

ABSTRAK

Beberapa tumbuhan yang termasuk ke dalam suku Solanaceae digunakan sebagai obat karena diketahui dapat menurunkan kadar toksisitas dalam tubuh hewan dan manusia. *Withania somnifera* merupakan salah satu tumbuhan Solanaceae dan dikenal memiliki banyak manfaat dalam bidang kesehatan, diantaranya adalah sebagai anti-stress, anti-oksidan, anti-inflamasi, anti-aging, kardioprotektif, agen immunoregulator, anti-tumor dan anti-kanker. Sayangnya tumbuhan ini hanya dapat ditemukan di India, Pakistan, Sri Lanka, dan Afganistan. Penelitian ini bertujuan untuk memperoleh hubungan filogenetik antara *W. somnifera* dengan beberapa tumbuhan Solanaceae Indonesia dan memperoleh jenis yang berkerabat dekat dengan *W. somnifera* sehingga diduga memiliki manfaat yang sama besarnya. Sekuen DNA daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS) digunakan untuk menganalisis hubungan filogenetik dan metode *maximum parsimony* digunakan untuk membuat pohon filogenetik. Terdapat 19 tumbuhan yang digunakan, 17 jenis dari Solanaceae serta 2 jenis dari Convolvulaceae sebagai *outgroup*. Analisis filogenetik menunjukkan bahwa suku Solanaceae merupakan kelompok monofiletik dan terbagi menjadi 7 kelompok berdasarkan supermarga. *Physalis angulata*, *Physalis peruviana*, dan *W. somnifera* merupakan kelompok monofiletik dengan dukungan nilai *bootstrap* 72%. Dengan demikian, *P. angulata* dan *P. peruviana* memiliki kekerabatan yang paling dekat dengan *W. somnifera* dan dapat dijadikan sebagai salah satu tumbuhan obat alternatif di Indonesia yang diduga memiliki manfaat yang sama.

Kata kunci: Analisis filogenetik, daerah ITS, Solanaceae, *Withania somnifera*

ABSTRACT

Some plants which belong to the family of Solanaceae are frequently used as medicine due to their capability to decrease the toxicity level in animal and human body. *Withania somnifera* is one of member of Solanaceae which has many benefits for human health, such as anti-stress, anti-oxidant, anti-inflammation, anti-aging, cardioprotective, immunoregulatory agent and anti-cancer. However, unfortunately this plant can only be found in India, Pakistan, Sri Lanka, and Afganistan. The purpose of this research were (1) to construct phylogenetic relationship between *W. somnifera* and some Solanaceae frequently found in Indonesia and (2) to obtain a species closely related to *W. somnifera*. DNA sequences of *Internal Transcribed Spacer* (ITS) region were used to analyse the relationship and maximum parsimony was used to construct the phylogenetic tree. There was 19 plants used, consisting of 17 species of Solanaceae and 2 species of Convolvulaceae as outgroup. Phylogenetic analysis shows that Solanaceae is a monophyletic group and is divided into 7 groups which correspond to supragenera. Two species of *Physalis* we used are close relationship with *W. somnifera* (bootstrap values 72%). This indicates that *Physalis angulata* and *Physalis peruviana* can serve as one of alternative medicinal plants in Indonesia, expecting to have same benefits with that of *W. somnifera*.

Keywords: ITS region, phylogenetic analysis, Solanaceae, *Withania somnifera*