

Pembentukan phylogenetic tree berdasarkan metode jarak melalui aplikasi berbasis web

Saepul Manap, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=122692&lokasi=lokal>

Abstrak

Phylogenetic tree merupakan suatu diagram berbentuk tree yang merepresentasikan hubungan evolusi atau kekerabatan antar spesies yang hidup di bumi. Phylogenetic tree dibentuk berdasarkan struktur genetik spesies yang dinyatakan dalam sekuens DNA atau protein. Penulisan tugas akhir ini bertujuan untuk membangun sebuah aplikasi berbasis web yang digunakan untuk membangun phylogenetic tree dari sebuah matriks jarak (distance matrix) berdasarkan sekuens DNA. Metode pembentukan tree yang dipakai dalam aplikasi ini adalah metode berdasarkan jarak (distance methods) dan algoritma yang dipakai adalah neighbor-joining (NJ). Algoritma ini memerlukan input berupa matriks jarak dan menghasilkan output berupa tree. Tree yang dihasilkan dapat dipakai untuk melihat hubungan kekerabatan antar spesies yang terlibat atau spesies yang dibandingkan. Aplikasi ini dibuat dengan menggunakan bahasa pemrograman php yang bersifat open source, sehingga dapat diakses secara online.

Kata kunci : phylogenetic tree, matriks jarak, neighbor-joining, sekuens DNA.

viii + 70 hlm.; lamp.

Bibliografi: 12 (2002-2008)