

# BAB I

## Pendahuluan

### 1.1 Latar Belakang

Perkembangan teknologi informasi di berbagai disiplin ilmu telah menyebabkan ilmu-ilmu baru bermunculan yang sejalan dengan perkembangan teknologi informasi dan disiplin ilmu yang didukungnya. Aplikasi teknologi informasi dalam bidang biologi molekuler melahirkan bidang baru bernama bioinformatika. Bioinformatika dapat didefinisikan sebagai kumpulan ilmu matematika, statistika, dan komputasi yang digunakan untuk menganalisis suatu obyek dalam ilmu biologi [1]. Contoh yang paling umum adalah penganalisisan struktur DNA dan protein sebuah spesies untuk mengetahui hubungan kekerabatan dengan spesies lain.

Ilmu Bioinformatika telah berkembang pesat di negara-negara maju, salah satu aplikasinya dapat digunakan untuk melihat hubungan evolusi organisme hidup yang ada di muka bumi ini dengan cara menganalisis struktur DNA atau protein organisme tersebut. Hal tersebut memungkinkan kita untuk membangun suatu diagram yang merepresentasikan hubungan kekerabatan antar organisme dalam bentuk pohon kekerabatan (*Phylogenetic tree*) [2].

*Tree* telah banyak digunakan oleh ahli-ahli biologi untuk merepresentasikan hubungan evolusi diantara spesies. Ilmu yang

mempelajari sejarah evolusi spesies ini disebut *Phylogenetic*, hubungan evolusi antar spesies ini digambarkan dalam sebuah graf atau *tree*.

Sedangkan *tree* yang menggambarkan hubungan evolusi antar spesies disebut *Phylogenetic tree*.

Ada beberapa metode dalam pembentukan *Phylogenetic tree*.

Masing-masing metode memiliki cara dan algoritma yang berbeda dalam membentuk *Phylogenetic tree*. Salah satu algoritma yang digunakan adalah algoritma *neighbor-joining*. Untuk membangun sebuah *Phylogenetic tree* dengan menggunakan algoritma *neighbor-joining* terbilang mudah namun jika jumlah spesiesnya besar maka pembentukannya akan jadi semakin kompleks dan akan memakan waktu lama. Oleh karena itu, akan dibuat sebuah aplikasi untuk membangun *Phylogenetic tree* sehingga proses pembentukan *Phylogenetic tree* akan menjadi lebih cepat.

Karena sumber daya dalam bentuk perangkat keras (*hardware*) yang dimiliki pengguna (*user*) sangat terbatas, maka aplikasi yang akan dibuat merupakan aplikasi berbasis *web*. Sehingga pengguna (*user*) dapat menggunakan aplikasi ini secara *online* melalui internet maupun intranet, tanpa perlu mendownload aplikasi dan menginstalnya pada komputer pribadi. Aplikasi ini dibuat dengan menggunakan bahasa pemrograman PHP, yaitu bahasa pemrograman yang bersifat *open source*.

## 1.2 Tujuan Penulisan

Tujuan dari penulisan tugas akhir ini adalah mengembangkan aplikasi berbasis *web* untuk membangun *phylogenetic tree* yang dapat digunakan secara online oleh siapapun dan dimanapun, mengkaji proses pembentukan *phylogenetic tree* dan melihat hubungan kekerabatan dari beberapa spesies yang terlibat (*operational taxonomic unit* atau *OTU*) berdasarkan analisis *phylogenetic*.

## 1.3 Pembatasan Masalah

Pada tugas akhir ini masalah dibatasi pada proses membangun suatu *phylogenetics tree* dengan menggunakan algoritma *neighbor-joining*. Proses pembangunan *phylogenetics tree* tersebut menggunakan aplikasi berbasis *web* dengan input berupa matrik jarak (*distance matrix*) yang diperoleh dari *software* ClustalX dan outputnya adalah sebuah gambar *phylogenetic tree*. Aplikasi yang dibuat menggunakan bahasa pemrograman PHP.

Matriks jarak tersebut diartikan sebagai matriks yang setiap elemennya merepresentasikan jarak (*distance*) dari setiap pasang spesies yang terlibat. Masalah ini akan dibahas lebih lanjut pada bab berikutnya.

#### 1.4 Sistematika Penulisan

Tugas akhir ini tersusun dalam 5 (lima) bab, yang isi dari tiap-tiap babnya adalah sebagai berikut. Bab I menjelaskan tentang latar belakang dan tujuan penulisan. Bab II membahas tentang teori – teori dasar yang diperlukan dalam penulisan tugas akhir ini. Bab III membahas tentang pengembangan aplikasi berbasis *web* dalam membangun *phylogenetic tree*. Bab IV membahas tentang simulasi pembentukan *phylogenetic tree* dan melihat kekerabatannya berdasarkan struktur *phylogenetic tree* yang dibentuk, dan bab terakhir Bab V berisi kesimpulan dan saran pengembangan.

