

## Cara Pembuatan Pohon Filogeni

(Khairiza Lubis)

### Abstrak

Studi ini bertujuan untuk membantu dalam pembuatan pohon filogeni, baik secara sederhana maupun menggunakan software. Pohon filogeni berasal dari dua kata, yaitu pohon dan filogeni. Kata pohon mempunyai arti gambaran yang berisi tentang suatu data yang saling berhubungan dan bercabang-cabang. Sedangkan kata filogeni berasal dari bahasa Yunani, yaitu *phyle* dan *phylon* yang mempunyai suku dan ras, serta genetikus yang berarti kerabat dari kelahiran. Dengan kata lain pohon filogeni merupakan suatu bentuk gambaran dari silsilah makhluk hidup baik hewan maupun tumbuhan yang bercabang-cabang sehingga menyerupai pohon. Membuat pohon filogeni ada dua cara, yaitu cara yang pertama secara sederhana dengan berdasarkan urutan DNA, dan cara kedua dengan menggunakan Software Clustal W2.

Kata Kunci: Pohon dan Filogeni, Cara Membuat.

### PENDAHULUAN

Pohon filogeni merupakan suatu cara yang digunakan untuk mengetahui hubungan kekerabatan makhluk hidup di muka bumi. Menurut Mirabella (2011), pohon filogeni diartikan menjadi dua kata, yaitu pohon dan filogeni. Pohon yang berarti data terstruktur yang menggambarkan sebuah data yang dapat diinterpretasikan secara hierarki yang berhubungan dan digambarkan dengan setiap cabang dalam pohon. Sedangkan filogeni yang berasal dari bahasa Yunani, yaitu *phyle* dan *phylon* yang mempunyai suku dan ras, serta genetikus yang berarti kerabat dari kelahiran.

Orr (2013) mengatakan pohon filogeni terdiri dari dua kata, pohon adalah susunan dari titik-titik dan cabang-cabang. Satu cabang menghubungkan dua titik yang berdekatan. Titik-titik mewakili kesatuan dari taksonominya (sekuen-sekuennya). Sedangkan filogeni berarti ilustrasi dari hubungan secara evolusi diantara sebuah kelompok makhluk hidup.

Anonim (2010) berpendapat bahwa pohon filogeni adalah hubungan kekerabatan makhluk hidup yang digambarkan dalam suatu

silsilah yang bangunannya mirip seperti pohon bercabang.

Yan Li (2013) menyebutkan bahwa pohon filogeni adalah sebuah susunan yang mana spesies-spesies disusun dalam bentuk cabang-cabang yang menghubungkan mereka berdasarkan hubungan kekerabatan secara evolusi.

Membuat pohon filogeni ada dua cara, yaitu yang pertama secara sederhana (secara manual) dan yang kedua dengan cara menggunakan software. Dalam ini cara sederhana yang digunakan adalah berdasarkan urutan DNA dengan cara membandingkan urutan DNA nya. Sedangkan dengan menggunakan software yaitu menggunakan software Clustal W2.

### A. MEMBUAT POHON FILOGENI

#### Cara Sederhana

Metode sederhana dilakukan dengan cara membandingkan urutan DNA. Menurut Campbell et all (2003) langkah-langkah pembuatan pohon filogeni berdasarkan urutan DNA adalah sebagai berikut:

1. Misalkan ada empat taksa, yaitu taksa A, B, C, dan D yang mempunyai urutan DNA sebagai berikut:

A – GCTGTCCGTTACGAT  
 B – ACTTGTCTGTTACGAT  
 C – ACTTGTCCGAAACGAT  
 D – ACTTGACCGTTTCCTT

2. Dari urutan DNA di atas carilah perbedaan urutan DNA nya. Perbedaan urutan DNA ini dinamakan jarak genetik. Berdasarkan urutan DNA di atas maka jarak genetik di antara taksa adalah sebagai berikut:

|   | A | B | C | D |
|---|---|---|---|---|
| A |   | 2 | 3 | 5 |
| B | 2 |   | 3 | 5 |
| C | 3 | 3 |   | 6 |
| D | 5 | 5 | 6 |   |

3. Kemudian carilah kedua taksa yang paling dekat hubungannya atau yang paling pendek jarak genetiknya. Dari tabel di atas jarak taksa A dan B adalah taksa yang paling dekat karena hanya ada dua urutan DNA yang berbeda.
4. Mulailah pohon filogeni ini dengan cabang yang menghubungkan A dan B. Masing-masing cabang harus memiliki panjang yang sama sehingga jaraknya dibagi dua. Jadi  $2 \div 2 = 1$ .

- 5.

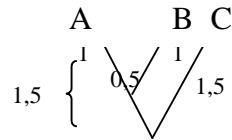


6. Selanjutnya taksirlah jarak antara unit AB dengan taksa yang lain.

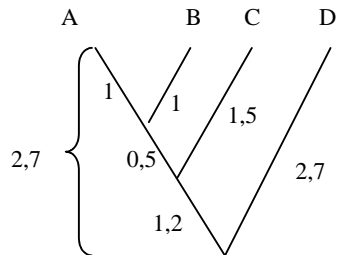
a. Hitung jarak rata-rata AB ke C. Jarak dari A ke C adalah 3. Jarak B ke C adalah 3. Maka rata-rata dari AB ke C adalah 3.

b. Hitung jarak rata-rata dari AB ke D. Jarak A ke D adalah 5 dan jarak B ke D adalah 5. Maka rata-ratanya adalah 5.

7. Oleh karena jarak AB ke C lebih kecil dari jarak AB ke D, maka C ditempatkan setelah A dan B pada pohon tersebut. Masing-masing cabang (cabang AB dan cabang C) mempunyai panjang 1,5.



8. Terakhir taksirlah jarak ABC ke D. Jarak A ke D adalah 5, jarak B ke D = 5, dan jarak C ke D = 6. Jadi jarak rata-rata jarak ABC ke D =  $5,3$ . Sehingga panjang cabang D adalah  $5,3 \div 2 = 2,7$ .



## B. MENGGUNAKAN SOFTWARE

Menurut Anapoe (2013), pohon filogeni bisa dibuat dengan menggunakan software Clustal W2 secara on line, dengan cara sebagai berikut:

1. Untuk memasukkan sekuen DNA terlebih dahulu buka situs Clustal W2 di alamat <http://www.ebi.ac.uk/Tools/clustalw2/>.
2. Kemudian masukkan sekuen analisa DNA yang kita punya dengan cara mengunggah file tersebut.
3. Klik tombol "RUN" dengan catatan tidak mengubah parameter apapun yang terdapat di layar. Tunggu sampai laman hasil alignment terbuka dengan sempurna. Unduh hasil alignment tadi dengan cara mengklik kanan pada link "Alignment File", lalu "Save" ke harddisk komputer. Kemudian buat pohon filogeni.
4. Untuk membuat pohon filogeni buka kembali situs Clustal W2 kembali..
5. Unggah sekuen-sekuen yang kita punya. Kemudian ubah parameter "TREE TYPE" menjadi "nj" (Neighbor - Joining).
6. Klik tombol "RUN". Tunggu sampai laman hasil alignment terbuka dengan sempurna.
7. Selanjutnya Untuk menampilkan pohon filogeni, unduh software Tree View X secara gratis dari situs [darwin.zoology.gla.ac.uk/~rpage/treeviewx/](http://darwin.zoology.gla.ac.uk/~rpage/treeviewx/).

8. Setelah terinstal di komputer. Pilih menu "File" selanjutnya klik "Open" untuk membuka file. Kemudian pilih jenis filenya "Phylip (\*.ph)".
9. Buka file (dalam jenis \*.ph) yang anda unduh tadi.
10. Selesai, pohon filogeni sekarang telah terbentuk.

## PENUTUP

### Kesimpulan

Dari tulisan di atas dapat disimpulkan bahwa pohon filogeni merupakan suatu bentuk gambaran dari silsilah makhluk hidup baik hewan maupun tumbuhan yang bercabang-cabang sehingga menyerupai pohon.

### Saran

Pohon filogeni sampai sekarang masih dalam penelitian lebih lanjut oleh para ilmuwan. Oleh karena itu disarankan kepada pembaca untuk terus mengikuti perkembangannya dengan cara terus membaca buku dan jurnal yang berkaitan dengan pohon filogeni.

### DAFTAR PUSTAKA

- Anonim. 2010. Filogeni Organisme. [biologi.fst.unair.ac.id/matkul\\_S1bio/.../FILOGE\\_NI\\_ORGANISME.ppt](http://biologi.fst.unair.ac.id/matkul_S1bio/.../FILOGE_NI_ORGANISME.ppt). (diakses 4 Desember 2013).
- Anapoe. 2013. Membuat Pohon Filogenetik. [3anapoe3.wordpress.com/.../artikel-bioinformatika-membuat-pohon-filogenetik](http://3anapoe3.wordpress.com/.../artikel-bioinformatika-membuat-pohon-filogenetik). (diakses 4 Desember 2013).
- Campbell, N.A., Reece, J.B., Mitchell, L.G. Biologi. Edisi Kelima Jilid II. Erlangga. Jakarta.
- Mirabella, F.M. 2011. Pendekatan Pohon dalam Filogenetik. Makalah IF2091 Struktur Diskrit-Sem. I. Tahun 2011/2012.

Orr, I. 2013. Introduction to Phylogenetic Analysis.

[bip.weizmann.ac.il/education/.../phylogenetics](http://bip.weizmann.ac.il/education/.../phylogenetics)  
.pd. (diakses 4 Desember 2013)

Yan Li. 2013. How to Build a Phylogenetic Tree.

[guava.physics.uiuc.edu/~nigel/.../hw2\\_li.pdf](http://guava.physics.uiuc.edu/~nigel/.../hw2_li.pdf)  
(diakses 6 Desember 2013).