

PERBANDINGAN PEMBANGUNAN PHYLOGENETIC TREE MENGUNAKAN ALGORITMA UNWEIGHTED PAIR GROUP METHOD WITH ARITHMATIC MEAN DAN ALGORITMA NEIGHBOR JOINING

Firyán Gustan Sylvano, Wisnu Ananta Kusuma, Antonius Suwanto

ABSTRAK

Untuk mengetahui bagaimana proses evolusi maupun mengetahui hubungan evolusi antar organisme terjadi merupakan tantangan yang dirasakan amat penting oleh para ahli biologi. Bidang kajian ilmu yang mempelajari hubungan evolusi antar organisme disebut phylogenetics. Analisis phylogenetic memiliki artian menduga atau memperkirakan bagaimana hubungan evolusi itu terjadi. Secara umum analisis phylogenetic terdiri dari empat langkah utama, yaitu pencocokan, menentukan model substitusi, membangun phylogenetic tree dan evaluasi terhadap tree. Metode yang digunakan untuk membangun phylogenetic tree dapat dikelompokkan menjadi dua, yaitu metode yang berdasarkan jarak (distance-based) dan berdasarkan karakter (character-based).

Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA) dan Neighbor Joining(NJ) merupakan algoritma pembuatan tree yang menggunakan metode berdasarkan jarak, di mana metode ini memanfaatkan banyaknya perbedaan antara dua sekuen untuk membuat tree. Penelitian ini bertujuan untuk mempelajari, mengimplementasikan dan membandingkan UPGMA serta NJ, sehingga dapat diketahui perbandingan kedua algoritma tersebut dalam pembuatan tree. Studi yang dilakukan terhadap algoritma tersebut meliputi studi teori, algoritma dan hasil implementasi.

Dari studi teori dapat diringkas bahwa kedua algoritma menggunakan metode berdasarkan jarak, namun terdapat perbedaan dalam menentukan kelompok / cluster terdekat. Hal ini menyebabkan perbedaan struktur dari algoritma UPGMA dan NJ dalam proses pembangunan tree.