

Pendekatan Pohon dalam Filogenetik

Flora Monica Mirabella - 13510094¹

Program Studi Teknik Informatika

Sekolah Teknik Elektro dan Informatika

Institut Teknologi Bandung, Jl. Ganesha 10 Bandung 40132, Indonesia

¹13510094@std.stei.itb.ac.id

Abstract—Filogenetik merupakan ilmu yang mempelajari tentang keterkaitan evolusi yang terjadi dalam sebuah grup makhluk hidup di dalam bumi. Keterkaitan evolusi tersebut berupa hubungan siapa nenek moyang terakhir yang dimiliki dua atau lebih organisme. Hubungan keterkaitan evolusi ini dapat diinterpretasikan dengan lebih sederhana melalui penggambaran dalam pohon. Pohon berakar dan pohon tidak berakar merupakan sebuah dasar dari pembuatan pohon Filogenetik. Pohon Filogenetik merupakan dasar rekonstruksi dari pohon kehidupan (*The Tree of Life*) yang sampai sekarang masih dalam penelitian lebih lanjut oleh para ilmuwan.

Index Terms—Filogenetik, Pohon Filogenetik, Pohon Kehidupan.

I. LATAR BELAKANG

Evolusi merupakan perubahan secara berangsur-angsur atau perlahan-lahan yang terjadi dalam jangka waktu yang sangat lama. Jangka waktu yang sangat lama disini meliputi angka puhan hingga ratusan ribu dalam satuan tahun. Evolusi ini terjadi pada semua hal yang berada di atas bumi. Komponen abiotik seperti udara, batu-batuan, tanah, maupun biotik seperti tanaman dan hewan sedang mengalami evolusi selama bumi ini berputar. Singkatnya, menurut ilmu biologi, evolusi merupakan sebuah bagian dari kehidupan kita di bumi.

Sejak dulu, manusia telah berusaha mencari jawaban mengenai dari mana kehidupan itu berasal. Banyak orang yang berusaha membongkar rahasia ini dengan cara membuat hipotesis, melakukan penelitian, sampai ada juga yang membuat teorema. Selain itu, muncul juga banyak paham-paham ideologi yang juga berusaha menjelaskan asal-usul kehidupan ini sesuai dengan ideologi yang dianut. Tak lepas dari semua itu, dalam ajaran agama – agama yang ada di bumi pun, asal-usul kehidupan ini merupakan sebuah wacana yang ikut dibahas. Manakah yang benar? sampai saat ini, belum ada yang tahu dan belum ada yang bisa membuktikannya secara ilmiah.

Namun, para ilmuwan tetap melakukan banyak riset mengenai evolusi ini, dimulai dari penelitian oleh Lamark (1744-1829) sampai diterbitkannya buku *The Origin of Species* oleh Charles Darwin (1809-1882), yang sekarang disebut-sebut sebagai Bapak Evolusi. Sampai saat ini, teori terakhir yang masih menjadi acuan para ilmuwan adalah teori evolusi dari Charles Darwin. Teori Evolusi

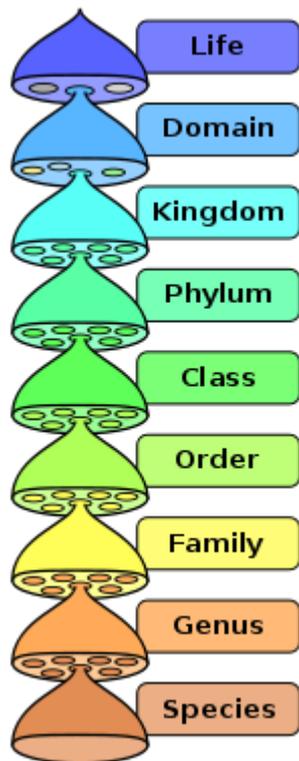
ini dikatan paling dapat diterima, sampai saat ini, secara ilmiah dan masih dapat dibuktikan kebenarannya walaupun tidak mutlak sepenuhnya.

Teori Evolusi ini jugalah yang menciptakan sebuah konsep bahwa awalnya seluruh makhluk hidup di bumi ini mempunyai satu nenek moyang yang sama. Nenek moyang yang sama membuat makhluk hidup di bumi ini seharusnya juga berbagi sebuah kode genetik yang sama seperti leluhurnya. Namun, selama bumi ini telah ada, terdapat banyak sekali perubahan dari makhluk hidup karena diperlukan adanya adaptasi pada lingkungan di bumi yang sangat beragam.

Melalui teori evolusi ini, dapat disimpulkan bahwa makhluk hidup mempunyai nenek moyang yang sama dan berbagi beberapa unsur yang sama. Pengertian nenek moyang yang sama inilah yang menjadi dasar dari pembuatan pohon Filogenetik. Pohon filogenetik merupakan pohon yang menggambarkan hubungan antara spesies diurutkan menurut nenek moyang terakhir yang paling dekat dengan spesies tersebut. Dalam pohon Filogenetik ini akan terlihat seberapa dekatnya sebuah spesies dengan spesies yang lainnya. Hubungan kekerabatan antara spesies akan terlihat jelas dalam pohon Filogenetik.

Pembuatan pohon Filogenetik inilah yang mendasarkan manusia membuat konsep Pohon kehidupan. Dimana pada dasarnya pohon kehidupan tersebut merupakan pohon filogenetik yang menyangkut semua organisme yang hidup di bumi ini. Melalui pohon kehidupan yang dibuat, penggolongan makhluk hidup yang disebut dengan taksonomi juga dapat digunakan dengan lebih mudah. Dimana pada dasarnya beberapa spesies yang berbagi nenek-moyang yang sama seharusnya mempunyai kekerabatan lebih dekat dan berbagi nama yang sama dalam famili ataupun genus.

Semakin kebawah dalam diagram di gambar 1-1, seharusnya semakin banyak kesamaan yang dibagi oleh organisme yang satu dan yang lainnya. Kesamaan itulah yang nantinya akan memunculkan adanya satu genus dengan beberapa nama spesie yang berbesa untuk organisme yang berbeda. Penamaan ini lah yang seharusnya tidak mengingkari pohon filogenetik yang ada.



Gambar 1-1 Urutan Klasifikasi Makhluk Hidup

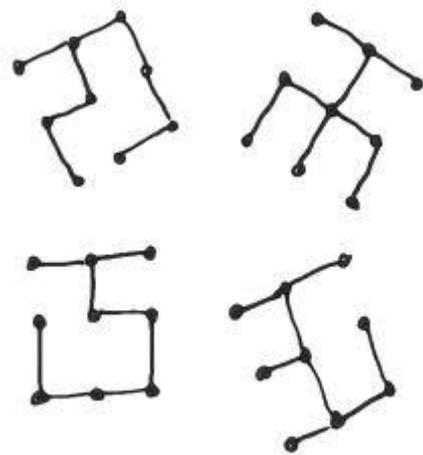
Penggunaan teori Pohon seperti yang terdapat dalam kuliah sturkur diskret merupakan sebuah aplikasi yang mempermudah pendalaman mengenai Filogenetik ini sehingga digunakan dalam pembuatan pohon Filogenetik yang sederhana namun dapat sangat menjelaskan apa yang terjadi di dalam proses evolusi di bumi.

II. DASAR TEORI

Teori Pohon dalam Strukur Diskrit merupakan teori dasar yang penting yang mendasar pembahasan ini. Selain itu, diperlukan juga pengetahuan mengenai penggolongan makhluk hidup sesuai dengan beberapa istilah yang ada dalam bidang Biologi untuk membentuk sebuah pohon Filogenetik.

A. Pohon

Pohon merupakan data terstruktur yang menggambarkan sebuah data yang dapat diinterpretasikan secara hierarki yang berhubungan dan digambarkan dengan setiap cabang dalam pohon. Pohon dapat juga dikatakan sebagai graf tak-berarah yang berhubungan dan tidak mengandung sirkuit. Sebuah pohon dapat dinotasikan dalam bahasa matematika sebagai $G(V,E)$. Dimana V merupakan *vertex* (simpul) dan E merupakan *edges* (sisi). Jumlah simpul dalam pohon biasanya dinyatakan dalam variabel n . Hutan (*forest*) merupakan kumpulan dari beberapa pohon. Dalam pengertian pohon secara graf, dapat pula dikatakan bahwa hutan merupakan kumpulan dari graf-graf tak bersirkuit yang juga tidak saling berhubungan satu sama lain.

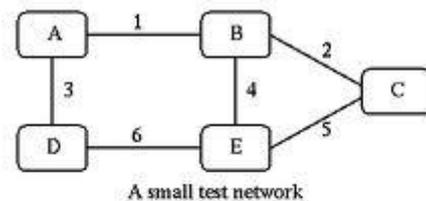


Gambar 2-1 Hutan

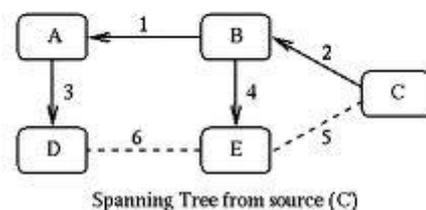
Sifat-sifat yang dimiliki oleh sebuah pohon adalah sebagai berikut:

1. G adalah pohon
2. Setiap pasang simpul dalam G terhubung dengan lintasan tunggal
3. G terhubung dan memiliki $m=n-1$ buah sisi
4. G tidak mengandung sirkuit
5. Penambahan satu sisi pada graf hanya akan membuat satu sirkuit
6. G terhubung dan semua sisinya adalah jembatan

Dalam teori pohon, tersapat beberapa jenis pohon yang telah dijelaskan oleh banyak ahli. Pohon-pohon tersebut berupa: *Spanning Tree*, *Rooted Tree*, dan *Unrooted Tree*. *Spanning Tree* yang disebut juga sebagai pohon merentang, merupakan pohon yang dihasilkan dari memutuskan sirkuit dalam sebuah graf. Karena diperoleh dari graf bersirkuit, maka sebuah graf paling tidak mempunyai satu pohon merentang. Pohon merentang ini dapat diaplikasikan dalam pembuatan jaringan dalam komputer ataupun perutean sebuah jalan.



A small test network



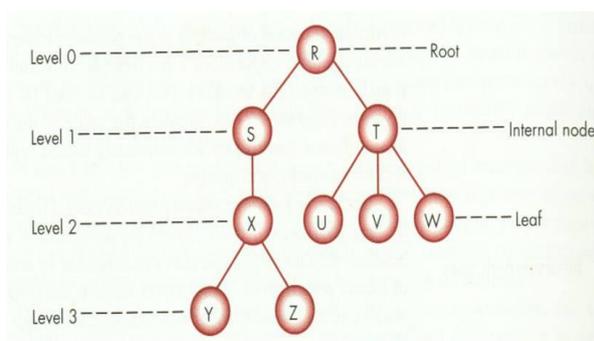
Spanning Tree from source (C)

Gambar 2-2 Pohon Merentang

Rooted Tree atau yang sering disebut dengan Pohon berakar merupakan pohon yang salah satu simpunya diperlakukan sebagai akar. Dimana setiap sisi dari pohon tersebut mempunyai orientasi arah, yaitu menuju atau menjauhi akarnya. Dalam *Rooted Tree* dikenal beberapa istilah yang tidak terdapat pada pohon merentang.

Diantaranya adalah terdapat terminologi anak dan orang tua. Dimana dalam terminologi tersebut, jika dilihat dalam gambar 2-3, jika kita mengambil R sebagai orang tua, maka S dan T merupakan anaknya. Hal ini juga berlaku jika diambil X sebagai orangtua maka, Y dan Z adalah anaknya.

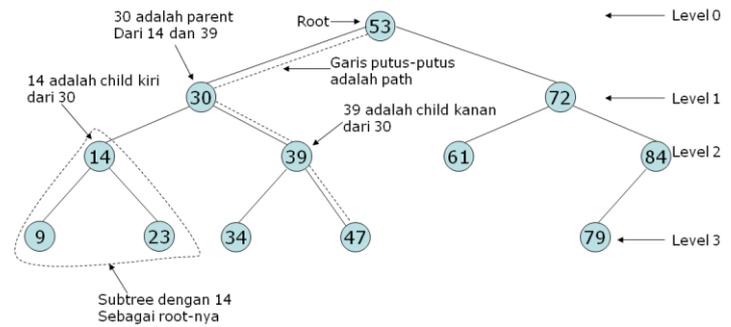
Selain terminologi ini, pada pohon juga dikenal dengan adanya lintasan (*path*). Contoh lintasan adalah sebagai berikut: R-T-U, merupakan sebuah lintasan dalam pohon di gambar 2-3. Saudara kandung (*siblings*) dalam pohon menggambarkan hubungan antara S dan T, karena keduanya mempunyai satu orang tua yang sama yaitu R. Upapohon yang dikenal juga dengan *Subtree* merupakan bagian yang meliputi dari S sampai ke Y dan Z. Banyaknya anak yang terdapat pada pohon disebut juga derajat. Terlihat pula dari gambar 2-3, terdapat petunjuk bahwa W adalah *leaf* atau daun. Daun pada pohon tersebut tidak hanya W tapi juga Y, Z, U, dan V, sehingga dapat disimpulkan bahwa daun adalah simpul yang tidak lagi mempunyai anak. Sedangkan simpul yang mempunyai anak disebut sebagai simpul dalam. Tingkat (*level*) pada pohon digambarkan sebagai banyaknya tingkatan dari orangtua pertama (akar) sampai pada anak terakhir (daun). Setiap simpul yang mempunyai anak, level anak tersebut akan bertambah satu dari orang tuanya. Sedangkan kedalam sebuah pohon juga dapat diketahui dari tingkat pohon tersebut. Sehingga untuk pohon pada gambar dibawah kedalamannya adalah 3.



Gambar 2-3 Pohon Berakar

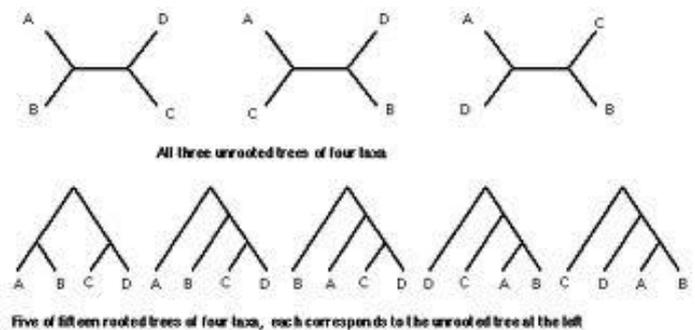
Pohon berakar ini mempunyai banyak jenis. Terdapat pohon berakar yang disebut pohon terurut (*ordered tree*) dimana disebut terurut karena pada pohon jenis ini, urutan anak menjadi penting. Selain itu terdapat pula pohon n-ary yang merupakan pohon dimana setiap simpul cabangnya maksimal mempunyai n buah anak. Pohon n-ary dikatakan pohon penuh jika setiap simpulnya tepat mempunyai n buah anak. Pohon n-ary yang sering digunakan dan mempunyai pembahasan yang lebih mendalam adalah pohon n-ary dengan n=2. Dimana pohon ini disebut juga sebagai pohon biner. Pohon biner ini merupakan salah satu pembahasan yang penting dan sangat berpengaruh kegunaannya dalam pembahasan mengenai algoritma.

Binary Trees



Gambar 2-4 Pohon Biner

Selain pohon berakar, dikenal juga pohon tidak berakar (*Unrooted Tree*). Pohon ini tidak berakar karena memang tidak memiliki simpul yang digunakan sebagai akar. Pohon ini merupakan pohon yang akan sering ditemukan pada pembuatan pohon Filogenetik. Pohon tidak berakar ini menggambarkan relasi dari setiap daunnya tanpa memikirkan relasi dari yang manakah akarnya. Seperti yang terlihat pada gambar 2-5, pohon-pohon tersebut merupakan pohon yang tidak berakar.



Gambar 2-5 Pohon Tidak Berakar

B. Filogenetik

Kata Filogenetik (*Phylogenetics*) berasal dari bahasa Yunani, *phyle* dan *phylon* yang berarti suku dan ras, serta kata *genetikos* yang berarti kerabat dari kelahiran. Filogenetik merupakan sebuah ilmu yang mempelajari mengenai bagaimana keterhubungan organisme satu dan yang lainnya dilihat dari nenek moyang terakhir yang dimiliki bersama. Dimana pada nenek moyang tersebut terdapat sebuah sifat khusus baik secara morfologi ataupun molekular yang masih dimiliki oleh dua atau lebih organisme tersebut. Lalu saat diturunkan dari nenek moyang tersebut terdapat sifat-sifat yang hilang ataupun tidak menurun pada beberapa organisme sehingga menyebabkan terpisahnya organisme tersebut dari satu organisme, karena sudah merupakan organisme yang berbeda satu dan lainnya.

Melalui filogenetik, dapat diamati dengan lebih jelas bagaimana evolusi dapat terjadi, bahkan bagaimana alur evolusi itu terjadi pada makhluk hidup. Bagaimana

kedekatan makhluk hidup yang satu dengan yang lainnya, bagaimana dapat terjadinya perubahan dari satu organisme menjadi organisme lainnya, kapan kira-kira perpisahan dari nenek moyang itu terjadi, dan banyak hal lainnya dapat dilihat melalui pendekatan dengan filogenetik ini.

Banyak sekali data yang telah didapatkan mengenai asal-usul makhluk hidup, baik dari fosil ataupun penelitian lainnya. Hanya saja, cara mempresentasikan data tersebut sehingga dapat dilihat secara keseluruhan merupakan sebuah masalah yang sangat sulit pemecahannya. Pemecahan yang dicari sulit karena seperti yang kita ketahui, banyak sekali makhluk hidup yang ada di atas bumi ini. Data dengan variabel yang begitu banyak ini tidak mungkin dilihat secara mudah dalam bentuk tabel ataupun grafik. Oleh karena itu munculah sebuah aplikasi kombinatorial dalam Filogenetik, yang membuat data-data ini dapat diinterpretasikan secara lebih sederhana dalam bentuk pohon.

Dalam menentukan pengelompokan organisme-organisme yang ada di bumi untuk dimasukkan kedalam konsep Pohon Filogenetik, diperlukan sebuah pengertian mengenai sifat yang dibagi oleh organisme dalam suatu unit yang ada. Terdapat beberapa pendekatan melalui Transfer Gen maupun Morfologi. Pendekatan melalui transfer gen inilah yang sekarang ini lebih dipercaya karena data yang didapatkan pasti kebenarannya.

Kemungkinan-kemungkinan terjadi transfer gen sangat banyak terjadi pada konsep filogenetik, oleh karena itu perlu ditelesuri juga dari morfologi organisme agar tepat hasilnya seperti yang diharapkan.

III. POHON FILOGENETIK

A. Sifat yang Dibagi

Dalam pembuatan pohon Filogenetik, terdapat sebuah konsep yang perlu dipegang terlebih dahulu. Konsep itu mengenai bagaimana sekelompok makhluk hidup membagi sifat yang dimilikinya satu dengan yang lainnya. Dalam ilmu Biologi, pembagian sifat ini mempunyai istilahnya sendiri. Beberapa istilah tersebut adalah:

1. *Symplesiomorphy*

Merupakan sifat yang dibagi oleh dua atau lebih taksa tapi juga ditemukan pada taksa nenek moyang yang sebelumnya. Misalnya pada monyet dan tikus ditemukan terdapat 5 kuku jari, hal ini juga ditemukan pada kadal. Namun, kedua kelompok ini terdapat pada taksa yang berbeda.

2. *Homoplasy*

Merupakan sifat yang dibagi oleh dua atau lebih taksa tetapi tidak dimiliki oleh nenek moyang yang paling terakhir yang dimiliki. Misalnya saja pada mamalia dan aves. Keduanya berdarah panas, tetapi pada nenek moyang terakhir sebelum keduanya terpisah

sifat ini tidak ditemukan.

3. *Synapomorphy*

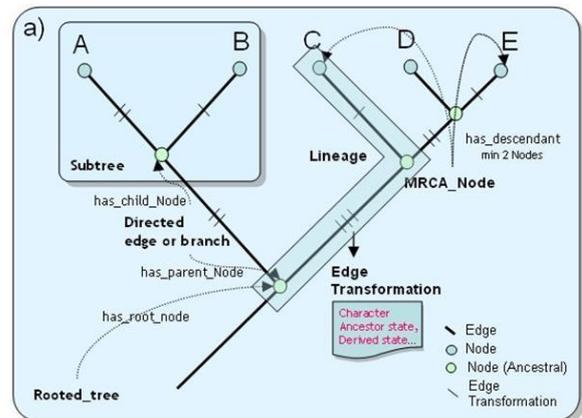
Merupakan sifat yang dibagi oleh satu atau dua taksa yang mempunyai nenek moyang terakhir yang sama. Misalnya saja pada kelompok mamalia, semua mamalia membagi sifat mempunyai rambut dan berdarah panas.

B. *Most Recent Common Ancestor*

Dalam ilmu genetika di Biologi dikenal istilah *Most Recent Common Ancestor* (MRCA) yang dapat diartikan sebagai nenek moyang terakhir yang dimiliki oleh organisme. Terakhir yang dimaksudkan disini adalah menuju kepada nenek moyang yang langsung menuju kepada keturunannya tersebut. sehingga diatas keturunan itu langsung terdapat nenek moyang yang dimaksudkan.

Pengertian ini sangat penting pada pembuatan pohon Filogenetik dimana kesalahan nenek moyang dan keturunannya menyebabkan pengertian dari pohon filogenetik yang salah. Namun pada kenyataannya, secara umum, adalah sebuah hal yang mustahil untuk mengetahui nenek moyang dari sebuah organisme. Hanya saja, memang konsep inilah yang dipakai pada pembuatan pohon filogenetik.

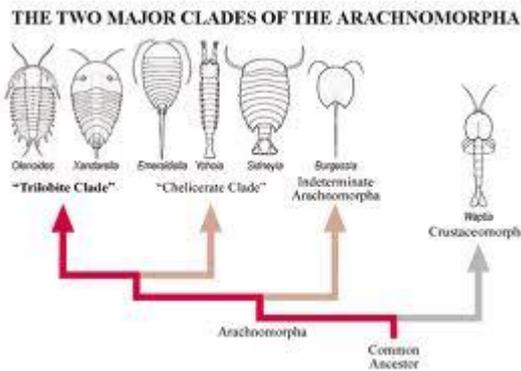
Menentukan nenek moyang disini adalah dimana organisme tersebut mempunyai sifat-sifat yang dimiliki oleh seluruh keturunannya. Barulah keturunannya tersebut tidak lagi memiliki sifat-sifat nenek moyang sehingga menjadi organisme yang terpisah.



Gambar 3-1 Penjelasan Pohon Filogenetik

C. *Cladogram*

Cladogram merupakan cara yang akan dipakai dalam mempresentasikan pohon filogenetik. Cladogram disini terdiri dari clades. Clades dapat dikatakan merupakan alur yang akan menuju ke makhluk hidup tertentu. Clades seperti cabang pada pohon yang berarah ke organisme tertentu. Lebih jelasnya clade dapat dilihat pada gambar dibawah ini, yang diwarnai merah.



Gambar 3-2 Clade

Clade ini akan membentuk Cladogram yang akan membuat Pohon Filogenetik yang kita perlukan. Cladogram juga diperhatikan panjangnya karena menyatakan waktu yang menunjukkan durasi evolusi yang terjadi pada organisme.

D. Peluang Pohon Filogenetik

Variabel makhluk hidup yang sangat banyak jumlahnya merupakan sebuah kesulitan sendiri yang sampai saat ini masih sangat menyulitkan pembuatan data yang paling efisien untuk dilihat. Kita dapat membuat pohon filogenetik tetapi harus disadari pula, banyak sekali kemungkinan untuk pohon tersebut. Karena belum ada kepastian mengenai data-data yang dimiliki manusia, sehingga kita juga tidak bisa mengetahui, pohon filogenetik yang mana yang benar-benar bisa menjelaskan mengenai evolusi yang sebenarnya terjadi.

Untuk mengetahui

E. Pembuatan Pohon Filogenetik

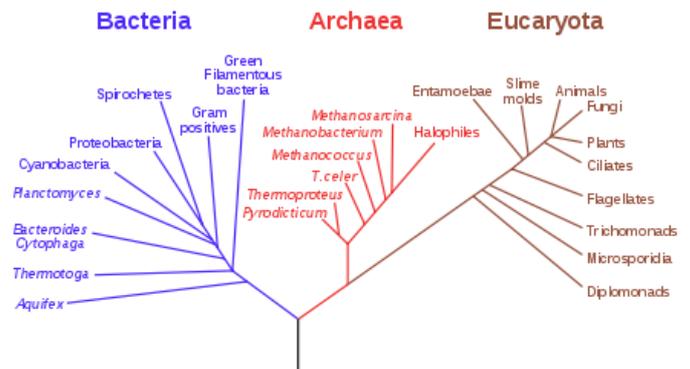
Setelah mengetahui pengelompokan yang benar mengenai organisme, maka sekarang dapat dibuat pohon Filogenetik. Pertama kita harus menentukan, kita akan membuat pohon Filogenetik berdasarkan Morfologi makhluk hidup atau secara molekular. Secara morfologi adalah secara fisik, apa yang ada pada makhluk hidup tersebut. misalnya saja kalau pada hewan, berarti kita bisa mengelompokkannya berdasarkan ruang jantung yang dimiliki. Dimana Pisces mempunyai 2 ruang, Reptilia mempunyai 3 ruang, dan Aves serta Mamalia memiliki 4 ruang jantung. Sedangkan secara molekular, berarti kita melihat ke dalam DNA yang dimiliki oleh setiap organisme dan membandingkan serta memeriksa kekerabatannya melalui DNA tersebut.

Untuk saat ini, kita tidak mungkin membuat pohon filogenetik secara molekular karena kita tidak memiliki data yang banyak mengenai organisme-organisme yang ada. Oleh karena itu akan dicoba dibuat pohon filogenetik berdasarkan molekular, ruang katup jantung.

Kita harus memulai pembuatannya dari akar yang akan kita tentukan. Kita tentukan bahwa akar yang dibuat disini adalah Kehidupan (*Life*). Sebenarnya, jika kita akan membuat pohon filogenetik secara keseluruhan,

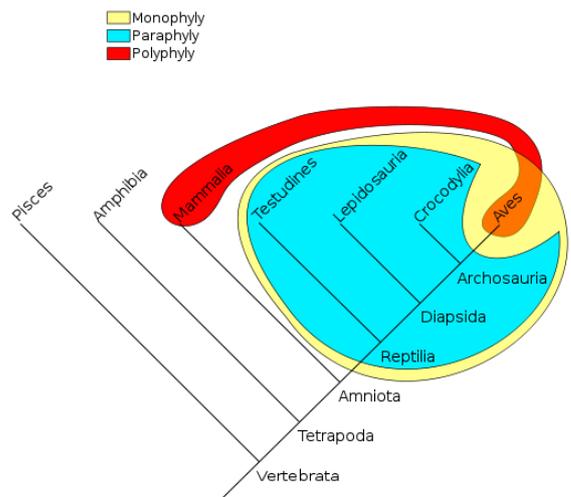
dibutuhkan pendekatan dari perbedaan paling mendasar yang ada pada makhluk hidup, yaitu dari perbedaan sel. Dimana dikenal adanya eukariotik dan prokariotik. Namun, jika kita akan membuatnya dari tingkat paling dasar, maka akan diperlukan banyak sekali penjelasan. Karena penulis terbatas untuk menjelaskan hal tersebut, maka penulis menampilkan gambaran besar jika dimuali dari tingkat perbedaan sel yaitu pada gambar 3-2. Dapat dilihat pada gambar dibawah bahwa akar pada awalnya terbagi atas 2 cabang. Cabang pertama yang berwarna biru merupakan eukariotik dan yang satu lagi prokariotik.

Phylogenetic Tree of Life



Gambar 3-3 Phylogenetic Tree 1

Pada makalah ini, penulis akan berusaha membuat pohon filogenetik hanya sebatas hewan dan pengelompokannya. Dengan mengetahui sifat nenek moyang terakhir yang dimiliki bersama, maka dapat dibuat pohon seperti di bawah ini



Gambar 3-4 Pohon Filogenetik Vertebrata

Sesuai dengan gambar diatas, Kingdom Animalia yang merupakan kingdom untuk hewan, secara morfologi, membagi pengelompokan hewan berdasarkan keberadaan tulang belakang (Vertebre) pada organisme. Pada gambar diagram diatas, diperlihatkan pohon filogenetik untuk Vertebrata (hewan bertulang belakang). Pada cabang pertama, Pisces merupakan subkingdom yang pertama

kali berpisah dari nenek moyangnya, hal ini dikarenakan pisces memiliki 2 ruang jantung. Berarti perubahan pertama terjadi pada Pisces. Setelah itu Amphibia juga ikut berpisah dari nenek moyang terakhirnya yang pada pohon disebut Tetrapoda. Amphibia berpisah karena memiliki jantung beruang 3 tanpa katup pemisah. Setelah itu, nenek moyang selanjutnya menjadi Amniota. Pada Amniota Mamalia berpisah dari nenek moyangnya karena mamalia memiliki jantung beruang empat yang sempurna, sedangkan pada subkingdom Reptilia memiliki jantung beruang 3 dengan katup.

Mari perhatikan lebih lanjut pada Reptilia, terjadi lagi perpisahan dari nenek moyang paling terakhirnya Reptilia menjadi Tetsudines dan Diapsida lalu, Diapsida menjadi MRCA dari Lepidosauria dan Archosauria. Lalu pada akhirnya Crocodylia dan Aves menjadi keturunan langsung dari Archosauria. Hal ini menunjukkan bahwa, sampai ke dalam subkingdom dan seterusnya masih terjadi pemisahan dari nenek moyang sampai nantinya sampai ke tingkan genus, lalu spesies.

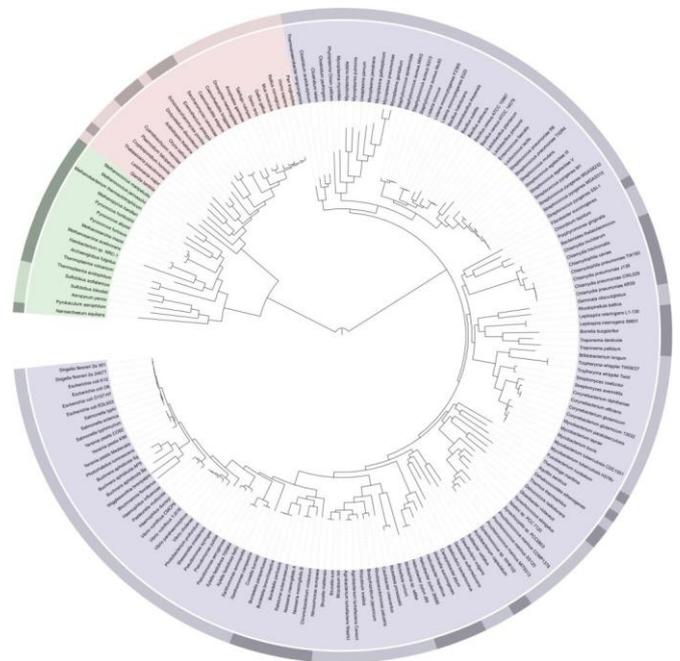
Oleh karena hal itu, Pohon filogenetik ini tidak mungkin terpisah dari taksonomi, karena seharusnya pohon filogenetik dan taksonomi menjadi ilmu yang saling mendukung. Jika pohon diperhatikan lagi, Aves dan Mamalia ditandai berkerabat dengan warna merah. Hal ini bisa terjadi karena keduanya memiliki jantung yang beruang 4.

Dengan membaca pohon filogenetik ini kita bisa mengetahui siapa kerabat dekat organisme yang ada di dalamnya. Aves dan Mamalia walaupun memiliki ciri jantung yang sama, kekerabatannya tidak bisa dibilang sangat dekat karena pada kenyataannya Aves dan Mamalia terpisah cukup jauh. Selain itu, dengan membaca pohon ini kita juga bisa mengetahui, organisme mana yang terlebih dahulu mengalami evolusi dan dari panjang clade yang ada pada pohon, dapat diketahui seberapa lama hal itu sampai terjadi.

Sedangkan untuk membuat pohon filogenetik dengan menggunakan pendekatan molekuler dari perubahan DNA, kita memerlukan banyak sekali tabel perbandingan DNA yang nantinya dari sana bisa didapatkan hubungan kekerabatan antar spesies yang satu dan lainnya. Barulah dari situ bisa dibuat pohon filogenetiknya. Saat ini, pembuatan pohon filogenetik dengan pendekatan DNA sudah dipermudah dengan program yang telah dibuat oleh para ilmuwan.

Hanya dengan mengcopy kode DNA beberapa spesies kedalam program, maka kita bisa mendapatkan pohon filogenetik yang dibutuhkan. Contoh program yang membantu pembuatan pohon tersebut adalah SplitTree4. Melalui kemudahan ini diharapkan perkembangan filogenetik dalam Biologi bisa makin maju.

Berikut ini adalah gambar Tree of Life yang sampai sekarang baru berhasil dibuat.



Gambar3-5 Tree of Life

IV. KESALAHAN POHON FILOGENETIK

Sampai saat ini, evolusi masih merupakan ilmu yang belum diakui oleh semua orang. Ilmu ini masih menjadi kontroversi dalam kehidupan masyarakat dunia karena memang belum ada sebuah bukti yang pasti untuk membuktikan kebenarannya.

Masalah utama yang masih belum bisa dipecahkan dari awal adalah, bagaimana manusia bisa mengetahui masa lampau dan mempelajarinya sehingga dapat menyimpulkan ilmu evolusi ini. beberapa penelitian seperti penemuan fosil dan menghitung umurnya, ataupun perbandingan antar morfologi organisme dengan organisme lainnya memang membantu meyakinkan akan ilmu ini, tetapi tetap saja hal tersebut masih belum mempunyai kepastian yang dapat dipertanggung-jawabkan.

Data-data yang masih belum diketahui kebenaran absolutnya ini merupakan sumber dari dibuatnya pohon filogenetik. Data-data ini didapat berdasarkan analisa mengenai morfologi dari antar organisme dan juga molekular, dimana pada bidang molekular telah dilakukan riset mengenai transfer gen yang mungkin terjadi antara organisme. Dari semua data yang ada ini maka bisa didapatkan hubungan kedekatan antar organisme yang satu dan lainnya dan dapat direpresentasikan dalam matriks yang menyederhanakan hubungan kedekatan antara organisme. Dari data tersebutlah baru benar-benar dapat di buat pohon filogenetik.

Kesalahan yang sering terjadi pada pembuatan pohon filogenetik ini adalah mengenai pengertian tentang nenek moyang terakhir yang dimiliki oleh organisme (MRCA). Karena kesalahan pada pengertian ini maka pohon yang dibuat pun bisa menjadi salah.

Namun, diluar kesalahan pada pengertian itu,

kontroversi mengenai data-data yang ada, sebenarnya sudah membuat kebenaran dari pohon filogenetik ini masih diragukan. Manusia memang bisa menginterpretasikan masa lalu, membuat hipotesis, percobaan, kesimpulan, dan mencoba memahaminya secara keseluruhan. Tetapi tetap saja, masa lalu merupakan misteri yang masih tersimpan di bumi ini, yang tidak bisa diungkapkan semudah membalikan telapak tangan.

V. KESIMPULAN

Pohon merupakan bidang dari Struktur Diskrit yang implementasinya telah digunakan disegala macam bidang ilmu pengetahuan yang ada. Pohon dapat menjelaskan secara rinci data yang ada dengan bentuk yang lebih mudah untuk dimengerti untuk data dengan variabel yang sangat banyak namun saling berhubungan. Pembuatan pohon Filogeneti merupakan salah satu implementasi teori ini dalam bidang Biologi. Pohon ini dapat menjelaskan dengan lebih mudah bagaimana makhluk hidup saling terhubung satu dengan yang lainnya. Penelitian lebih lanjut mengenai pohon filogenetik ini masih terus dilakukan sampai sekarang karena kebenaran yang mutlak mengenai pohon filogenetik yang benar belum diketahui, sampai akhirnya nanti dapat ditentukan Pohon Kehidupan yang sebenarnya.

VI. PENGHARGAAN

Puji Syukur penulis panjatkan kepada Tuhan Yang Maha Esa karena penulis dapat menyelesaikan tugas makalah "Struktur Diskrit" yang di berikan kepada penulis pada akhir semester 3. Terima kasih penulis ucapkan kepada dosen mata kuliah Struktur Diskrit yaitu Ibu Harlili dan Pak Rinaldi Munir. Penulis juga mengucapkan terima kasih kepada kedua orang tua penulis yang telah memberikan semangat dan dorongan untuk terus berusaha kepada penulis. Serta kepada teman-teman penulis yang selalu mendukung terbuatnya makalah ini.

REFERENSI

- [1] Slide MataKuliah *Pohon* oleh Pak Rinaldi
- [2] [http://en.wikipedia.org/wiki/Tree_\(data_structure\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Tree_(data_structure))
diakses pada: 11 Desember 2011 pada pukul 21:10
- [3] <http://www.youtube.com/watch?v=vrGfDPteKqU>
diakses pada: 10 Desember 2011 pada pukul 20:47
- [4] <http://en.wikipedia.org/wiki/Synapomorphy>
diakses pada : 10 Desember 2011 pada pukul 20:50
- [5] http://en.wikipedia.org/wiki/Most_recent_common_ancestor
diakses pada : 10 Desember 2011 pafa pukul 20:52
- [6] <http://www.youtube.com/watch?v=fQwI90bkJl4>
diakses pada : 10 Desember 2011

PERNYATAAN

Dengan ini saya menyatakan bahwa makalah yang saya tulis ini adalah tulisan saya sendiri, bukan saduran, atau terjemahan dari makalah orang lain, dan bukan plagiasi.

Bandung, 10 Desember 2011

ttd



Flora Monica Mirabella - 13510094