

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 LATAR BELAKANG

Ilmu dan teknologi yang berkembang selama beberapa dekade terakhir telah melahirkan bidang baru dalam ilmu Biologi Molekul, yaitu Bioinformatika. Bioinformatika didefinisikan sebagai gabungan dari ilmu matematika, statistika, dan komputasi yang digunakan untuk menganalisa suatu data biologi [5]. Data biologi ini berupa data barisan DNA, RNA dan asam amino (protein) yang diperoleh dari hasil pengkodean suatu gen.

Sejak berhasil dibariskannya struktur DNA dari salah satu spesies hidup untuk pertama kalinya pada era 1960-an, ratusan barisan lain dari berbagai organisme pun turut dikodekan. Barisan yang telah dikodekan ini kemudian disimpan dalam suatu basis data biologi yang dapat diakses secara *online* melalui internet. Basis data ini dibuat dengan tujuan agar para ahli maupun para peneliti dapat dengan mudah menyimpan maupun menganalisa data barisan yang ada untuk tujuan-tujuan tertentu, salah satunya yaitu melihat hubungan evolusi yang terjadi antar spesies di bumi yang direpresentasikan dalam bentuk *tree* yang disebut sebagai *phylogenetic tree*.

Ada beberapa metode yang digunakan untuk membangun suatu *phylogenetic tree*, salah satunya yaitu dengan menggunakan metode jarak. Dalam membangun *phylogenetic tree* dengan menggunakan metode jarak ini dibutuhkan suatu matriks jarak yang elemen-elemennya merupakan jarak dari tiap pasang spesies yang terlibat yang dihitung dengan menggunakan suatu *evolutionary model*. *Evolutionary model* ini diperoleh dengan menggunakan metode tertentu diantaranya yaitu metode Jukes-Cantor dan metode Kimura.

Metode Jukes-Cantor merupakan metode yang paling sederhana dalam merepresentasikan proses substitusi yang berlangsung pada barisan. Meskipun metode ini kurang merepresentasikan kondisi asli yang berlangsung karena kesederhanaan asumsi dan parameter yang digunakannya, namun metode ini sangat baik dalam menjelaskan proses substitusi yang terjadi sehingga dapat digunakan sebagai dasar untuk mempermudah dalam memahami metode-metode lainnya. Berbeda dengan metode Jukes-Cantor, metode Kimura lebih realistis dalam merepresentasikan proses substitusi yang berlangsung pada barisan. Hal ini dikarenakan asumsi dan parameter-parameter yang digunakan pada metode tersebut sudah lebih merepresentasikan kondisi aslinya.

1.2 TUJUAN PENULISAN

Tujuan dari penulisan skripsi ini adalah mengkaji metode dalam membentuk matriks jarak dengan menggunakan metode Jukes-Cantor dan metode Kimura. Hasil *evolutionary model* yang dibentuk oleh kedua metode tersebut kemudian disimulasikan dengan menggunakan aplikasi **Matlab 7.0.1** dengan output berupa matriks jarak. Matriks jarak hasil kedua *evolutionary model* tersebut selanjutnya dibandingkan dengan melihat bentuk *phylogenetic tree* yang dibangun oleh masing-masing model.

1.3 PEMBATAAN MASALAH

Pembentukan matriks jarak dibatasi hanya untuk data barisan DNA saja. Data barisan DNA yang akan dijadikan input pada simulasi merupakan data barisan DNA hasil proses *multiple alignment* dengan menggunakan aplikasi **ClustalX versi 1.83**. Pada proses penghitungan jaraknya, gap-gap yang terdapat pada data barisan DNA hasil proses *multiple alignment* tersebut tidak akan dilibatkan, sehingga gap-gap tersebut akan dihilangkan dari masing-masing barisan. Sebagai data percobaan, akan digunakan data koleksi DNA dari 10 spesies kelompok **Khamir** milik **Wellyzar Sjamsuridjal, Ph.D..**

1.4 SISTEMATIKA PENULISAN

Skripsi ini tersusun atas 5 bab sebagai berikut. Bab I berisi latar belakang, tujuan penulisan, pembatasan masalah dan sistematika penulisan. Bab II berisi konsep dan teori dasar. Bab III berisi penjelasan mengenai metode Jukes-Cantor dan metode Kimura. Bab IV berisi simulasi model Jukes-Cantor dan model Kimura. Bab V berisi kesimpulan dan saran.

