

## ABSTRAK

*Phylogenetic tree* merupakan suatu diagram berbentuk *tree* yang merepresentasikan hubungan evolusi atau kekerabatan antar spesies yang hidup di bumi. *Phylogenetic tree* dibentuk berdasarkan struktur genetik spesies yang dinyatakan dalam sekuens DNA atau protein. Penulisan tugas akhir ini bertujuan untuk membangun sebuah aplikasi berbasis *web* yang digunakan untuk membangun *phylogenetic tree* dari sebuah matriks jarak (*distance matrix*) berdasarkan sekuens DNA. Metode pembentukan *tree* yang dipakai dalam aplikasi ini adalah metode berdasarkan jarak (*distance methods*) dan algoritma yang dipakai adalah *neighbor-joining* (NJ). Algoritma ini memerlukan input berupa matriks jarak dan menghasilkan output berupa *tree*. *Tree* yang dihasilkan dapat dipakai untuk melihat hubungan kekerabatan antar spesies yang terlibat atau spesies yang dibandingkan. Aplikasi ini dibuat dengan menggunakan bahasa pemrograman php yang bersifat *open source*, sehingga dapat diakses secara online.

Kata kunci : *phylogenetic tree*, matriks jarak, *neighbor-joining*, sekuens DNA.

viii + 70 hlm.; lamp.

Bibliografi: 12 (2002-2008)