septama, D. S. Utami, S. E. Nugraha, N. A. Khairunnisa, H. R. Nasution, and R. Rizka, "Antibacterial, bacteriolytic, antibiofilm, and synergistic effects of curcuma species ethanol extracts with antibiotic against multidrug resistant *Pseudomonas aeruginosa*," *Journal of Herbmmed Pharmacology*, vol. 13, no. 1, pp. 153–162, 2024, doi: 10.1093/lambio/ovad126.
- [6] B. M. Girsang, L. R. Nasution, K. H. Ginting, and E. Elfira, *Etnofarmakologi: Pengobatan Herbal*

- Tradisional Indonesia untuk Perawatan Luka*. Azzia Karya Bersama, 2025.
- [7] Y. Prasetyo, M. F. Al Fatih, M. J. I. A. Zida, M. Isnain, and A. M. Rizki, "Analisis perbandingan optimizer SGD dan ADAM pada model CNN untuk klasifikasi jamur edible dan poisonous," *JATI (Jurnal Mahasiswa Teknik Informatika)*, vol. 9, no. 1, pp. 1348–1354, 2025, doi: 10.36040/jati.v9i1.12659.
 - [8] R. R. D. S. Manik, B. D. H. Setyono, W. A. Diamahesa, S. Dwiyantri, R. I. Affandi, D. Diniariwisani, T. B. C. Rahmadani, L. F. Mulyani, W. O. S. Wulan, M. Sumsanto, A. P. Basir, and A. Rumondang, *Budidaya Pakan Alami*. Tohar Media, 2024.
 - [9] F. Farida, S. Mubarak, K. Kusumiyati, and N. Wicaksana, "Karakteristik pertumbuhan tanaman dan gugur buah keprok 'JOP' pada umur tanaman berbeda," *Agrikultura*, vol. 34, no. 2, pp. 171–178, 2023, doi: 10.24198/agrikultura.v34i2.45657.
 - [10] K. A. Miranti, S. Wahyuni, T. I. Permana, D. Fatmawati, and M. M. Nuryady, "Specific primer design of dengue vector aedes aegypti based on the coding DNA ITS-1, 5.8 S ribosomal RNA, and ITS-2," *Jurnal Veteriner*, vol. 24, no. 1, pp. 76–82, 2023, doi: 10.19087/jveteriner.2023.24.1.76.
 - [11] R. Nugraha, P. S. Dewi, and M. Nurilmala, "Evaluasi primer gen Coi sebagai biomarker ketertelusuran ikan menggunakan bioinformatika," *Jurnal Pengolahan Hasil Perikanan Indonesia*, vol. 25, no. 1, pp. 67–79, 2022, doi: 10.17844/jphpi.v25i1.36501.
 - [12] I. G. A. S. Wangiyana, "Rekonstruksi pohon filogenetik dari sekuen maturase K *Gyrinops versteegii* menggunakan referensi pencarian MegaBLAST," *Jurnal Sangkareang Mataram*, vol. 9, no. 2, pp. 19–24, 2022.
 - [13] T. Horiike, "An introduction to molecular phylogenetic analysis," *Reviews in Agricultural Science*, vol. 4, pp. 36–45, 2016, doi: 10.7831/ras.4.0_36.
 - [14] P. Kapli, Z. Yang, and M. J. Telford, "Phylogenetic Tree Building in the Genomic Age," *Nature Reviews Genetics*, vol. 21, no. 7, pp. 428–444, 2020, doi: 10.1038/s41576-020-0233-0.
 - [15] H. Liang and J. Chen, "Comparison and phylogenetic analyses of nine complete chloroplast genomes of Zingiberaceae," *Forests*, vol. 12, no. 6, p. 710, 2021, doi: 10.3390/f12060710.
 - [16] S. Akram, S. Khamis, S. Zulkifly, R. Talib, and N. I. Ab Ghani, "Phylogeny study of 20 selected species of Zingiberaceae from ex situ collections in Peninsular Malaysia," *Pertanika Journal of Tropical Agricultural Science*, vol. 46, no. 1, pp. 329–345, 2023, doi: 10.47836/pjtas.46.1.18.
 - [17] D. Hao and P. Xiao, "Plant pharmacophylogeny: Past, present and future," *Journal of Chinese Pharmaceutical Sciences*, vol. 29, no. 12, pp. 831–854, 2020, doi: 10.5246/jcps.2020.12.075.
 - [18] A. A. Parikesit, D. Anurogo, and R. A. Putranto, "Pemanfaatan bioinformatika dalam bidang pertanian dan kesehatan," *Menara Perkebunan*, vol. 85, no. 2, pp. 105–115, 2017, doi: 10.22302/iribb.jur.mp.8v5i2.257.
 - [19] D. Hidyana, I. M. Budiarsa, A. Ashari, M. Trianto, M. Nurdin, and Y. Windarsih, "Analisis filogenetik lebah madu endemik Sulawesi *Apis nigrocincta* Smith, 1860 berdasarkan gen 16S rRNA," *Bioscientist: Jurnal Ilmiah Biologi*, vol. 13, no. 1, pp. 542–551, 2025, doi: 10.33394/bioscientist.v13i1.14968.
 - [20] S. Kumar, G. Stecher, M. Suleski, M. Sanderford, S. Sharma, and K. Tamura, "MEGA12: Molecular evolutionary genetic analysis version 12 for adaptive and green computing," *Molecular Biology and Evolution*, vol. 41, no. 12, p. msae263, 2024, doi: 10.1093/molbev/msae263.
 - [21] B. G. Hall, "Building phylogenetic trees from molecular data with MEGA," *Molecular Biology and Evolution*, vol. 30, no. 5, pp. 1229–1235, 2013, doi: 10.1093/molbev/mst012.
 - [22] Á. Rubio-Largo, L. Vanneschi, M. Castelli, and M. A. Vega-Rodríguez, "A characteristic-based framework for multiple sequence aligners," *IEEE Transactions on Cybernetics*, vol. 48, no. 1, pp. 41–51, 2016, doi: 10.1109/TCYB.2016.2621129.
 - [23] J. Rusinko and M. McPartlon, "Species tree estimation using neighbor joining," *Journal of Theoretical Biology*, vol. 414, pp. 5–7, 2017, doi: 10.1016/j.jtbi.2016.11.005.
 - [24] A. J. Barley and R. C. Thomson, "Assessing the performance of DNA barcoding using posterior predictive simulations," *Molecular Ecology*, vol. 25, no. 9, pp. 1944–1957, 2016, doi: 10.1111/mec.13590.
 - [25] F. F. Nascimento, M. dos Reis, and Z. Yang, "A biologist's guide to bayesian phylogenetic analysis," *nature ecology & evolution*, vol. 1, no. 10, pp. 1446–1454, 2017, doi: 10.1038/s41559-017-0280-x.
 - [26] E. Rahmat, J. Lee, and Y. Kang, "Javanese turmeric (*Curcuma xanthorrhiza* Roxb.): Ethnobotany, phytochemistry, biotechnology, and pharmacological activities," *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*, vol. 2021, pp. 1–15, 2021, doi: 10.1155/2021/9960813.
 - [27] M. Silalahi, "Curcuma zedoaria (Christm.) Roscoe: Benefits and Bioactivity," *Eureka Herba Indonesia*, vol. 1, no. 2, pp. 41–48, 2020, doi: 10.37275/ehi.v1i2.10.
 - [28] R. Suharsanti, "Antioxidant activity and pancreatic lipase inhibition of *Curcuma aeruginosa* Roxb

- Rhizome Fractions,” *REPOSITORY STIFAR*, 2025.
- [29] S. T. Devi and K. Sanatombi, “A recent update on the pharmacological properties, biosynthesis, bioavailability, and toxicological effects of Zerumbone,” *Research Advances in Microbiology and Biotechnology*, vol. 9, pp. 50–58, 2024, doi: 10.9734/bpi/ramb/v9/7260E.
 - [30] A. W. Septama, M. A. Chiara, G. Turnip, A. N. Tasfiyati, R. T. Dewi, E. A. Sianipar, and A. Jaisi, “Essential oil of *Zingiber cassumunar* Roxb. and *Zingiber officinale* Rosc.: A comparative study on chemical constituents, antibacterial activity, biofilm formation, and inhibition of *Pseudomonas aeruginosa* quorum sensing system,” *Chemistry & Biodiversity*, vol. 20, no. 6, p. e202201205, 2023, doi: 10.1002/cbdv.202201205.
 - [31] F. Akbarzadeh, M. Eslamzadeh, G. Behravan, A. Ebrahimi, S. A. Emami, A. Gilan, and N. S. Hoseinian, “Assessing the effect of *Alpinia galanga* extract on the treatment of SSRI-induced erectile dysfunction: A randomized triple-blind clinical trial,” *Frontiers in Psychiatry*, vol. 14, p. 1105828, 2023, doi: 10.3389/fpsyt.2023.1105828.
 - [32] S. Dash, A. K. Gopinath, and S. Singh, “Evaluation of immunomodulatory activity of phytochemicals from *Alpinia galanga* and *Alpinia nigra* for potent immunostimulatory agent in chemotherapy,” *Res. J. Biotech.*, vol. 18, no. 11, pp. 49–57, 2023, doi: 10.25303/1811rjbt049057.
 - [33] D. Sujana, S. A. Sumiwi, N. M. Saptarini, and J. Levita, “The nephroprotective activity of *Boesenbergia rotunda* rhizome by reducing creatinine, urea nitrogen, glutamic pyruvic transaminase, and malondialdehyde levels in the blood and attenuating the expression of Havcr1 (KIM-1), Lcn2 (NGAL), Casp3, and Casp7 genes in the kidney cortex of cisplatin-induced sprague-dawley rats,” *JEP*, vol. 16, pp. 189–200, 2024, doi: 10.2147/JEP.S459483.
 - [34] A. Rosdianto, M. Puspitasari Irma, R. Lesmana, and J. Levita, “Bioactive compounds of *Boesenbergia* sp. and their anti-inflammatory mechanism: A review,” *J App Pharm Sci*, vol. 10, no. 7, pp. 116–126, 2020, doi: 10.7324/JAPS.2020.10715.
 - [35] Z. Zumaidar, N. Asmilia, S. Saudah, and M. Husnah, “In vitro alpha-glucosidase inhibitory effect of *Etlingera elatior* ethanol extract growing in Gayo Highland, Aceh Province, Indonesia,” *F1000Research*, vol. 13, p. 489, 2024, doi: 10.12688/f1000research.149029.2.
 - [36] D. D. R. Turista, Q. A. Lathifah, A. N. M. Ansori, Y. Antonius, G. A. V. Posa, W. C. Rizky, T. G. A. Dings, G. K., K. Omarova, and I. Anikina, “In vivo antidiabetic properties of *Etlingera elatior* leaf extract in alloxan-induced diabetic rats,” *Research Journal of Pharmacy and Technology*, vol. 15, no. 9, pp. 3879–3886, 2022, doi: 10.52711/0974-360X.2022.00650.
 - [37] W. Huang, N. Zheng, N. Niu, Y. Tan, Y. Li, and H. Tian, “Potent anti-angiogenic component in *Kaempferia galanga* L. and its mechanism of action,” *Journal of Ethnopharmacology*, vol. 324, p. 117811, 2024, doi: 10.1016/j.jep.2024.117811.
 - [38] M. Pavarino, A. Marengo, C. Cagliero, C. Bicchi, P. Rubiolo, and B. Sgorbini, “*Elettaria cardamomum* (L.) maton essential oil: An interesting source of bioactive specialized metabolites as inhibitors of acetylcholinesterase and butyrylcholinesterase,” *Plants*, vol. 12, no. 19, pp. 1–11, 2023, doi: 10.3390/plants12193463.
 - [39] M. Irfan and H. Haryoto, “Review: Aktivitas farmakologi dan kadar senyawa flavonoid total dari tanaman kapulaga (*Amomum compactum*),” *Usadha Journal of Pharmacy*, pp. 205–217, 2022, doi: 10.23917/ujp.v1i2.117.
 - [40] Z. Zulfiah, M. Megawati, H. Herman, S. H. A. Lau, M. F. Hasyim, M. Murniati, A. Roosevelt, Y. K. Kadang, N. I. Ar, and G. Patandung, “Uji toksisitas ekstrak rimpang temu hitam (*Curcuma aeruginosa* Roxb.) terhadap larva udang (*Artemia salina* Leach) dengan metode *brine shrimp lethality test* (BSLT),” *Jurnal Farmasi Sandi Karsa*, vol. 6, no. 1, pp. 44–49, 2020, doi: 10.36060/jfs.v6i1.67.
 - [41] S. Suryani, A. C. Al Anshory, M. Marlin, I. M. Artika, L. Ambarsari, and W. Nurcholis, “Variability total phenolic content and antioxidant activity of *Curcuma zanthorrhiza* and *C. aeruginosa* cultivated in three different locations in West Java, Indonesia,” *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, vol. 23, no. 4, pp. 1998–2003, 2022, doi: 10.13057/biodiv/d230434.
 - [42] L. Choudhary, R. Jain, and S. Sahn, “Mango ginger–curcuma amada–the uncommon spice with uncommon pharmacotherapeutic potentials,” *Research Journal of Pharmacy and Technology*, vol. 17, no. 3, pp. 1418–1424, 2024, doi: 10.52711/0974-360X.2024.00225.
 - [43] P. D. Barman, V. Rajasree, M. Mohanalakshmi, R. Renuka, and P. Meenakshi, “Phytochemical profiling of mango ginger (*Curcuma amada*): A comprehensive review of bioactive compounds and health implications,” *Plant Science Today*, vol. 11, p. 5622, 2024, doi: 10.14719/pst.5622.
 - [44] M. M. Rahaman, A. Rakib, S. Mitra, A. M. Tareq, T. B. Emran, A. F. M. S. U. Daula, M. N. Amin, and J. S. Gandara, “The genus *Curcuma* and inflammation: Overview of the pharmacological perspectives,”

- Plants*, vol. 10, no. 1, p. 63, 2020, doi: 10.3390/plants10010063.
- [45] H. Negaoui, H. Grar, H. Kaddouri, O. Kheroua, and D. Saïdi, "Effet curatif du *Curcuma longa* après induction d'inflammation chez la souris Balb/C," *Nutrition Clinique et Métabolisme*, vol. 36, no. 1, p. S74, 2022, doi: 10.1016/j.nupar.2021.12.144.
 - [46] R. B. Indradi, D. A. E. Pitaloka, and S. Suryani, "Network pharmacology to uncover potential anti-inflammatory and immunomodulatory constituents in *Curcuma longa* rhizome as complementary treatment in COVID-19," *Pharmacia*, vol. 69, pp. 995–1003, 2022, doi: 10.3897/pharmacia.69.e89799.
 - [47] N. W. A. Riani, I. M. S. Utama, and I. B. O. Winaya, "The hepatoprotective effect of *Curcuma longa* extract on dengue virus serotype-2 infected BALB/c mice," *Open Access Macedonian Journal of Medical Sciences*, vol. 11, no. A, pp. 111–116, 2023, doi: 10.3889/oamjms.2023.8993.
 - [48] A. W. Septama, A. N. Tasfiyati, and R. T. Dewi, "A synergistic action of *Curcuma xanthorrhiza* essential oil with tetracycline against *Pseudomonas aeruginosa* and its effect on bacterial membrane permeability," in *AIP Conference Proceedings*, AIP Publishing LLC, vol. 2493, no. 1, p. 070009, doi: 10.1063/5.0109893.
 - [49] N. Song, X. Wang, and M. Yuan, "Proliferative effects of *Curcuma zedoaria* extract on ovarian tumor cells," *Pharmacognosy Magazine*, vol. 21, no. 3, pp. 959–973, 2025, doi: 10.1177/09731296241298344.
 - [50] M. F. Ramadan, M. Khider, K. Elbanna, H. H. Abulreesh, and A. M. A. Assiri, "Rediscovery of cold pressed cardamom (*Elettaria cardamomum* L.) oil: A good source of fat-soluble bioactives with functional and health-enhancing traits," *Rend. Fis. Acc. Lincei*, vol. 33, no. 3, pp. 631–642, 2022, doi: 10.1007/s12210-022-01081-w.
 - [51] S. Qiblawi, M. A. Kausar, S. M. A. Shahid, M. Saeed, and A. Y. Alazzeah, "Therapeutic interventions of cardamom in cancer and other human diseases," *Journal of Pharmaceutical Research International*, pp. 74–84, 2020, doi: 10.9734/jpri/2020/v32i2230774.
 - [52] F. Lutfiyah, A. Sulaeman, and S. N. Stiani, "Daun kecombrang (*Etlingera elatior*) sebagai antihyperglykemi pada penderita diabetes mellitus," *Ibnu Sina: Jurnal Kedokteran dan Kesehatan - Fakultas Kedokteran Universitas Islam Sumatera Utara*, vol. 24, no. 1, pp. 140–146, 2025, doi: 10.30743/ibnusina.v24i1.701.
 - [53] A. R. Khairullah, T. I. Solikhah, A. N. M. Ansori, R. H. Hanisia, G. A. Puspitarani, A. Fadholly, and S. C. Ramandinianto, "Medicinal importance of *Kaempferia galanga* L. (Zingiberaceae): A comprehensive review," *J Herbmed Pharmacol*, vol. 10, no. 3, pp. 281–288, 2021, doi: 10.34172/jhp.2021.32.
 - [54] M. Muzzazinah, A. Yunus, Y. Rinanto, Y. Suherlan, M. Ramli, D. S. Putri, D. W. Ningtyas, A. L. Rahma, and S. J. Nabila, "Profile of chemical compounds and potency of galangal (*Kaempferia galanga* L.) essential oils from Kemuning Village, Karanganyar District, Central Java, Indonesia," *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, vol. 25, no. 4, pp. 1386–1393, 2024, doi: 10.13057/biodiv/d250406.
 - [55] S. Zhang, X. Kou, H. Zhao, K.-K. Mak, M. K. Balijepalli, and M. R. Pichika, "Zingiber officinale var. rubrum: Red ginger's medicinal uses," *Molecules*, vol. 27, no. 3, p. 775, 2022, doi: 10.3390/molecules27030775.
 - [56] N. A. Wani, B. Zhang, K. Teng, J. M. Barajas, T. Motiwala, P. Hu, L. Yu, R. Bruschweiler, K. Ghoshal, and S. T. Jacob, "Reprogramming of glucose metabolism by zerumbone suppresses hepatocarcinogenesis," *Molecular Cancer Research*, vol. 16, no. 2, pp. 256–268, 2018, doi: 10.1158/1541-7786.MCR-17-0304.
 - [57] A. Kumar, D. K. Basedia, B. Dubey, S. K. Shah, and S. Goutam, "Pharmacological and phytochemical investigation of plant *Zingiber zerumbet* having anti-ulcer activity," *Journal of Biomedical and Pharmaceutical Research*, vol. 13, no. 6, pp. 12–19, 2024, doi: 10.32553/jbpr.v13i6.1192.
 - [58] C.-C. Su, S. C. Wang, I. C. Chen, F. Y. Chiu, P. L. Liu, C. H. Huang, K. H. Huang, S. H. Fang, W. C. Cheng, S. P. Huang, H. C. Yeh, C. C. Liu, P. Y. Lee, M. Y. Huang, and C. Y. Li, "Zerumbone suppresses the LPS-induced inflammatory response and represses activation of the NLRP3 inflammasome in macrophages," *Frontiers in Pharmacology*, vol. 12, p. 652860, 2021, doi: 10.3389/fphar.2021.652860.
 - [59] R. Afrianti, E. S. Wardi, A. H. Putri, and S. Suryani, "Barcode DNA tanaman mengkudu (*Morinda citrifolia* L) berdasarkan gen ITS (Internal Transcribed Spacer)," *Jurnal Katalisator*, vol. 8, no. 1, pp. 123–136, 2023, doi: 10.22216/jk.v5i2.5717.
 - [60] D. A. G. Perwitasari, S. Rohimah, T. Ratnasari, B. Sugiharto, and M. Su'udi, "DNA barcoding of medicinal orchid *Dendrobium discolor* Lindl. Tanimbar using rbcL and ITS genes," *Buletin Penelitian Tanaman Rempah dan Obat*, vol. 31, no. 1, pp. 8–20, 2020, doi: 10.5555/20210076248.
 - [61] F. Azrial, "Construction of the phylogenetic tree from genus of carnivorous plants based on internal transcribed spacer (ITS) marker in silico," *Indonesian Journal of Biology Education*, vol. 8, no. 1, pp. 21–24, 2025, doi: 10.31002/ijobe.v8i1.2048.

- [62] D. S. Rachmatan and T. Hidayat, "Screening tumbuhan alternatif penghasil xanthorrhizol menggunakan pendekatan in-silico berdasarkan marker MatK," vol. 37, no. 1, pp. 7-12, 2020, doi: 10.20884/1.mib.2020.37.1.995.
- [63] P. Kulyal, S. Acharya, A. B. Ankari, P. K. Kokkiripati, S. D. Tetali, and A. S. Raghavendra, "Variable secondary metabolite profiles across cultivars of *Curcuma longa* L. and *C. aromatica* Salisb.," *Frontiers in Pharmacology*, vol. 12, p. 659546, 2021, doi: 10.3389/fphar.2021.659546.
- [64] M. Chen, J. Sun, H. Yao, F. Gong, L. Cai, C. Wang, Q. Shao, and Z. Wang, "Analysis of genetic and chemical variability of five *Curcuma* species based on DNA barcoding and HPLC fingerprints," *Frontiers in Plant Science*, vol. 14, p. 1229041, 2023, doi: 10.3389/fpls.2023.1229041.
- [65] W. E. Kusuma, Y. Widyawati, M. Dailami, K. N. A. Kholil, A. F. Paricahya, I. Sufaichusan, and, "Posisi filogenetik ikan kotes (*Channa gachua* (Hamilton, 1822)) dan ikan kutuk (*Channa striata* (Bloch, 1793)) dari Jawa Timur berdasarkan urutan DNA mitokondria cytochrome C oxidase subunit I," *Berita Biologi*, vol. 23, no. 2, pp. 269–283, 2024, doi: 10.55981/beritabiologi.2024.2733.