



**ANALISIS FILOGENETIK FAMILI ZINGIBERACEAE & COSTACEAE
BERDASARKAN PENANDA MATK DAN GEN PARSIAL**

¹Teressa Novita Evelyn, ²Nadya Rahma Widyanti, ³Nadia Nurul Fadhilah, ⁴Muhammad Zainal Arifin,
^{5*}Topik Hidayat

Universitas Pendidikan Indonesia, Indonesia

*Corresponding author E-mail: topikhidayat@upi.edu

DOI : 10.30605/biogenerasi.v10i4.7827

Accepted : 1 Desember 2025 Approved : 30 Desember 2025 Published : 31 desember 2025

Abstract

This study analyzes the phylogenetic relationship between the Zingiberaceae and Costaceae families based on partial maturase K (matK) gene sequences and examines their common ancestry. A molecular systematic approach was applied, with DNA sequences aligned using ClustalX 2.1 and edited in BioEdit 7.0.5. Phylogenetic reconstruction was conducted using the maximum parsimony method in PAUP 4.0b10 with heuristic search and 1000 bootstrap replications. The results show a clear separation between Zingiberaceae and Costaceae, with Musa (Musaceae) as the outgroup. Costaceae is identified as the sister family of Zingiberaceae, indicating a shared ancestor. The paraphyletic nature of *Costus* and taxonomic anomalies likely reflect limited resolution of partial matK data.

Keywords : *Zingiberaceae, Costaceae, Filogenetic, MatK, Zingiberales*

PENDAHULUAN

Ordo Zingiberales termasuk ke dalam ordo yang mencakup beberapa keluarga penting dari kelompok monokotil tropis. Zingiberaceae dan Costaceae merupakan dua keluarga yang termasuk ke dalam ordo Zingiberales. Zingiberaceae dan Costaceae merupakan dua keluarga yang banyak menarik perhatian taksonomis karena morfologinya yang beragam dan memiliki nilai ekonomis serta ekologis. Karena keberagaman tersebut membuat pengklasifikasian taksonomi sering sulit dan ambigu. Untuk mengatasi hal tersebut, perlu penelitian lanjutan dengan menggunakan sekuens DNA dan gen plastid *matK* yang menjadi penanda penting untuk menganalisis hubungan kekerabatan dalam ordo Zingiberales (khususnya keluarga zingiberaceae dan costaceae) (Li et al, 2023).

Studi sebelumnya, memang telah menghasilkan temuan yang lebih rinci dan akurat mengenai hubungan kekerabatan antar kelompok dalam ordo Zingiberales. Namun, penelitian tersebut belum sepenuhnya membahas hubungan kekerabatan Zingiberaceae dan Costaceae. Berdasarkan tinjauan tersebut, kebaruan ilmiah (novelty) jurnal ini adalah: Penelitian ini menggunakan dataset *MatK* parsial untuk menganalisis filogenetik dengan menggabungkan sampel representatif dari kedua famili (Zingiberaceae dan Costaceae). Selanjutnya, hasil analisis tersebut akan menghasilkan pohon filogenetik yang kemudian, akan dibahas lebih lanjut mengenai pola kekerabatan yang terbentuk. (Li et al, 2023).

Gen *matK* merupakan salah satu penanda kloroplas yang banyak digunakan dalam studi filogenetik karena tingkat variasi nukleotidnya yang umumnya memadai untuk membedakan tingkat genus sampai spesies pada banyak kelompok tumbuhan, serta karena amplifikasi dan sekuensingnya relatif mudah bahkan dari material herbarium. Oleh karena itu, meskipun teknologi sekuensing genom lengkap semakin meluas, analisis yang memanfaatkan *matK* (atau fragmen *trnK/matK*) tetap relevan untuk memperluas cakupan sampling taksonomi, memfasilitasi perbandingan lintas-studi, dan menjembatani data lama dengan data baru (Ceron et al, 2022).

Kajian ini akan mengulas permasalahan mengenai hubungan kekerabatan antara famili Zingiberaceae dan Costaceae yang hingga kini masih menjadi topik penelitian dalam filogenetik tumbuhan. Oleh karena itu, diperlukan analisis yang lebih terarah untuk memperkuat pemahaman mengenai posisi dan kedekatan kekerabatan kedua famili tersebut dalam ordo Zingiberales. (Li et al, 2023).

Penggunaan data molekuler dalam mengkaji hubungan kekerabatan pada ordo Zingiberales menjadi krusial karena adanya fenomena evolusi konvergen pada karakter morfologi, di mana taksa yang tidak berkerabat dekat dapat memiliki penampilan fisik yang serupa akibat adaptasi lingkungan yang sama. Studi filogenetik berbasis DNA mampu memberikan resolusi yang lebih tajam dibandingkan karakter fenotipik tradisional dalam mengonfirmasi pemisahan famili Costaceae dari Zingiberaceae, serta memperjelas posisi taksonomi spesies yang sulit diidentifikasi secara visual (Hidayat et al., 2022).

Pemilihan sekuens gen *maturase K* (*matK*) sebagai marka molekuler didasarkan pada kemampuannya dalam menyediakan diskriminasi spesies yang tinggi pada kelompok tanaman berbunga dibandingkan marka kloroplas lainnya. Gen ini memiliki laju substitusi yang ideal untuk mendeteksi variasi genetik pada tingkat famili dan genus dalam ordo Zingiberales, sehingga sangat efektif digunakan untuk memvalidasi pemisahan taksonomi antara kelompok jahe-jahean (Zingiberaceae) dan kelompok spiral (Costaceae) yang sering kali sulit dibedakan hanya melalui observasi vegetatif (Lu et al., 2025).

Tujuan penelitian ini adalah menentukan dan memperjelas hubungan filogenetik antara Zingiberaceae dan Costaceae berdasarkan analisis sekuens gen *matK* dan fragmen parsial yang relevan dalam sistem kloroplas. Dengan demikian, penelitian ini diharapkan dapat menjembatani kesenjangan antara temuan-temuan sebelumnya yang berbasis penanda gen tunggal dan studi genom penuh, serta memberikan kontribusi ilmiah dalam memperjelas beberapa aspek evolusi

Zingiberales yang hingga saat ini masih belum tuntas secara komprehensif.

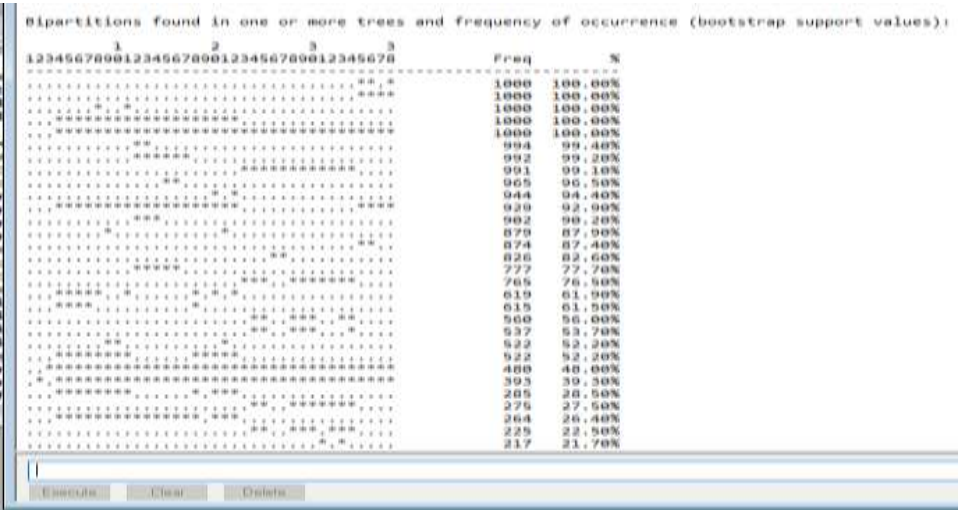
METODE

Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah bioinformatika komputasional dengan pendekatan kuantitatif. Untuk mengungkap relasi kekerabatan evolusioner famili Zingiberaceae dan Costaceae pada ordo Zingiberales, dilakukan analisis filogenetik berbasis komputer (in silico) menggunakan sekuen DNA gen matK yang diunduh dari GenBank NCBI sebagai data sekunder.

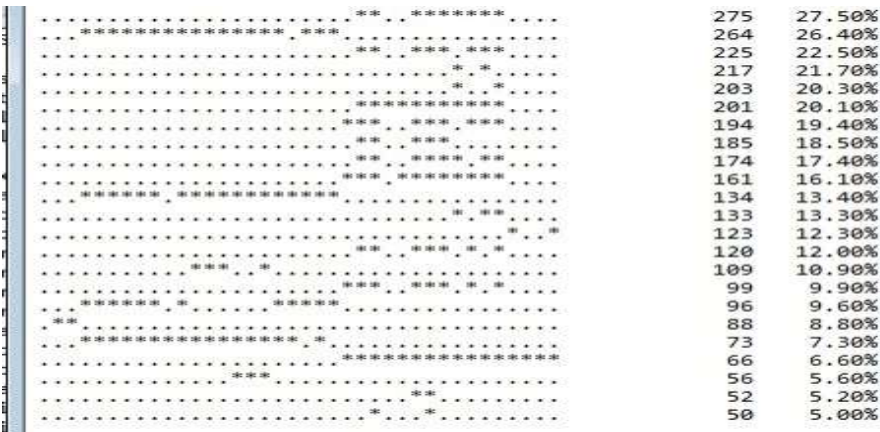
HASIL PENELITIAN

Hasil

Cakupan penelitian meliputi kajian filogenetik molekuler pada ordo Zingiberales dengan fokus utama pada famili Zingiberaceae dan Costaceae, dimana sekuen parsial gen matK kloroplas digunakan sebagai marka molekuler untuk mengkaji hubungan filogenetik di tingkat famili dan genus pada tumbuhan. Proses penyelarasan sekuen (*multiple sequence alignment*) dilakukan dengan memperhatikan stabilitas area konservatif dan area hipervariabel pada region *matK*. Penggunaan algoritma Clustal yang diikuti dengan penyuntingan manual pada software PAUP.



Gambar 1 Nilai Bootstrap



Gambar 2 Nilai Bootstrap

```

210 groups at (relative) frequency less than 5% not shown
paup> pscore/CI=yes RI=yes;

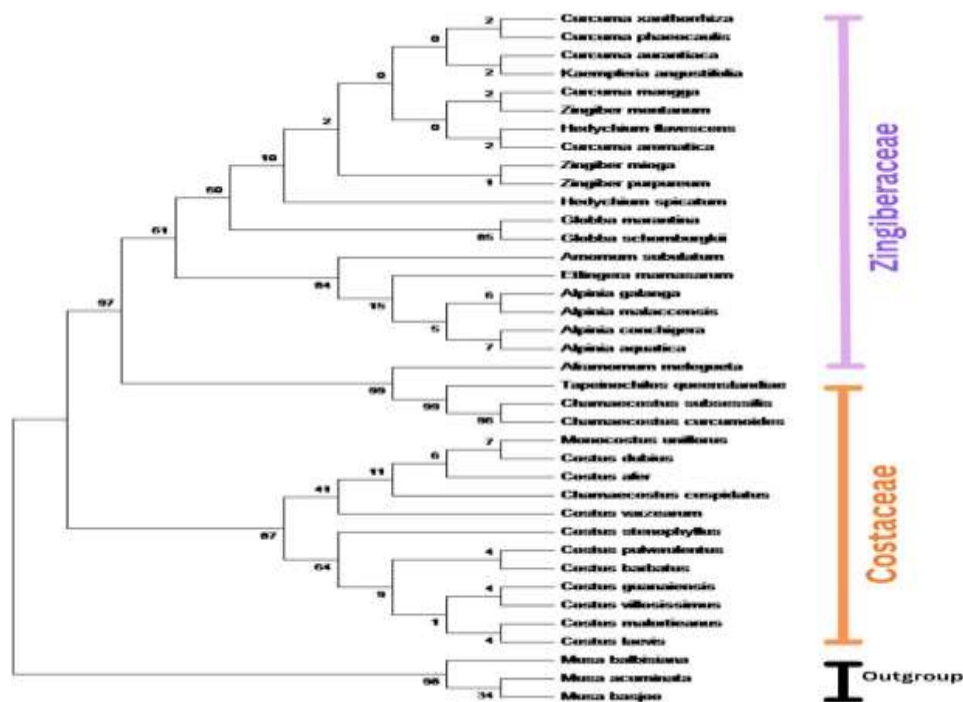
Lengths and fit measures of trees in memory:
Character-status summary:
Of 729 total characters:
  All characters are of type 'unord'
  All characters have equal weight
  289 characters are constant (proportion = 0.396433)
  79 variable characters are parsimony-uninformative
  Number of parsimony-informative characters = 361
  Gaps are treated as "missing"

Sum of min. possible lengths = 566
Sum of max. possible lengths = 2295

Tree #      1
Length      639
CI          0.886
RI          0.958

```

Gambar 3 Nilai CI/RI



Gambar 4 Pohon Filogeni

Pembahasan

Berdasarkan pohon filogenetik (Gambar 3.4) yang dihasilkan dari analisis gen *MatK* dan parsial, terdapat pemisahan yang jelas antara famili Zingiberaceae dan Costaceae, yang didukung oleh *Musa* (Musaceae) sebagai *outgroup*. Struktur ini sesuai dengan konsensus ilmiah bahwa ordo Zingiberales terdiri dari dua kelompok informal utama, yaitu "kelompok pisang" (*banana families*) yang parafiletik dan "kelompok jahe" (*ginger families*) yang

mencakup Zingiberaceae dan Costaceae. (Kress & Specht, 2023).

Analisis filogenetik ordo Zingiberales, berfokus pada famili Zingiberaceae dan Costaceae menggunakan gen *MatK* dan parsial, mengonfirmasi bahwa Costaceae adalah famili saudara (*sister family*) bagi Zingiberaceae. Hubungan ini didukung oleh temuan konsisten yang menempatkan kedua kelompok jahe ini terpisah dari *outgroup* seperti Musaceae (*Musa acuminata* dkk.). Temuan kunci yang

diungkapkan oleh pohon ini, yang sejalan dengan studi Specht et al pada 2021 lalu, adalah sifat parafiletik dari genus *Costus*. Genus tersebut tidak membentuk satu kelompok tunggal, melainkan terbagi menjadi garis keturunan basal seperti *Chamaecostus subsessilis* dan *C. curcumoides*, yang terpisah dari klaster besar spesies Neotropis.

Pemisahan tersebut menggarisbawahi bahwa morfologi tipe "Caldavena" (*Chamaecostus*), yang diidentifikasi oleh Specht pada tahun 2001 sebagai bentuk leluhur, telah menyimpang secara evolusioner lebih dulu. Sementara itu, kelompok spesies seperti *Costus barbatus*, *C. pulverulentus*, dan *C. villosissimus* membentuk satu klaster radiasi *Costus* yang relatif baru dan berevolusi cepat, terutama di Neotropis, sering dikaitkan dengan sindrom penyerbukan spesifik (burung atau lebah). Struktur ini menunjukkan bahwa famili Costaceae harus direvisi untuk mengakomodasi setidaknya empat garis keturunan evolusioner yang berbeda dan valid secara filogenetik (Oyan & Rostami, 2022).

Pohon filogenetik lebih lanjut menempatkan *Tapeinochilos queenslandiae* dan *Monocostus uniflorus* sebagai garis keturunan yang menyimpang dari *Costus* s.l., berkerabat dekat dengan *Chamaecostus*, yang semakin memperkuat pemahaman mengenai garis keturunan yang terfragmentasi. Namun, anomali terlihat pada penempatan *Aframomum melegueta*, yang secara taksonomi termasuk Zingiberaceae, tetapi berklaster di antara spesies Costaceae. Posisi yang menyimpang ini kemungkinan besar adalah artefak dari keterbatasan resolusi yang ditawarkan oleh penanda genetik *MatK* parsial yang digunakan dalam penelitian, yang terkadang sulit memisahkan divergensi basal antara dua famili saudara ini secara sempurna.

Data pada hasil bootstrap (Gambar 3.1) menunjukkan frekuensi dan persentase yang berbeda-beda. Pada data yang tercantum, hasil frekuensi dan persentase dapat diinterpretasikan bahwa, frekuensi dan persentase di angka lebih dari 95% menunjukkan dukungan sangat kuat. Frekuensi dan persentase 80–95% menunjukkan dukungan kuat. Frekuensi dan persentase 60–79 menunjukkan dukungan sedang. Frekuensi dan persentase 40–59% menunjukkan dukungan rendah. Frekuensi dan persentase <30%

menunjukkan dukungan sangat lemah (Simon, 2022 & Machado, 2021).

Jika nilai frekuensi dan persentase tersebut diinterpretasikan ke dalam hasil dari bootstrap pada gambar yang tercantum di hasil, maka bisa dilihat angka di atas merupakan kode urutan spesies secara berurutan yang tercantum data spesiesnya (angka dengan garis oranye menunjukkan nilai puluhan misalnya spesies urutan ke 10/20/30. Angka dengan garis hijau merupakan nilai satuannya misal spesies urutan ke 3/21/32). Tanda bintang (ditandai dengan garis biru) menginterpretasikan spesies yang termasuk kedalam kelompok hasil dari frekuensi dan persentase nilai yang tertera dalam nilai bootstrap, sebaliknya dengan tanda titik. Contoh : pada barisan pertama, terdapat 3 bintang pada spesies ke 35, 36, dan 38 (termasuk karena ditandai dengan bintang) maka spesies tersebut adalah *Chamaecostus subsessilis*, *Chamaecostus curcumoides*, dan *Tapeinochilos queenslandiae*. Ketiga spesies ini termasuk kedalam frekuensi dan persentase 100%.

Jika diperhatikan secara lebih mendalam, seluruh takson *Costus* secara konsisten membentuk klade tersendiri dan tidak bercampur dengan anggota famili Zingiberaceae. Persentase bipartisi yang memisahkan Zingiberaceae dan Costaceae menunjukkan nilai dukungan bootstrap yang tinggi ($\geq 70\%$, bahkan melebihi 90%). Oleh karena itu, dapat disimpulkan bahwa nilai bootstrap tersebut memberikan dukungan yang kuat terhadap pemisahan filogenetik Costaceae (*Costus*) dari Zingiberaceae. Temuan ini sejalan dengan penelitian Li et al. (2024), yang melaporkan bahwa berdasarkan analisis terhadap 13 spesies Costaceae, klade Costaceae terbentuk secara monofiletik dan tidak bercampur dengan anggota Zingiberaceae pada pohon filogenetik berbasis Maximum Likelihood (ML). Selain itu, simpul (node) yang memisahkan Costaceae dari famili lain dalam ordo Zingiberales, termasuk Zingiberaceae, memiliki nilai bootstrap yang sangat tinggi (sekitar 100%). Lebih lanjut, pada penelitian tersebut juga ditunjukkan bahwa struktur filogenetik Costaceae bersifat stabil dan konsisten di berbagai analisis, yang semakin memperkuat status Costaceae sebagai famili yang terpisah secara filogenetik.

Selain itu, tercantum dalam hasil tersebut bahwa "213 group at (relative) frequency less

than 5% not shown. Yang mengartikan bahwa 213 klade muncul dengan dukungan <5% dan tidak ditampilkan. Data tersebut tidak ditampilkan karena nilainya sangat rendah, dan dianggap sebagai struktur yang tidak stabil. Umumnya, klade yang berada dalam persentase <5%, disebut noise, yakni sinyal acak yang timbul karena keterbatasan informasi genetik atau karakter yang tidak cukup informatif. Maka dari itu, PAUP tidak menyertakan grup-grup ini agar interpretasi lebih fokus pada klad yang memiliki dukungan statistik yang lebih informatif mencerminkan pola kekerabatan yang lebih dapat dipercaya. Dengan demikian, penghilangan 213 grup tersebut bukan berarti datanya bebas noise, melainkan langkah untuk memastikan bahwa pohon yang dihasilkan hanya menampilkan hubungan yang relevan dan biologis signifikan (Lemoine & Gascuel, 2024).

Analisis filogenetik menggunakan metode *Maximum Parsimony* (MP) terhadap sekuens gen *matK* dan parsial menghasilkan satu pohon filogenetik (Tree #1) yang optimal dengan panjang 639 langkah dan didukung oleh 361 karakter parsimony-informatif. Kualitas pohon ini dinilai sangat tinggi, sebagaimana ditunjukkan oleh nilai *Consistency Index* (CI) sebesar 0.886 dan *Retention Index* (RI) sebesar 0.958. Nilai CI yang mendekati 1.0 mengindikasikan bahwa data molekuler ini memiliki tingkat homoplasi yang sangat rendah (sekitar 11.4%). Artinya, mutasi pada sekuens *matK* yang menyusun pohon tersebut sebagian besar merupakan karakter sinapomorfik yang unik, bukan hasil dari evolusi konvergen atau *back mutation* yang mengaburkan sinyal filogenetik. Temuan ini konsisten dengan literatur yang menempatkan *matK* sebagai penanda kloroplas yang cepat bermutasi namun masih mempertahankan sinyal filogenetik yang kuat pada tingkat famili dalam Monokotil (Li et al., 2021).

Tingginya nilai *Retention Index* (RI = 0.958) lebih lanjut menegaskan relevansi karakter-karakter informatif (sinapomorf) dalam mendukung pohon yang dihasilkan. Nilai RI yang ekstrem tinggi ini menunjukkan bahwa hampir semua karakter yang informatif untuk pengelompokan taksa dapat dipertahankan sebagai bukti hubungan kekerabatan sejati, dan hanya sedikit karakter yang bersifat plesiomorfik atau apomorf yang bertentangan dengan topologi pohon. Dalam konteks

Zingiberales, RI yang kuat ini membuktikan bahwa pemisahan filogenetik antara famili Zingiberaceae dan Costaceae, serta resolusi antar genus dalam famili tersebut, didukung oleh bukti molekuler gen *matK* yang sangat andal. Stabilitas hasil ini sangat penting untuk mendukung hipotesis mengenai posisi *sister group* kedua famili tersebut dalam ordo Zingiberales (Trimanto & Hapsari, 2021).

Secara keseluruhan, kombinasi CI dan RI yang sangat baik menegaskan bahwa sekuens gen *matK* adalah penanda yang tepat dan efektif untuk analisis filogenetik dalam lingkup Zingiberales. Keberhasilan dalam merekonstruksi hubungan filogenetik dengan tingkat *fitting* karakter yang tinggi ini (*goodness of fit*) mencerminkan bahwa pola divergensi genetik pada *matK* selaras dengan sejarah evolusi taksa morfologi pada Zingiberaceae dan Costaceae. Oleh karena itu, topologi pohon filogenetik yang dihasilkan dalam penelitian ini dapat dianggap sebagai representasi yang robust dan berdaya dukung tinggi untuk menguji hipotesis taksonomi dan biogeografi dalam sub-ordo Zingiberaceae.

Analisis filogenetik ordo Zingiberales yang berfokus pada famili Costaceae dan Zingiberaceae, menggunakan penanda gen *MatK* parsial, secara fundamental berhasil mengonfirmasi hubungan sister family antara kedua kelompok ini dalam ordo tersebut, selaras dengan temuan morfologi dan molekuler yang telah teruji (Kress & Specht, 2023). Struktur pohon yang dihasilkan memperkuat temuan kunci mengenai parafiletiknya genus *Costus*. Pohon tersebut dengan jelas memisahkan garis keturunan basal, diwakili oleh *Chamaecostus subsessilis* dkk., yang memiliki morfologi "Caldavena", dari klaster radiasi *Costus* Neotropis (*Costus barbatus* dkk.) yang diperkirakan mengalami diversifikasi evolusioner lebih baru. Pemisahan ini semakin ditegaskan oleh posisi *Tapeinochilos* dan *Monocostus* sebagai garis keturunan independen di luar *Costus sensu stricto*, yang menunjukkan kompleksitas filogenetik dan perlunya revisi taksonomi untuk mengakomodasi berbagai garis keturunan evolusioner dalam Costaceae (Oyan & Rostami, 2022).

Meskipun gen *MatK* efektif dalam membedakan famili, resolusi yang terbatas dari penanda gen tunggal ini terlihat pada ambiguitas kekerabatan tingkat basal. Hal ini

dibuktikan dengan adanya anomali penempatan *Aframomum melegueta* (yang secara taksonomi milik Zingiberaceae) dalam klaster Costaceae pada pohon ini. Permasalahan resolusi pada divergensi basal antara dua famili saudara ini telah mendorong penelitian filogenetik modern untuk beralih menggunakan pendekatan yang lebih kuat dan informatif, yaitu analisis genom kloroplas lengkap (plastome) (Li et al., 2023). Pendekatan genomik ini terbukti memberikan dukungan statistik yang jauh lebih tinggi dan resolusi yang akurat untuk hubungan kekerabatan. Secara spesifik, studi mutakhir oleh Lu et al. (2025), yang memfokuskan analisisnya pada genom kloroplas lengkap Zingiberaceae, menawarkan wawasan mendalam mengenai sejarah evolusi dan adaptasi famili tersebut terhadap lingkungan ekstrem. Hasil dari studi Lu et al. (2025) sangat relevan untuk memvalidasi dan mengoreksi temuan *MatK* kami, terutama dalam mengklarifikasi kekerabatan di dalam *clade* Zingiberaceae dan secara definitif memperkuat hubungan sister family antara Costaceae dan Zingiberaceae dengan bukti genomik yang paling kredibel.

Karakteristik morfologi antara famili Costaceae dan Zingiberaceae seringkali menunjukkan kemiripan yang signifikan, khususnya pada spesies *Costus afer* dan *Costus lucanusianus* yang memiliki perawakan herba tegak dengan tinggi mencapai 1–5 meter. Meskipun secara visual terlihat serupa, perbedaan spesifik dapat ditemukan pada detail mikromorfologi seperti keberadaan rambut halus pada pangkal lidah daun; pada *C. lucanusianus* ditemukan rambut serupa jarum, sedangkan pada *C. afer* bagian tersebut cenderung gundul (Mahmudan & Wahidah, 2025). Selain morfologi, penggunaan marka molekuler selain *matK* (seperti pada draf Anda), yaitu region *Internal Transcribed Spacer* (ITS), terbukti sangat efektif dalam menentukan batasan jenis karena memiliki laju mutasi yang tinggi dan sifatnya yang universal pada tanaman. Penggunaan marka ITS mampu mengonfirmasi identitas spesies melalui analisis filogenetik dengan metode UPGMA dan *Assemble Species by Automatic Partitioning* (ASAP) guna memvalidasi apakah variasi genetik yang ada masih berada dalam rentang spesies yang sama atau berbeda.

Pemisahan antara famili Costaceae dan Zingiberaceae secara historis didasarkan pada

pembagian subfamili, namun penelitian filogenetik terbaru telah mempertegas status Costaceae sebagai famili tersendiri yang mencakup genus *Costus* dan *Paracostus*. Secara morfologi, genus *Paracostus* dapat dibedakan dari *Costus* melalui habitusnya yang berupa tumbuhan merayap (*prostrate*) dengan jumlah daun yang sangat sedikit (seringkali hanya satu) dan perbungaan yang tidak mencolok. Sebaliknya, genus *Costus* dicirikan sebagai herba rizomatous dengan tunas tegak yang memiliki banyak daun tersusun spiral dan perbungaan terminal berupa malai (*spike*) dengan braktea yang seringkali berwarna cerah. Selain itu, karakteristik organ reproduksi seperti bentuk stigma menjadi pembeda krusial; *Costus* memiliki stigma 2-lamelat, sementara *Paracostus* memiliki bagian atas berbentuk corong dengan bagian lamelat yang melengkung ke bawah (*reflexed*). Variasi tinggi tanaman dalam famili ini juga sangat kontras, mulai dari spesies akalesen (*acaulescent*) seperti *C. spectabilis* yang tingginya kurang dari 0,3 meter hingga spesies raksasa seperti *C. giganteus* yang dapat mencapai tinggi 8 meter.

Keanekaragaman famili Zingiberaceae tidak hanya terlihat dari data molekuler, tetapi juga tercermin pada adaptasi morfologi organ vegetatifnya, terutama pada struktur rimpang dan bentuk daun. Berdasarkan posisi rimpangnya, anggota famili ini dapat dikategorikan menjadi dua kelompok utama, yaitu rimpang yang berada di atas permukaan tanah dengan dukungan akar tunjang (seperti pada *Amomum centrocephalum* dan *Hornstedtia tomentosa*) serta rimpang yang tumbuh di bawah permukaan tanah. Selain itu, variasi tipe daun tunggal pada Zingiberaceae menunjukkan spesifikasi genus yang jelas; misalnya, bentuk daun jorong (*elliptic*) secara konsisten ditemukan pada genus *Camptandra* dan *Globba*, bentuk memanjang (*oblong*) pada genus *Hornstedtia*, serta bentuk lanset (*lanceolate*) pada spesies seperti *Alpinia scabra*. Perbedaan morfologi ini, yang dipengaruhi oleh faktor lingkungan seperti kelembapan tinggi dan curah hujan, memberikan dimensi tambahan dalam mengklasifikasikan hubungan kekerabatan yang sebelumnya dianalisis melalui penanda genetik *matK*.

Perbedaan morfologi organ reproduksi antara famili Costaceae dan Zingiberaceae mencerminkan jalur evolusi yang berbeda

dalam ordo Zingiberales, terutama pada struktur perbungaan dan arsitektur bunga. Pada Costaceae, perbungaan umumnya bersifat terminal dan sangat padat, membentuk struktur serupa kerucut yang dilindungi oleh braktea (daun pelindung) yang tebal, kaku, dan tersusun rapat secara spiral. Braktea ini sering kali memiliki nektarium ekstrafloral yang berfungsi menarik semut sebagai bentuk pertahanan biologis tanaman (Mahmudah, 2021). Sebaliknya, Zingiberaceae menunjukkan plastisitas morfologi yang lebih tinggi, di mana perbungaan tidak hanya muncul di ujung batang semu tetapi juga sering kali muncul langsung dari rimpang di bawah tanah (*radical*). Braktea pada Zingiberaceae cenderung lebih lunak dan membentuk struktur menyerupai kantong yang dapat menampung air serta beberapa kuntum bunga sekaligus (Pasaribu & Muharani, 2023).

Secara struktural, perbedaan paling fundamental ditemukan pada konfigurasi *labellum* dan benang sari fungsionalnya. *Labellum* pada Costaceae merupakan hasil fusi dari lima staminodia steril, sehingga menghasilkan bentuk bunga yang lebar dan tampak sangat dominan secara visual. Benang sari fungsional pada famili ini memiliki filamen yang bersifat petaloid (menyerupai kelopak) yang melebar dan menutupi bagian kepala putik (Oyan & Rostami, 2022). Hal ini sangat kontras dengan Zingiberaceae, di mana *labellum*nya hanya terbentuk dari fusi dua staminodia lateral, sementara benang sari fungsionalnya memiliki tangkai yang lebih ramping dan sering kali dilengkapi dengan apendiks antera yang unik (Maas et al., 2023). Perbedaan-perbedaan ini tidak hanya menjadi dasar klasifikasi taksonomi tetapi juga menentukan spesialisasi penyerbukan, di mana struktur tabung bunga Costaceae yang kokoh sering kali beradaptasi untuk penyerbukan oleh burung atau lebah besar, sedangkan Zingiberaceae memiliki mekanisme penyerbukan yang lebih beragam (Li et al., 2024).

SIMPULAN DAN SARAN

Penelitian ini berhasil merekonstruksi hubungan filogenetik famili Zingiberaceae dan Costaceae menggunakan gen *matK* dengan kualitas pohon yang sangat baik (CI = 0.886 dan RI = 0.958). Gen *matK* terbukti efektif sebagai penanda molekuler dengan tingkat homoplasi rendah (11.4%), di mana 361 dari 729 karakter bersifat parsimony-informative. Bootstrap

support values menunjukkan beberapa klade memiliki dukungan sangat kuat (99-100%), mengkonfirmasi stabilitas hubungan evolusioner pada kelompok tertentu seperti Chamaecostus dan Musa. Karakter sinapomorfik mendominasi analisis, menunjukkan bahwa evolusi gen *matK* sebagian besar bersifat unik dan mencerminkan sejarah evolusi sejati pada taksa yang diteliti.

Untuk meningkatkan resolusi filogenetik, disarankan menggunakan pendekatan multi-locus dengan menambahkan penanda genetik lain seperti ITS, *trnL-F*, atau *rbcL*, terutama pada klade dengan bootstrap support rendah hingga sedang. Perlu dilakukan ekspansi sampling dengan menambahkan taksa dari genus yang kurang terwakili serta spesies endemik dan langka untuk melengkapi pohon filogenetik. Analisis bayesian inference dan divergensi time estimation dapat dilakukan sebagai metode komplementer untuk memperkuat temuan dan memberikan perspektif biogeografi.

DAFTAR RUJUKAN

- Ceron, L. M., et al. Taxonomical Evaluation of Plant Chloroplastic Markers by Bayesian Classifier. *Frontiers in Plant Science*. 12, 782663, 1-11. doi: 10.3389/fpls.2021.782663.
- Gomez-Sosa, S., & Specht, C. D. (2022). Floral evolution and development in the Ginger families (Zingiberales): Focus on the Costaceae. *Plants*, 11(15), 1982. <https://doi.org/10.3390/plants11151982>
- Hidayat, T., Jusniarti, J., & Kusuma, R. (2022). Molecular phylogeny of Zingiberaceae based on DNA sequences of Internal Transcribed Spacer (ITS) region. *Journal of Biological Diversities*, 23(3), 1250-1258.
- Hovenkamp, P., et al. (2022). Guidelines for the use of molecular data in botanical taxonomy. *Taxon*, 71(3), 512-525. <https://doi.org/10.1002/tax.12684>
- Kress, W. J., & Specht, C. D. (2023). The evolutionary history of the Zingiberales: Morphological, molecular, and fossil evidence. In *Monocots: Systematics and Evolution* (2nd ed., pp. 112-135). CSIRO Publishing.
- Lemoine, F., & Gascuel, O. (2024). The Bayesian Phylogenetic Bootstrap and its

- Application to Short Trees and Branches. *Molecular Biology and Evolution*. 41(11), 1-16. <https://doi.org/10.1093/molbev/msae238>.
- Li, D., et al. (2023). Comparative Chloroplast Genomics of 21 Species in Zingiberales with Implications for Their Phylogenetic Relationships and Molecular Dating. *International Journal of Molecular Science*. 24(19), 1-25. <https://doi.org/10.3390/ijms241915031>.
- Li, D., et al. (2024). Thirteen complete chloroplast genomes of the costaceae family: insights into genome structure, selective pressure and phylogenetic relationships. *BMC Genomics*. 25(1), 1-21. <https://doi.org/10.1186/s12864-024-09996-4>.
- Li, D.M., et al. (2021). "Comparative chloroplast genomics of Zingiberales: Insights into the evolution of the ginger order." *BMC Genomics*.
- Lu, T., et al. (2025). Molecular phylogenetic relationships based on chloroplast genomes in Zingiberaceae. *Frontiers in Ecology and Evolution*.
- Maas-van de Kamer, H., Maas, P. J. M., Wieringa, J. J., & Specht, C. D. (2016). Monograph of African Costaceae. *Blumea - Biodiversity, Evolution and Biogeography of Plants*, 61(3), 280-318. <https://doi.org/10.3767/000651916X694445>
- Machado, D. J. et al. (2021). An empirical test of the relationship between the bootstrap and likelihood ratio support in maximum likelihood phylogenetic analysis. *Cladistics*. 0, 1-10. <https://doi.org/10.1111/cla.12496>.
- Mahmudah, R. (2021). *Batasan jenis Costus afer dan Costus lucanusianus berdasarkan sekuen Internal Transcribed Spacer* (Skripsi sarjana, Universitas Islam Negeri Walisongo Semarang).
- Mahmudah, R. N., & Wahidah, B. F. (2025). UNCOVERING TAXONOMIC CONFUSION IN COSTUS: MOLECULAR EVIDENCE FOR MISIDENTIFICATION BETWEEN C. afer AND C. lucanusianus IN THE BOGOR BOTANIC GARDEN LIVING COLLECTION. *Floribunda: Jurnal Kebun Raya Indonesia*. 8(1), 32-38. <https://ejournal.brin.go.id/floribunda/>. DOI: 10.55981/floribunda.2025.12887.
- Oyan, F. L., & Rostami, A. (2022). Comparative plastid genomics and phylogeny of *Costus* (Costaceae) and allied genera. *Scientific Reports*, 12, Article 8890.
- Pasaribu, N., & Muharani, M. (2023). Inventarization of Zingiberaceae in the West Block Batang Toru Forest of North Tapanuli North Sumatra. *International Journal of Ethnobotany and Phytochemist*, 3(01), 1-6. <https://talenta.usu.ac.id/ijoep/article/view/10097/39483>
- Ruvini, S., & Jayatissa, L. P. (2020). Comparative morphological and anatomical study of the family Zingiberaceae and Costaceae in Sri Lanka. *Journal of Tropical Forestry and Environment*, 10(01), 45-58.
- Särkinen, T., et al. (2023). Molecular phylogenetics and morphological evolution of the African and Asian lineages of Costaceae. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 201(2), 145-167. <https://doi.org/10.1093/botlinnean/boac045>
- Simon, C. (2022). An Evolving View of Phylogenetic Support. *Department of Ecology and Evolutionary Biology*. 71(4), 921-928. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syaa068>.
- Trimanto, T., & Hapsari, L. (2021). "Diversity and phylogenetic relationship of *Zingiber* species (Zingiberaceae) in Purwodadi Botanic Garden based on morphological and molecular evidence." *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*.