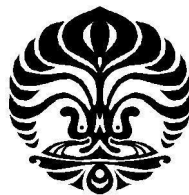


**PEMBENTUKAN *PHYLOGENETIC TREE* BERDASARKAN
METODE JARAK MELALUI APLIKASI BERBASIS WEB**



SAEPUL MANAP

0304010544



UNIVERSITAS INDONESIA

FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM

DEPARTEMEN MATEMATIKA

DEPOK

2008

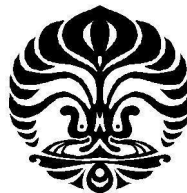
**PEMBENTUKAN *PHYLOGENETIC TREE* BERDASARKAN
METODE JARAK MELALUI APLIKASI BERBASIS WEB**

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

Oleh:

SAEPUL MANAP

0304010544



DEPOK

2008

SKRIPSI : PEMBENTUKAN *PHYLOGENETIC TREE* BERDASARKAN
METODE JARAK MELALUI APLIKASI BERBASIS WEB

NAMA : SAEPUL MANAP

NPM : 0304010544

SKRIPSI INI TELAH DIPERIKSA DAN DISETUJUI

DEPOK, 11 JUNI 2008

Drs. Gatot F. Hertono, M.Sc, Ph.D
PEMBIMBING I

Dr. Wellyzar Sjamsuridzal, M.Sc, Ph.D
PEMBIMBING II

Tanggal lulus Ujian Sidang Sarjana:

Penguji I : Drs. Gatot F. Hertono, M.Sc, Ph.D

Penguji II : Prof. Dr. Belawati HW

Penguji III : Sarini, S.Si, M.Stat

KATA PENGANTAR

Puja dan puji syukur penulis panjatkan kehadiran Allah SWT yang telah melimpahkan rahmat dan hidayah-Nya sehingga penulisan tugas akhir yang berjudul “Pembentukan *Phylogenetic Tree* Berdasarkan Metode Jarak Melalui Aplikasi Berbasis Web” ini dapat terselesaikan.

Penulis menghanturkan banyak terima kasih kepada Bapak Drs. Gatot F. Hertono, M.Sc, Ph.D. selaku Pembimbing I, dan Ibu Dr. Wellyzar Sjamsuridzal, M.Sc, Ph.D. dari Departemen Biologi selaku Pembimbing II, yang dengan sabar membimbing, memberi saran, dan bantuan selama penulisan berlangsung hingga tersusunnya tugas akhir ini. Secara khusus penulis berterima kasih kepada:

1. Bapak Djati Kerami, Ibu Denny R. S, Ibu Bevina D. H dan Ibu Siti Aminah selaku dosen Penguji, merangkap dosen Pembimbing Akademik yaitu Ibu Denny R. S, dosen Pengajar atas bekal ilmu yang diberikan.
2. Bapak Djupri dan Ibu Sartimah selaku orang tua penulis yang telah memberikan kasih sayang dan dukungan selama ini, dan juga Bapak Amar dan Ibu Atikah selaku mertua penulis.
3. Mantan pacar yang sekarang sudah menjadi istri yaitu Iffatul Mardhiyah yang telah memberikan kasih sayang serta dukungan dan semangatnya kepada penulis.

4. Teman-teman Math 2004 (Ajat, Avi, Adi, Bong, Dina, Dewi, Edi, Erma, Ega, Echa, Eni, Handi, Harry, Ivan, Iif, Irwanto, Ias, Intan, Johan, Lismanto, Lhuqita, Leli, Lisa, Mita, Milka, Murni, Nanda, Nadya, Novi, Nola, Nuri, Rimbun, Rini, Revaldo, Reza, Rieska, Siska, Spina, Vajar) atas persahabatannya selama empat tahun ini.
5. Bembi math'03, yanuar math'05 atas dukungannya dalam pembuatan aplikasi web ini.
6. Seluruh dosen dan karyawan Departemen Matematika UI atas bekal ilmu dan pelayanannya selama berada di Matematika UI.

Terakhir penulis ucapkan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada semua pihak yang telah membantu dalam penulisan tugas akhir ini yang belum sempat tercantum di atas.

Penulis

2008

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)

DAFTAR ISI

	Halaman
KATA PENGANTAR	i
ABSTRAK	iii
DAFTAR ISI	iv
DAFTAR GAMBAR	vi
DAFTAR TABEL	viii
DAFTAR LAMPIRAN	viii
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. LANDASAN TEORI	5
2.1 Ilmu Bioinformatika	5
2.2 <i>Tree</i>	7
2.3 <i>Phylogenetic Tree</i>	10
2.4 Metode Jarak (<i>Distance Methods</i>)	13
2.5 Algoritma Pada Metode Jarak	20

BAB III.	PENGEMBANGAN APLIKASI BERBASIS <i>WEB</i> UNTUK MEMBANGUN <i>PHYLOGENETIC TREE</i>	22
	3.1 Pendahuluan	22
	3.2 Pengembangan Aplikasi	24
	3.3 Algoritma <i>Neighbor-Joining</i>	26
	3.4 Contoh Penerapan Algoritma <i>Neighbor-joining</i>	30
	3.5 Cara Penggunaan dan Alur Aplikasi	36
BAB IV.	SIMULASI PEMBENTUKAN <i>PHYLOGENETIC TREE</i> PADA BEBERAPA DATA KOLEKSI DAN MELIHAT HUBUNGAN KEKERABATANNYA	40
	4.1 Data Koleksi	40
	4.2 Simulasi Pembentukan <i>Phylogenetic Tree</i>	41
	4.3 Melihat Hubungan Kekerabatan Berdasarkan Hasil Simulasi	47
BAB V.	PENUTUP	49
	5.1 Kesimpulan	49
	5.2 Saran Pengembangan	50
	DAFTAR PUSTAKA	51
	LAMPIRAN	52

DAFTAR GAMBAR

Gambar	Halaman
1. <i>Rooted tree</i>	9
2. <i>Unrooted tree</i>	9
3. Contoh <i>Phylogenetic tree</i>	11
4. <i>Phylogenetic tree</i> sederhana	12
5. Matriks jarak 6 OTU	15
6. <i>Phylogenetic tree</i> dari 5 spesies/OTU	18
7. Matriks jarak 4 spesies/OTU	19
8. <i>Tree</i> yang dihasilkan oleh matriks jarak yang sama	19
9. <i>Tree</i> untuk 3 spesies/OTU	27
10. <i>Pseudo code</i> algoritma <i>Neighbor-joining</i>	29
11. <i>Tree</i> tahap 1	31
12. <i>Tree</i> tahap 2	33
13. <i>Tree</i> tahap 3	35
14. <i>Tree</i> tahap 4	35
15. <i>Phylogenetic tree</i> tahap akhir	36
16. Tampilan awal menu Aplikasi	37
17. <i>Form</i> input matriks jarak	38
18. Contoh format <i>textfile</i> matriks jarak	38
19. Periksa matriks jarak untuk sifat <i>Additive</i>	39

20. <i>Textfile</i> yang berisi matriks jarak	41
21. Meng-upload <i>file</i>	42
22. Upload sukses	43
23. Hasil pemeriksaan matriks jarak untuk <i>additive</i>	44
24. <i>Unrooted phylogenetic tree</i> hasil simulasi	45
25. <i>Phylogenetic tree</i> yang dibangun dari aplikasi ClustalX	46
26. Hasil simulasi dengan aplikasi <i>web</i> dalam bentuk <i>phenogram</i>	46



DAFTAR TABEL DAN LAMPIRAN

Tabel	Halaman
1. Fungsi-fungsi pada PHP untuk menggambar	25
2. Matriks jarak dari 10 spesies/OTU (kelompok khamir).....	41

Lampiran	Halaman
1. <i>Source Code file</i> Aplikasi Berbasis Web	52
2. Data Koleksi Sekuens DNA Milik Dr. Wellyzar Sjamsuridzal	66

