

ABSTRAK

Pylogenetic tree merupakan *tree* yang merepresentasikan evolusi dari berbagai spesies hidup di bumi. Untuk membangun *phylogenetic tree* ini dibutuhkan suatu matriks jarak yang elemen-elemennya merupakan jarak dari tiap pasang spesies yang terlibat. Jarak ini diperoleh dengan menggunakan metode tertentu, diantaranya yaitu metode Jukes-Cantor dan metode Kimura. Penulisan skripsi ini bertujuan untuk membentuk matriks jarak dengan menggunakan metode Jukes-Cantor dan metode Kimura yang selanjutnya akan disimulasikan terhadap data koleksi DNA dari 10 spesies kelompok **Khamir** milik **Wellyzar Sjamsuridjal, Ph.D.**. Dari matriks jarak yang terbentuk, selanjutnya akan dibangun *phylogenetic tree* yang akan dianalisa dengan melihat pola percabangannya. Dari hasil simulasi dapat disimpulkan bahwa nilai yang dihasilkan oleh masing-masing matriks jarak dan pola percabangan yang dihasilkan oleh masing-masing *phylogenetic tree* tidak begitu jauh berbeda. Namun berdasarkan teori, metode Kimura lebih merepresentasikan kondisi yang sebenarnya dibandingkan dengan metode Jukes-Cantor.

Kata kunci: Jukes-Cantor dan Kimura *distance matrix*; Jukes-Cantor dan Kimura *method*; DNA; *alignment*.

vii + 78 hlm.; lamp.

Bibliografi: 10 (1980-2008)