

**SUATU KAJIAN DALAM MEMBENTUK MATRIKS JARAK UNTUK  
MEMBANGUN *PHYLOGENETIC TREE* MENGGUNAKAN METODE  
JUKES-CANTOR DAN METODE KIMURA**



**FEBRINI CESARINA**

**0304017018**



**UNIVERSITAS INDONESIA**

**FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM**

**DEPARTEMEN MATEMATIKA**

**DEPOK**

**2008**

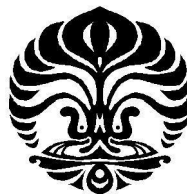
**SUATU KAJIAN DALAM MEMBENTUK MATRIKS JARAK UNTUK  
MEMBANGUN *PHYLOGENETIC TREE* MENGGUNAKAN METODE  
JUKES-CANTOR DAN METODE KIMURA**

**Skripsi diajukan sebagai salah satu syarat  
untuk memperoleh gelar Sarjana Sains**

**Oleh:**

**FEBRINI CESARINA**

**0304017018**



**DEPOK**

**2008**

SKRIPSI : SUATU KAJIAN DALAM MEMBENTUK MATRIKS JARAK  
UNTUK MEMBANGUN *PHYLOGENETIC TREE*  
MENGUNAKAN METODE JUKES-CANTOR DAN  
METODE KIMURA

NAMA : FEBRINI CESARINA

NPM : 0304017018

SKRIPSI INI TELAH DIPERIKSA DAN DISETUJUI

DEPOK, 23 DESEMBER 2008

GATOT F. HERTONO, PH.D.

WELLYZAR SJAMSURIDJAL, PH.D.

PEMBIMBING I

PEMBIMBING II

Tanggal lulus Ujian Sidang Sarjana: 23 Desember 2008

Penguji I : Gatot F. Hertono, Ph.D.

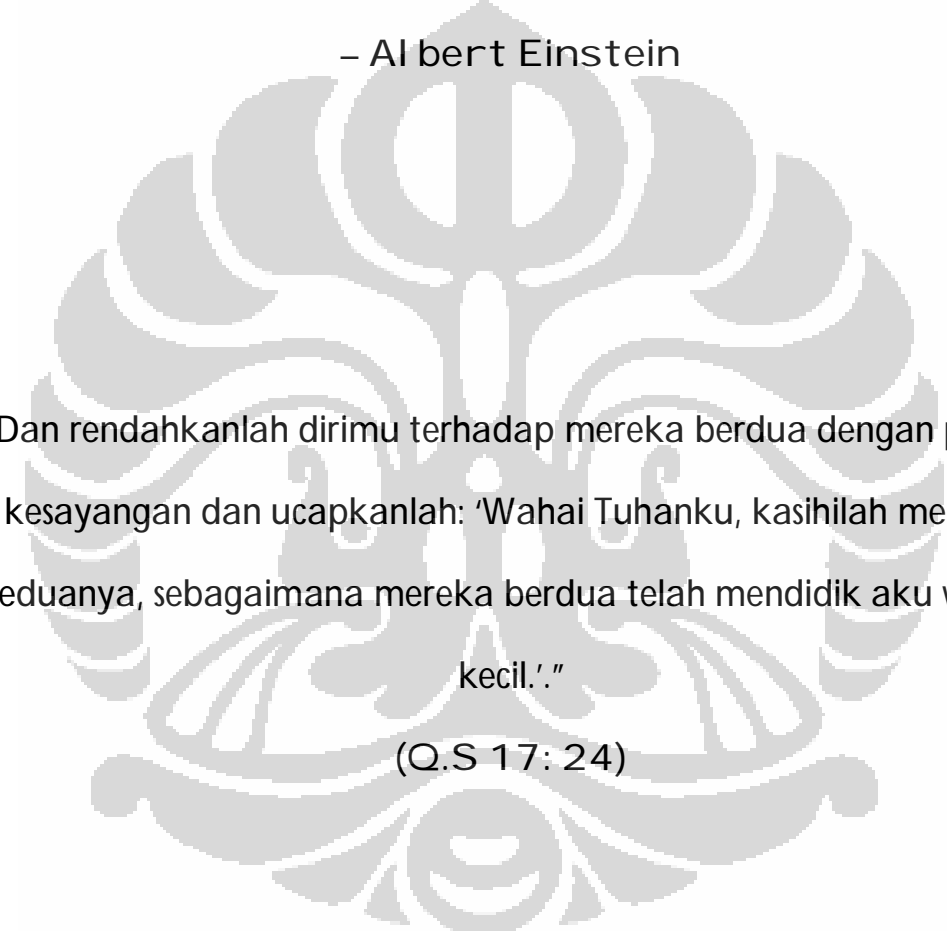
Penguji II : Dr. Zuherman Rustam, DEA

Penguji III : Dra. Rustina

Bismillaahirrahmaanirrahiim

"Science without religion is lame. Religion without science is blind."

- Albert Einstein



"Dan rendahkanlah dirimu terhadap mereka berdua dengan penuh kesayangan dan ucapkanlah: 'Wahai Tuhanku, kasihilah mereka keduanya, sebagaimana mereka berdua telah mendidik aku waktu kecil.'"

(Q.S 17: 24)

*Skripsi ini ku persembahkan kepada Mama-Papa ku tersayang  
yang telah mendidik dan merawatku sedari kecil  
dengan segenap cinta dan kasih*



"As far as the laws of Mathematics refer to reality, they are not certain,  
as far as they are certain, they do not refer to reality."

– Albert Einstein

## KATA PENGANTAR

*Alhamdulillahirobbil'alamin.*

Puji dan syukur penulis panjatkan kehadiran Allah SWT yang atas rahmat dan ridho-Nya lah penulisan tugas akhir ini dapat terselesaikan.

Penulis mengucapkan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada

1. *Mama-papa* ku tercinta, Nina Rosyina dan Zainal Abidin serta *aa* ku tersayang, Abie Rian Ramsey atas bantuan, dukungan, doa dan kasih sayangnya kepada Penulis. *It's so greatful being member of this family.*
2. Pembimbing I dan Pembimbing II, yaitu Bapak Gatot F. Hertono, Ph.D. dan Ibu Wellyzar Sjamsuridjal, Ph.D. atas bantuan dan dukungannya selama penulisan skripsi ini berlangsung. *Mohon maaf yang sebesar-besarnya ya Pak, Bu, atas semua kesalahan yang saya perbuat.*
3. Pembimbing Akademis, yaitu Ibu Denny R. Silaban, M.Kom atas bantuan, arahan dan dukungannya selama penulis kuliah. *Maaf Bu, sering menyusahkan Ibu.*
4. Dosen-dosen Penguji, yaitu Ibu Dra. Siti Aminah, M.Kom, Bapak Dr. Zuherman Rustam DEA dan Ibu Dra. Rustina.
5. Ibu Bevina, Ph.D. yang telah sangat membantu penulis saat mengalami kesulitan.
6. Segenap Staf Pengajar, Karyawan Tata Usaha dan Perpustakaan Departemen Matematika, FMIPA UI.

7. Yay yang telah memberikan perhatian, bantuan, dukungan, dan kasih sayangnya kepada Penulis. *There's nothing so much I can say but thank's and love You, dear.*
8. Kakak ke'dua' ku, kak Ani atas bantuan dan dukungannya. *Mup ya k'ance, ngerepotin mulu.*
9. *Sister inlaw to be*, Rasti Fedella Esrar yang telah dengan setia mendengarkan keluh kesah dan memberikan dukungannya kepada penulis. *Good luck for you, Siz!*
10. Saepul Manap yang telah banyak membantu dalam memberikan informasi mengenai artikel dan jurnal.
11. Teman-teman angkatan 2004 atas kebersamaannya selama ini.
12. Forum bioinformatika ([bimatics@yahoo.com](mailto:bimatics@yahoo.com)) atas bantuannya dalam memberikan informasi-informasi penting mengenai bioinformatika.

Serta kepada semua pihak yang belum disebutkan yang telah banyak membantu dalam proses penulisan tugas akhir ini, penulis mengucapkan terima kasih dan memohon maaf yang sebesar-besarnya.

Penulis

2008

## 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)



## DAFTAR ISI

	Halaman
KATA PENGANTAR .....	i
ABSTRAK .....	iii
DAFTAR ISI .....	iv
DAFTAR GAMBAR .....	vi
DAFTAR LAMPIRAN .....	vii
BAB I      PENDAHULUAN .....	1
1.1 Latar belakang .....	1
1.2 Tujuan penulisan .....	3
1.3 Pembatasan masalah .....	3
1.4 Sistematika penulisan .....	4
BAB II     KONSEP DAN TEORI DASAR .....	5
2.1 Bioinformatika .....	5
2.2 <i>Phylogenetic tree</i> .....	7
2.3 Matriks jarak .....	11
2.4 Teori dasar .....	14
2.4.1 <i>Markov chain</i> .....	15
2.4.1.1 <i>Discrete-time Markov chain</i> .....	16
2.4.1.2 <i>Continuous-time Markov chain</i> .....	17

	2.4.2 <i>Maximum likelihood</i> .....	25
BAB III	METODE JUKES-CANTOR DAN METODE KIMURA ....	31
	3.1 Metode Jukes-Cantor .....	31
	3.2 Metode Kimura .....	41
BAB IV	SIMULASI MODEL JUKES-CANTOR DAN MODEL KIMURA .....	54
	4.1 Simulasi .....	54
	4.2 Hasil simulasi .....	55
BAB V	PENUTUP .....	61
	5.1 Kesimpulan .....	61
	5.2 Saran .....	61
	DAFTAR PUSTAKA .....	63
	LAMPIRAN .....	65

## DAFTAR GAMBAR

Gambar	Halaman
2.1 Contoh <i>phylogenetic tree</i> .....	8
2.2 <i>Rooted tree</i> .....	9
2.3 <i>Unrooted tree</i> .....	9
2.4 <i>Molecular clock tree</i> .....	11
2.5 Alur pembangunan <i>phylogenetic tree</i> .....	13
2.6 Substitusi transisi dan transversi .....	14
2.7 Alur penurunan <i>evolutionary model</i> .....	30
4.1 Matriks jarak Jukes-Cantor dari simulasi .....	55
4.2 Matriks jarak Kimura dari simulasi .....	56
4.3 <i>Phylogenetic tree</i> hasil matriks jarak Jukes-Cantor dari simulasi .....	57
4.4 <i>Phylogenetic tree</i> hasil matriks jarak Kimura dari simulasi .....	58
4.5 Matriks jarak dari ClustalX versi 1.83 .....	59
4.6 <i>Phylogenetic tree</i> hasil matriks jarak dari ClustalX versi 1.83 .....	60

## DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran	Halaman
1. <i>Source code</i> program matriks jarak Jukes-Cantor dan matriks jarak Kimura .....	66
2. Data barisan DNA kelompok Khamir koleksi Wellyzar Sjamsuridzal, Ph.D. ....	70
3. Data barisan DNA kelompok Khamir koleksi Wellyzar Sjamsuridzal, Ph.D. setelah dilakukan proses <i>multiple alignment</i> dengan aplikasi ClustalX Versi 1.83 .....	74