

## BAB IV

### SIMULASI MODEL JUKES-CANTOR DAN MODEL KIMURA

#### 4.1 SIMULASI

Pada bab ini model Jukes-Cantor (3.11) dan model Kimura (3.28) yang terdapat pada Bab III akan disimulasikan dengan menggunakan aplikasi **Matlab 7.0.1** yang dapat dilihat dalam bentuk *source code* pada Lampiran. Input dari simulasi ini adalah data barisan DNA hasil proses *multiple alignment* yang dimasukkan dalam bentuk textfile (.txt) dengan format sebagai berikut.

```
> Nama spesies 1
Data barisan dari spesies 1
//
> Nama spesies 2
Data barisan dari spesies 2
//
...
> Nama spesies N
Data barisan dari spesies N
//
```

Output dari simulasi ini adalah matriks jarak Jukes-Cantor dan matriks jarak Kimura yang dikeluarkan dalam bentuk textfile. Matriks jarak tersebut kemudian akan dibandingkan dengan matriks jarak yang diperoleh dari aplikasi **Clustal X versi 1.83** dengan melihat bentuk *phylogenetic tree* yang dibangun oleh masing-masing matriks jarak. *Phylogenetic tree* ini dibangun

dengan menggunakan aplikasi **Phylip-3.68** yang dapat dilihat hasilnya dengan menggunakan aplikasi **NJPlot**.

## 4.2 HASIL SIMULASI

Pada subbab ini akan dilihat hasil simulasi model Jukes-Cantor dan model Kimura. Data yang akan digunakan sebagai input dari simulasi ini merupakan data koleksi DNA milik **Wellyzar Sjamsuridzal, Ph.D.** (Laboratorium Mikrobiologi Departemen Biologi FMIPA UI) yang telah terlebih dahulu dilakukan proses *multiple alignment* dengan menggunakan aplikasi ClustalX versi 1.83. Data tersebut merupakan data barisan DNA dari 10 spesies yang termasuk dalam kelompok Khamir. Untuk lebih jelasnya, data tersebut dapat dilihat pada Lampiran.

Dari simulasi diperoleh matriks jarak Jukes-Cantor dan matriks jarak Kimura seperti yang terlihat pada Gambar 4.1 dan Gambar 4.2.

```

Matriks Jarak Jukes-Cantor - Notepad
File Edit Format View Help
Crypt-flavus/AF075497 0.000000 0.079073 0.083254 0.095939 0.117570 0.093810 0.139843 0.225994 0.218424 0.241366
Crypt-heveanensis/af406890 0.079073 0.000000 0.089570 0.108843 0.144378 0.133092 0.144378 0.243959 0.236207 0.241366
Crypto/podzolicus/AF075481 0.083254 0.089570 0.000000 0.091687 0.128624 0.087458 0.144378 0.228534 0.231083 0.231083
Crypt/laurentii/aj555467 0.095939 0.108843 0.091687 0.000000 0.133092 0.108843 0.148941 0.225994 0.220939 0.223462
Crypt/curvatus/AF189834 0.117570 0.144378 0.128624 0.133092 0.000000 0.089570 0.153532 0.203511 0.218424 0.208449
Crypt/luteolus/AF075482 0.093810 0.133092 0.087458 0.108843 0.089570 0.000000 0.155838 0.208449 0.205976 0.218424
Crypto/dimennae/AF075489 0.139843 0.144378 0.144378 0.148941 0.153532 0.155838 0.000000 0.251792 0.254421 0.259707
Cystof/bisporidii/AF189832 0.225994 0.243959 0.228534 0.225994 0.203511 0.208449 0.251792 0.000000 0.019000 0.022859
Cystofi-infirmitum/AF0 0.218424 0.236207 0.231083 0.220939 0.218424 0.205976 0.254421 0.019000 0.000000 0.030636
Crypto/sp/AF075477 0.241366 0.241366 0.231083 0.223462 0.208449 0.218424 0.259707 0.022859 0.030636 0.000000

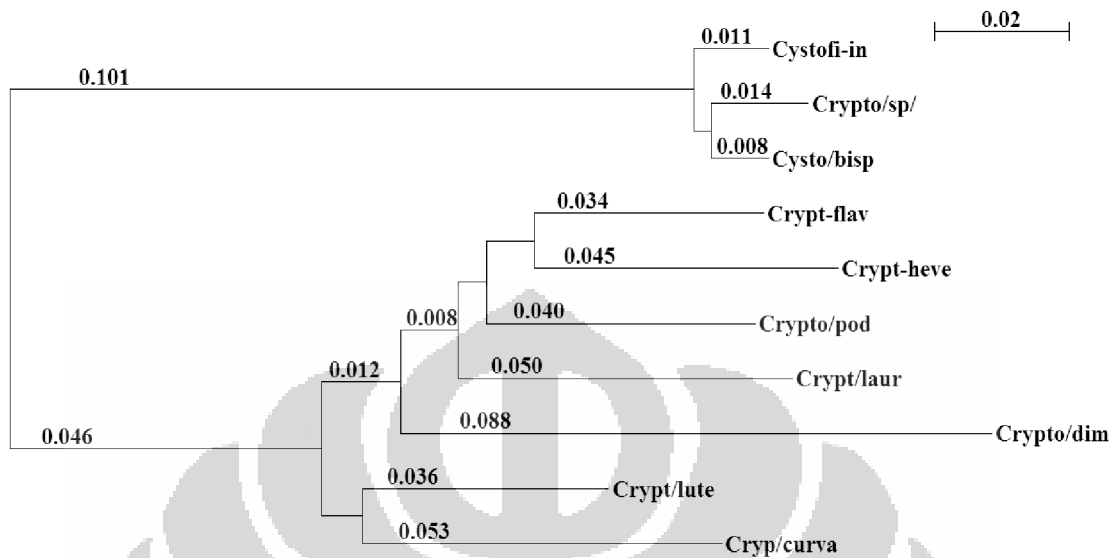
```

Gambar 4.1 Matriks jarak Jukes-Cantor dari simulasi

Gambar 4.2 Matriks jarak Kimura dari simulasi

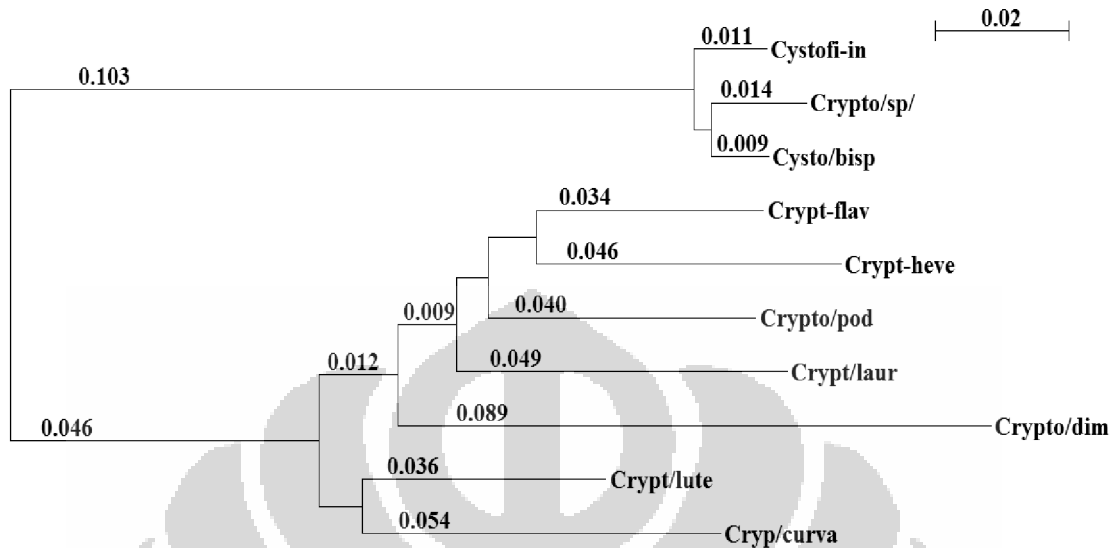
Dari Gambar 4.1 dan Gambar 4.2 terlihat bahwa nilai-nilai yang terdapat pada matriks jarak Jukes-Cantor dan matriks jarak Kimura tidak begitu jauh berbeda, yaitu sebagian besar hanya berbeda pada 4 digit terakhir saja. Namun berdasarkan teori jelas bahwa model Kimura lebih realistis dalam merepresentasikan kondisi yang sebenarnya. Hal ini dikarenakan oleh fakta bahwa proses substitusi transversi pada nukleotida lebih sulit dilakukan dibandingkan dengan proses substitusi transisi sehingga tingkat substitusi untuk keduanya pun berbeda. Seperti yang telah dijelaskan pada Bab 3, model Kimura mengasumsikan tingkat substitusi yang berbeda untuk transisi dan transversi sedangkan model Jukes-Cantor mengasumsikan tingkat substitusi yang sama, sehingga model Kimura jauh lebih realistis dibandingkan dengan model Jukes-Cantor. Hal ini jugalah yang menyebabkan banyak para ahli cenderung menggunakan model Kimura untuk menghitung jarak.

Untuk lebih jelasnya, akan dilihat bentuk *phylogenetic tree* yang dibangun oleh matriks jarak Jukes-Cantor dan matriks jarak Kimura tersebut seperti yang terlihat pada Gambar 4.3 dan Gambar 4.4.



Gambar 4.3 *Phylogenetic tree* hasil matriks jarak Jukes-Cantor dari simulasi

Pada Gambar 4.3 terlihat bahwa *phylogenetic tree* terbagi menjadi dua cabang utama yaitu cabang yang mengelompokkan *Cystofi-infirmum/AF0*, *Crypto/sp/AF075477* dan *Cysto/bisporidii/AF189832* ke dalam satu kelompok yang sama dan cabang yang mengelompokkan *Crypt-flavus/AF075497*, *Crypt-heveanensis/af406890*, *Crypto/podzolicus/AF075481*, *Crypt/laurentiaj555467*, *Crypto/dimennae/AF075489*, *Crypt/luteolus/AF075482* dan *Cryp/curvatus/AF189834* ke dalam satu kelompok lainnya.



Gambar 4.4 *Phylogenetic tree* hasil matriks jarak Kimura dari simulasi

Sama seperti pada Gambar 4.3, *phylogenetic tree* yang terlihat pada Gambar 4.4 juga terbagi menjadi dua cabang utama yang sama persis seperti pada *phylogenetic tree* yang terlihat pada Gambar 4.3.

Pada *phylogenetic tree*, besarnya jarak merepresentasikan kekerabatan suatu spesies dengan spesies yang lain. Artinya, jika jarak antara spesies A dengan spesies B lebih kecil dibandingkan dengan jarak antara spesies C dengan spesies B ( $d_{AB} < d_{BC}$ ) maka dapat dikatakan bahwa spesies A lebih dekat kekerabatannya ke spesies B dibandingkan dengan spesies C.

Pada kasus ini, sesuai Gambar 4.3 dan Gambar 4.4 terlihat bahwa *phylogenetic tree* yang dihasilkan oleh Jukes-Cantor dan Kimura memiliki pola percabangan yang sama sehingga pengelompokan spesies-spesiesnya juga sama. Seperti yang terlihat pada Gambar 4.3, Jukes-Cantor mengelompokkan *Crypt-flavus/AF075497* dan *Crypt-heveanensis/af406890*

ke dalam satu nenek moyang yang sama dengan *Crypt-flavus/AF075497* lebih dekat kekerabatannya dengan nenek moyangnya dibandingkan dengan *Crypt-heveanensis/af406890* ( $0.034 < 0.046$ ), begitu pula halnya pada Kimura seperti yang terlihat pada Gambar 4.4. Untuk pengelompokan spesies-spesies lainnya pun Jukes-Cantor dan Kimura juga sama, hanya sedikit berbeda pada besar jaraknya saja, namun masih merepresentasikan hal yang sama.

Selanjutnya kedua *phylogenetic tree* hasil matriks jarak Jukes-Cantor dan matriks jarak Kimura dari simulasi tersebut akan dibandingkan dengan *phylogenetic tree* hasil matriks jarak ClustalX versi 1.83. Dari aplikasi tersebut diperoleh matriks jarak seperti yang terlihat pada Gambar 4.5.



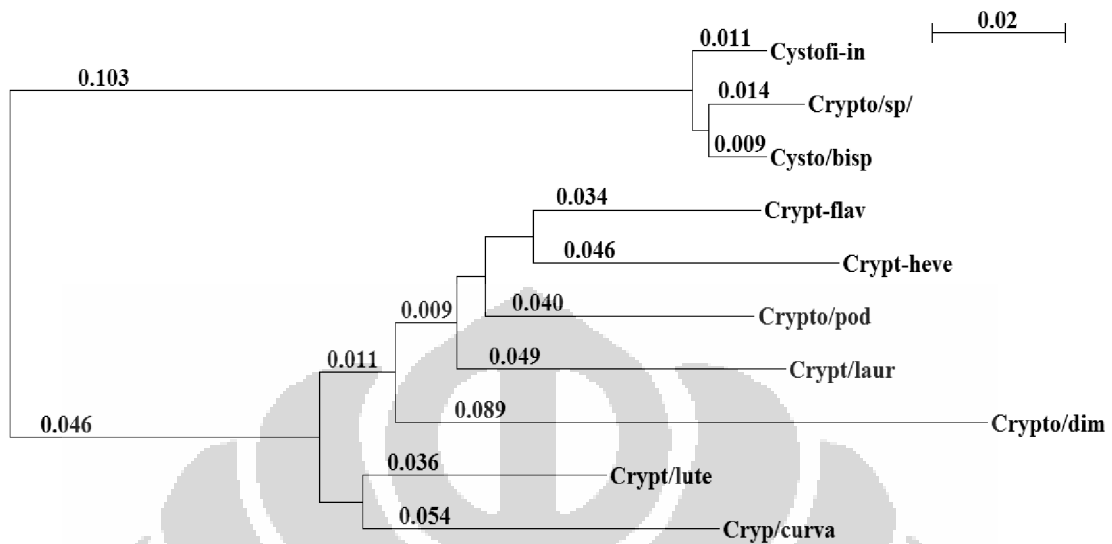
```

Matriks Jarak Clustalx - Notepad
File Edit Format View Help
Crypt-flavus/AF075497 0.000 0.080 0.084 0.096 0.119 0.095 0.142 0.229 0.221 0.244
Crypt-heveanensis/af406890 0.080 0.000 0.091 0.110 0.147 0.136 0.147 0.247 0.239 0.244
Crypto/podzolicus/AF075481 0.084 0.084 0.091 0.000 0.092 0.130 0.088 0.148 0.231 0.234 0.233
Crypt/laurentiaj555467 0.096 0.110 0.092 0.000 0.134 0.109 0.151 0.228 0.223 0.225
Cryp/curvatus/AF189834 0.119 0.147 0.130 0.134 0.000 0.090 0.156 0.205 0.221 0.210
Crypt/luteolus/AF075482 0.095 0.136 0.088 0.109 0.090 0.000 0.158 0.211 0.208 0.221
Crypto/dimennae/AF075489 0.142 0.147 0.148 0.151 0.156 0.158 0.000 0.254 0.256 0.262
Cysto/bisporidii/AF189832 0.229 0.247 0.231 0.228 0.205 0.211 0.254 0.000 0.019 0.023
Cystofi-infirmo-miniatum/AF0 0.221 0.239 0.234 0.223 0.221 0.221 0.208 0.256 0.019 0.000 0.031
Crypto/sp/AF075477 0.244 0.244 0.233 0.225 0.210 0.221 0.262 0.023 0.031 0.000

```

Gambar 4.5 Matriks jarak dari ClustalX versi 1.83

Dari Gambar 4.5 terlihat bahwa nilai-nilai yang terdapat pada matriks jarak tersebut merupakan pembulatan 3 digit dibelakang koma dari nilai-nilai yang terdapat pada matriks jarak Kimura hasil simulasi. Dari matriks jarak tersebut diperoleh *phylogenetic tree* seperti yang terlihat pada Gambar 4.6.



Gambar 4.6 *Phylogenetic tree* hasil matriks jarak dari ClustalX versi 1.83

Jika dibandingkan dengan kedua *phylogenetic tree* hasil matriks jarak dari simulasi diatas, pola percabangan pada *phylogenetic tree* hasil matriks jarak ClustalX versi 1.83 tidak jauh berbeda seperti yang terlihat pada Gambar 4.6. Sama seperti pada kedua *phylogenetic tree* hasil matriks jarak dari simulasi diatas, *phylogenetic tree* hasil matriks jarak ClustalX versi 1.83 tersebut hanya berbeda pada besar jaraknya saja. Namun jika nilai-nilai yang terdapat pada matriks jarak Kimura hasil simulasi diatas dibulatkan hingga 3 digit dibelakang koma, maka matriks jarak Kimura hasil simulasi diatas akan menghasilkan matriks jarak yang sama dengan matriks jarak ClustalX versi 1.83. Sehingga jika dibangun *phylogenetic tree* untuk matriks jarak Kimura hasil simulasi tersebut akan menghasilkan *phylogenetic tree* yang sama dengan *phylogenetic tree* hasil matriks jarak ClustalX versi 1.83 seperti yang terlihat pada Gambar 4.6.