

BAB V

PENUTUP

5.1 KESIMPULAN

Sesuai dengan hasil yang diperoleh dari simulasi dapat disimpulkan bahwa jika dilihat dari nilai-nilai yang dihasilkan pada masing-masing matriks jarak dan pola percabangan yang dihasilkan pada masing-masing *phylogenetic tree*, metode Jukes-Cantor dan metode Kimura tidak begitu jauh berbeda. Namun sesuai dengan teori jelas bahwa metode Kimura lebih realistis dalam merepresentasikan kondisi aslinya dibandingkan dengan metode Jukes-Cantor. Hal ini dikarenakan oleh fakta bahwa tingkat substitusi antara transisi dan transversasi yang berlangsung pada nukleotida pada kondisi aslinya adalah berbeda dan metode Kimura mengasumsikan hal itu, sedangkan metode Jukes-Cantor mengasumsikan tingkat substitusi yang sama.

5.2 SARAN

Pada skripsi ini barisan-barisan yang dilibatkan dalam proses penghitungan jarak adalah barisan-barisan yang diperoleh dari hasil *reduced*

multiple alignment saja sehingga *gap-gap* yang terdapat pada hasil proses *multiple alignment* tidak diperhitungkan. Pada kebanyakan kasus penghilangan *gap* ini sangat dianjurkan namun pada kasus tertentu tidak demikian, misalnya pada kasus dimana hasil *reduced multiple alignment* dari seluruh barisan adalah identik. Pada kasus ini maka seluruh elemen matriks jarak yang dihasilkan dari barisan-barisan tersebut akan bernilai satu, sehingga untuk membandingkan kedekatan (kekerabatan) antara suatu spesies dengan spesies lainnya tidak dapat dilakukan. Pada kasus seperti inilah keterlibatan *gap* pada proses penghitungan menjadi sangat penting. Oleh karena itu perlu adanya metode yang mengakomodir adanya *gap-gap* pada masing-masing barisan tersebut.