

Penerapan Pohon dalam Pohon Evolusi

Vania Velda ,13517090¹

Program Studi Teknik Informatika

Sekolah Teknik Elektro dan Informatika

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

¹13517090@std.stei.itb.ac.id

Abstrak— Matematika diskrit merupakan cabang matematika yang membahas segala sesuatu yang bersifat diskrit. Umumnya, matematika diskrit dikaitkan dengan ilmu komputer atau informatika. Jarang masyarakat dapat membayangkan hubungan matematika diskrit dengan biologi. Pada makalah ini, akan dibahas penerapan matematika diskrit pada bidang studi biologi. Bidang yang dibahas adalah hubungan kekerabatan antara suatu organisme dengan organisme yang lain. Selain itu, akan dibahas bagaimana membangun sebuah *phylogenetic trees* sederhana yang telah membantu dalam memahami evolusi makhluk hidup.

Keywords—Biologi, graf, *phylogenetic trees*, pohon.

I. PENDAHULUAN

Sejak dahulu, matematika sangat erat kaitannya dengan kehidupan manusia terutama dalam beberapa cabang ilmu seperti fisika, kimia maupun tentang engineering. Matematika tidak hanya terbatas pada penjumlahan, pengurangan, perkalian saja, matematika memiliki wilayah pembelajaran yang lebih luas dan memiliki banyak cabang. Namun umumnya orang awam tidak mengetahui cabang dari matematika itu sendiri. Terdapat berbagai cabang ilmu matematika, diantaranya aritmatika, geometri, kalkulus, aktuaria, matematika diskrit, dan sebagainya. Salah satu cabang matematika yang dibutuhkan dalam kehidupan adalah matematika diskrit. Matematika diskrit diketahui memiliki kaitan yang sangat erat dengan dunia komputer atau informatika. Oleh karenanya, masyarakat tidak mengetahui bahwa matematika diskrit dapat diaplikasikan ke dalam biologi terkait dengan nenek moyang spesies atau penerapannya dalam membuat sebuah pohon evolusi atau *phylogenetic trees*.

Banyak 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.

Pemodelan sederhana untuk nenek moyang spesies dapat diibaratkan dengan dua spesies mamalia memiliki satu nenek

moyang yang sama. Hal ini dapat digambarkan dengan pohon sederhana. Namun, spesies A dan spesies B dapat menghasilkan spesies baru yang berbeda seperti yang dapat kita lihat pada saat ini. Dalam penggunaan titik dan garis dalam tree pada pohon sederhana tidaklah cukup karena dalam pohon sederhana tidak dapat menggambarkan terciptanya spesies baru yang sangat berbeda. Sehingga untuk memecahkan masalah ini, digambarkan dengan suatu pemodelan baru yang merupakan gabungan dari matematika dan biologi yang disebut dengan *phylogeny*. Istilah ini diperkenalkan oleh Ernst Haeckel (1834-1919). *Phylogenetic trees* menggambarkan bagaimana suatu species berubah seiring waktu serta menggunakan teori graf untuk menggambarkan kedekatan suatu spesies dengan spesies yang lain.

II. LANDASAN TEORI

2.1 . Graf

Graf adalah sebuah struktur diskrit yang terdiri dari simpul yang dilambangkan dengan V dan sisi yang menghubungkan simpul-simpul dilambangkan dengan E . Graf pertama kali digunakan untuk menyelesaikan masalah jembatan Königsberg pada tahun 1736. Secara matematis, sebuah graf G dapat didefinisikan sebagai pasangan dua buah himpunan (V, E) di mana [1]:

1. V merupakan himpunan tidak kosong dari simpul simpul graf.
2. E merupakan himpunan sisi yang menghubungkan sepasang simpul

2.2 Jenis Graf

Berdasarkan ada tidaknya gelang atau sisi ganda pada suatu graf, secara umum graf dapat digolongkan menjadi dua jenis:

- a. Graf sederhana (simple graf)
graf yang tidak memiliki gelang maupun simpul ganda.
- b. Graf tak sederhana (unsimple graf)
graf yang memiliki sisi ganda atau gelang. Graf tak sederhana dibagi lagi menjadi graf ganda yang memiliki sisi ganda dan graf semu yang selain memiliki sisi gelang dapat memiliki sisi ganda.

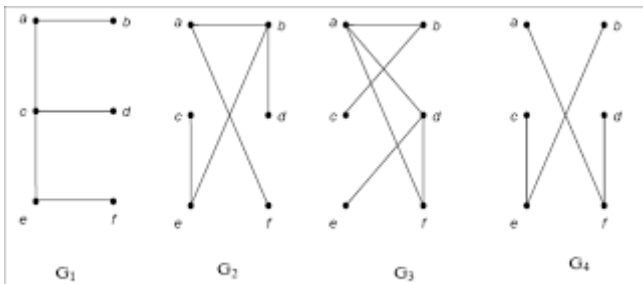
Berdasarkan orientasi arah pada sisi-sisinya, graf dapat dibedakan menjadi dua jenis:

- a. Graf tak-berarah (undirected graf)
graf yang sisinya tidak memiliki orientasi arah.
- b. Graf berarah (directed graf)
graf yang sisinya memiliki orientasi arah. Sisi berarah lebih dikenal dengan sebutan busur (arc).

Simpul yang tidak bertanda disebut juga simpul asal atau inisial vertex sedangkan simpul yang ditunjuk oleh tanda panah disebut juga simpul terminal atau terminal vertex.

2.3 Pohon

Pohon merupakan graf khusus, dimana pohon adalah graf berarah yang tidak memiliki sirkuit (lintasan yang berawal dan berakhir pada simpul yang sama disebut sirkuit atau siklus). Penerapan pohon merupakan hal yang penting dalam pembuatan *phylogenetic trees*. Definisi graf berlaku untuk pohon ($G = (V, E)$)



Gambar 2.3.1 G_1 dan G_2 adalah pohon, sedangkan G_3 dan G_4 bukan pohon.

Sumber : Diktat Kuliah IF2120 Matematika Diskrit

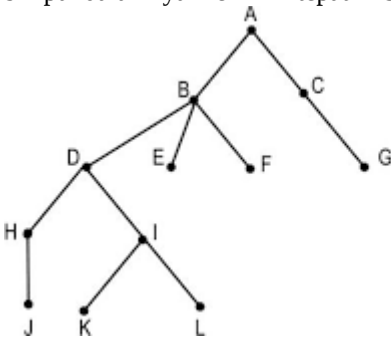
2.4 Sifat Pohon

Pohon memiliki sifat-sifat sebagai berikut:

- $G = (V, E)$ adalah sebuah pohon, dengan V sebagai simpul, E sebagai sisinya, dan variabel n sebagai jumlah simpul V .
- Setiap pasang simpul V terhubung dengan lintasan tunggal.
- Pohon G terhubung memiliki $m = n - 1$ buah sisi.
- Pohon G tidak mengandung sirkuit.
- Jika pada Pohon G ditambahkan sebuah sisi, maka akan terbentuk satu sirkuit.
- Semua sisi pada pohon G adalah jembatan.

2.4 Pohon Berakar (rooted tree)

Pohon yang memiliki sebuah simpul yang bertindak sebagai "akar" dari pohon. Sisi-sisi dari pohon berakar juga diberikan arah yang menjadikan pohon tersebut graf berarah. Dalam aplikasinya, tanda panah pada sisi-sisi pohon berakar dapat diabaikan. Pohon berakar disebut pohon m -ary apabila setiap simpul dalamnya tidak mempunyai lebih dari m anak. Pohon berakar disebut pohon penuh m -ary apabila setiap simpul dalamnya memiliki tepat m buah anak.

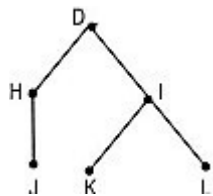


Gambar 2.4.1 Pohon berakar A

2.5 Terminologi Pohon Berakar

Gambar 2.4.1 dapat digunakan untuk menjelaskan terminologi.

- Anak dan Orangtua**
Apabila terdapat dua simpul yang bersisian pada satu sisi yang sama dan salah satu simpul berada pada satu tingkat dibawah sisi yang lain, maka simpul yang berada satu tingkat dibawah dinamakan orangtua (parent) dan simpul yang berada satu tingkat diatas dinamakan anak (child). Pada gambar 2.4.1, pohon A, simpul B dan C merupakan anak dari simpul A dan simpul A merupakan orang tua dari simpul B dan C
- Keturunan dan Leluhur**
Misalkan terdapat 2 simpul a dan b. Jika terdapat sisi dengan jumlah n yang menghubungkan simpul a dengan simpul b, maka simpul yang tingkatnya lebih rendah dinamakan leluhur (ancestor) dan simpul yang tingkatnya lebih tinggi dinamakan keturunan (descendant). Pada 2.4.1 pohon A, simpul D merupakan leluhur dari J. Sedangkan simpul J merupakan keturunan dari D.
- Saudara Kandung.**
Simpul simpul yang memiliki orang tua yang sama disebut dengan saudara kandung. Pada gambar 2.4.1, simpul D, E dan F merupakan saudara kandung karena memiliki orang tua yang sama yakni simpul B.
- Lintasan**
Lintasan dengan deretan simpul-simpul v_1, v_2, \dots, v_n adalah lintasan dari simpul v_1 ke v_n dimana v_n adalah anak dari v_{n-1} dan v_1 merupakan leluhur dari v_n . Sedangkan panjang lintasan merupakan jumlah sisi yang dilalui lintasan tersebut, yaitu $n - 1$ dengan n sebagai jumlah simpul pada lintasan.
- Tinggi atau Kedalaman Pohon**
Tingkat maksimum dari sebuah pohon. Tingkat maksimum pada gambar 2.4.1 adalah 4
- Daun**
Simpul yang tidak memiliki anak disebut dengan daun. Simpul F, G, J, K dan L merupakan daun pada pohon A pada gambar 2.4.1.
- Simpul Dalam**
Simpul yang memiliki anak dinamakan simpul dalam. Simpul B, C, D, H, I merupakan simpul dalam pada pohon A pada gambar 2.4.1.
- Aras atau tingkat**
Jumlah lintasan yang ditempuh dari akar ke sebuah simpul. Untuk dari simpul A ke simpul D, maka memiliki tingkatan 3 pada gambar 2.4.1.
- Upapohon**
Upapohon (sub-pohon) adalah upagraf pohon dari graf pohon. Yang dimaksud upagraf pohon adalah misalkan terdapat pohon $T = (V, E)$, pada pohon tersebut terdapat simpul v_a dimana simpul v_a merupakan simpul yang akan menjadi akar dari upapohon $T' = (G', V')$. Upapohon T' mengandung akar v_a dan semua keturunan dari akar v_a . Upapohon dari sebuah pohon dapat memiliki lebih dari satu upapohon.



Gambar 2.4.2 Pohon D merupakan salah satu Upapohon dari

pohon

- Derajat

Derajat dari sebuah pohon berakar dapat diartikan sebagai jumlah dari upapohon sebuah simpul atau jumlah anak dari sebuah simpul. Derajat pada pohon dan derajat pada graf memiliki perbedaan karena orangtua dari sebuah simpul tidak dihitung sebagai derajat sebuah simpul.

2.6 Pohon Berakar Terurut

Pohon berakar terurut adalah pohon yang memperhatikan urutan dari anak-anaknya. Penggambaran pohon berakar terurut dilakukan agar simpul dalam dan simpul daun digambarkan terurut dari kiri ke kanan.

2.7 Pohon m-ary

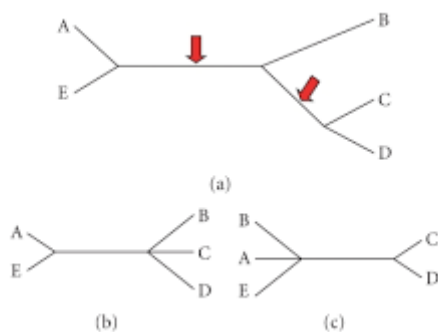
Pohon m-ary adalah pohon yang setiap simpul dalamnya memiliki maksimal m buah anak dan merupakan pohon berakar. Sebuah pohon m-ary disebut pohon penuh atau pohon teratur apabila setiap simpul dalamnya memiliki persis m anak. Jika m tepat 2, maka pohon m-ary atau 2-ary disebut pohon biner (binary tree).

2.8 Pohon Merentang (spanning tree)

Pohon yang didapat dengan memutuskan sirkuit yang terdapat pada sebuah graf. Pohon merentang dari sebuah graf adalah subgraf merentang yang berupa graf pohon. Graf yang terhubung sedikitnya memiliki hanya satu buah pohon merentang.

2.9 Pohon tidak berakar

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 terlihat pada gambar 2.9.1



Gambar 2.9.1 contoh pohon tidak berakar
Sumber : Research Gate

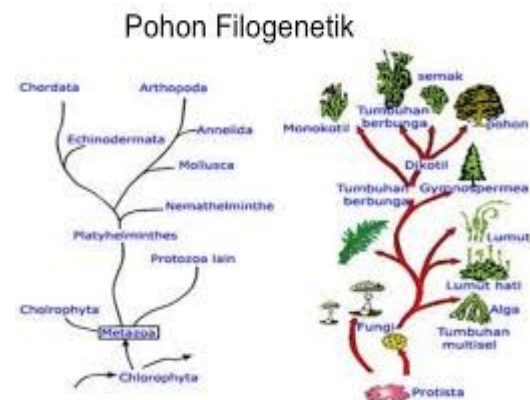
III. PHYLOGENETIC TREES

Phylogenetics berasal dari bahasa Yunani, *phyle* dan *phylon* yang berarti suku dan ras, serta kata genetika 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.

Phylogenetic tree atau pohon filogenetik atau pohon evolusi merupakan "pohon" yang menunjukkan hubungan evolusi antara berbagai spesies makhluk hidup berdasarkan kemiripan dan perbedaan karakteristik fisik dan/atau genetik mereka. Takson yang terhubung pada pohon tersebut berarti diturunkan dari satu nenek moyang bersama [3]. Penggambaran pertama pohon ini antara lain ditemukan pada buku *Elementary Geology* dari Edward Hitchcock (1840) dan *The Origin of Species* dari Charles Darwin (1859). Filogenetika dapat menganalisis perubahan yang terjadi dalam evolusi organisme yang berbeda. Berdasarkan analisis, yang mempunyai kedekatan dapat diidentifikasi dengan menempati cabang yang bertetangga pada pohon. Lusi.

Dalam menentukan pengelompokan organisme yang ada di bumi untuk dimasukkan ke dalam konsep Pohon Filogenetik, diperlukan sebuah pengertian mengenai sifat yang dibagi oleh organisme dalam suatu unit yang ada. Terdapat beberapa pendekatan melalui molekular maupun Morfologi. Pendekatan secara molekular lebih dipercaya karena data yang didapatkan pasti kebenarannya.



Gambar 3.1 Pohon filogenetik

Sumber : <https://tatangma.com/2015/03/pengertian-filogenetik-beserta-contohnya.html> (diakses pada 7 Desember pukul 14.15).

Terdapat konsep mendasar yang harus dimengerti dan dipahami sebelum pembuatan pohon evolusi. Konsep mendasar tersebut merupakan kesamaan yang dimiliki oleh suatu kelompok makhluk hidup dengan makhluk hidup yang lain. Dalam Biologi, pembagian sifat tersebut adalah :

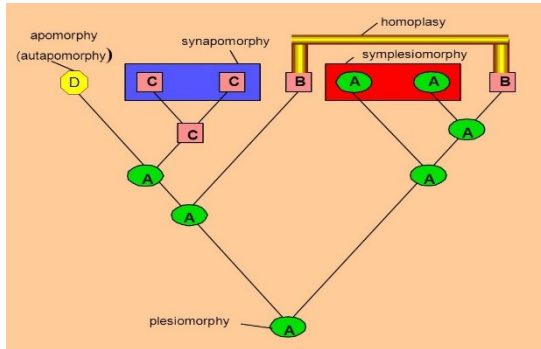
1. *Symplesiomorphy* / karakter primitif
Sifat yang dibagi oleh dua atau lebih taksa tetapi juga ditemukan pada taksa nenek moyang.
2. *Synapomorphy*
sifat yang dibagi oleh satu atau dua taksa yang mempunyai nenek moyang terakhir yang sama.
3. *Homoplasy*

sifat yang dibagi oleh dua atau lebih taksa tetapi tidak dimiliki oleh nenek moyang yang paling terakhir yang dimiliki

4. *Apomorphy*

Sifat yang dipercaya yang telah berevolusi dalam pohon dimana digunakan untuk mengelompokkan taksa tertentu

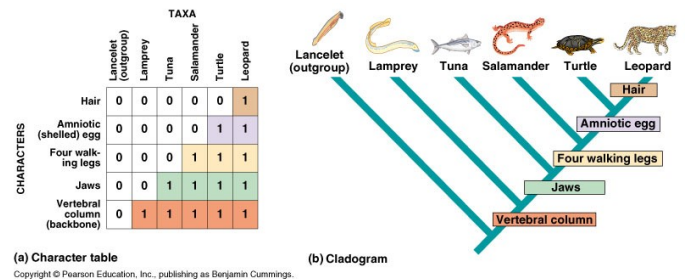
5. *Plesiomorphy*



Gambar 3.2 Konsep pohon evolusi
 Sumber : <http://dnaofbioscience.blogspot.com> (diakses 7 Desember pukul 15.34 WIB).

Dalam ilmu genetika di Biologi dikenal istilah Most Recent Common Ancestor (MRCAn) yang berarti 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.

Pembentukan pohon evolusi dapat dibentuk secara kladogram / *cladogram*. Kladogram adalah diagram yang menunjukkan kekerabatan, dengan menggunakan garis yang bercabang dengan pengelompokkan hewan berkerabat dalam suatu klade, atau kelompok organisme dengan nenek moyang terakhir yang sama. Kladogram berisi diagram percabangan yang menggambarkan urutan perbedaan spesies dari garis leluhur yang sama tanpa memperhatikan tingkat penyimpangan evolusi dan waktu terjadinya. Selain itu, pembentukan kladogram dibentuk dengan memperhatikan kemiripan dan ciri khusus organisme seperti bentuk kaki, ada atau tidak adanya tulang belakang, system peredaran darah, dan sebagainya.



(a) Character table

Copyright © Pearson Education, Inc., publishing as Benjamin Cummings.

Gambar 3.3 Cladogram

Sumber : <http://www.bio.utexas.edu/faculty/sjasper/Bio213/phylogeny.html>
 (diakses pada 7 Desember, pukul 17.08)

IV. PEMBUATAN POHON FILOGENETIK

Setelah memahami pengelompokan yang benar mengenai organisme, sekarang dapat dibuat pohon Filogenetik. Pembuatan pohon filogenetik dapat berdasarkan morfologi dan molekular. Pada makalah ini, penulis akan menunjukkan penggambaran pembuatan filogenetik secara molekular dan morfologi

4.1 Pembuatan secara molekular.

Keterbatasan data membuat penulis membatasi pembentukan secara molekular sehingga penulis akan membentuk pohon filogenetik yang sangat sederhana.

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

- A – GCTTGTCCGTTACGAT
- B – ACTTGTCTGTTACGAT
- C – ACTTGTCCGAAACGAT
- D – ACTTGACCGTTTCCTT

1. Pertama tama, carilah jarak genetik antar dua taksa. Jarak genetik merupakan perbedaan urutan DNA. Jarak genetic dari keempat taksa tersebut dapat dilihat pada table berikut :

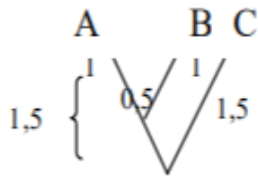
	A	B	C	D
A		2	3	5
B	2		3	5
C	3	3		6
D	5	5	6	

2. Pilih taksa dengan jarak genetik terpendek. Dari table dapat dilihat bahwa taksa A dan B memiliki jarak genetik paling minim karena hanya terdapat dua urutan DNA yang berbeda
3. Buatlah sebuah pohon filogeni yang menghubungkan kedua taksa tersebut dengan panjang masing cabang harus sama panjang (artinya jarak genetik dibagi dua terlebih dahulu).

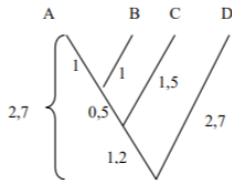


4. Hitung jarak rata-rata AB ke C dan D. Jarak rata rata dari AB ke C adalah 3 dan jarak rata rata dari AB ke D adalah 5.
5. Jarak AB-C lebih kecil sehingga akan ditempatkan

setelah A dan B. Masing masing cabang AB dan C memiliki panjang 1,5.

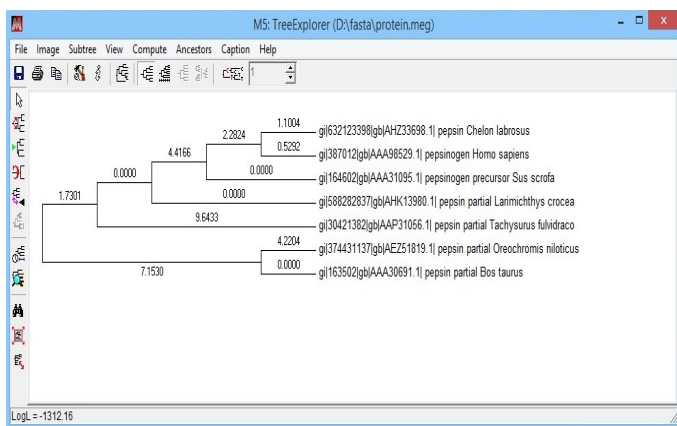


5. Setelah itu, taksir jarak ABC ke D., didapat jarak rata-ratanya adalah 5,3 sehingga panjang cabang D adalah 2,7



Perlu diingat bahwa contoh diatas hanyalah contoh semata. Pada kenyataannya, hubungan kekerabatan menggunakan molecular jauh lebih rumit dan kompleks dimana untuk membuat sebuah pohon molecular pemeriksaan dari struktur sel. Semakin besar jarak genetiknya, dapat dipastikan bahwa semakin jauh hubungan kekerabatan organisme tersebut. Selain itu perlu diperhatikan bahwa dua taksa organisme memiliki hubungan kekerabatan tergantung dari sudut pandang yang dilihat. Bisa saja kedua taksa memiliki hubungan kekerabatan jika dilihat dari kepunyaan enzim tertentu namun tidak memiliki hubungan kekerabatan apabila ditinjau dari struktur morfologinya. Pada zaman ini, ilmuwan telah mengembangkan berbagai aplikasi untuk meneliti kekerabatan secara lebih rinci dan akurat. Aplikasi yang ada berupa *Clustal W2*, *BLAST*, maupun *MEGA*.

Misalkan dengan aplikasi *MEGA 5.0* akan diteliti hubungan kekerabatan *Chelon labrosus* (ikan thicklip grey mullet), *Homo sapiens* (manusia), *Sus scrofa* (babi), *Larimichthys crocea* (ikan), *Tachysurus fulvidraco* (lele), *Oreochromis niloticus* (ikan nila), dan *Bos taurus* (sapi) ditinjau dari enzim pepsin yang dimiliki. Sebelumnya *FASTA* (software susunan DNA dan protein) didapatkan dengan mengunduh di *NCBI (National Center for Biotechnology Information)*. Hasil dapat dilihat pada gambar 4.4

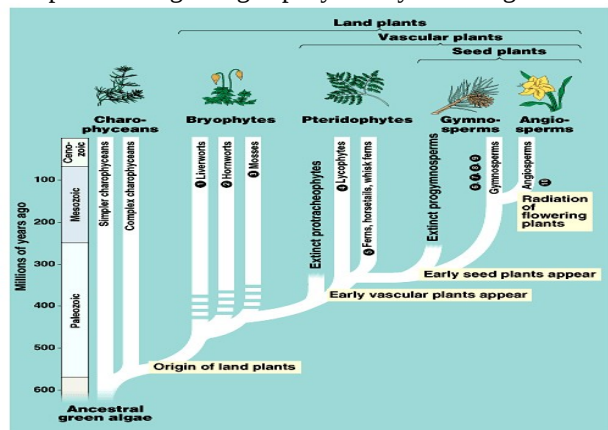


Gambar 4.4 hasil MEGA dalam menganalisis hubungan kekerabatan.

Dari gambar 4.4 diatas, jarak antar-spesies yang $\leq 0,4$, menandakan kedua spesies tersebut memiliki hubungan kekerabatan yang dekat. Hasil dari *MEGA 5* yang penulis dapatkan yakni antara *Chelon labrosus* (ikan thicklip grey mullet) dan *Homo sapiens* (manusia) memiliki kekerabatan yang jauh karena selisihnya adalah 0.5712. Spesies yang penulis analisis kekerabatannya tidak memiliki kedekatan satu sama lain karena, selisih antara jaraknya melebihi 0.4, hanya *Chelon labrosus* (ikan thicklip grey mullet) dan *Homo sapiens* (manusia) yang hampir mendekati kekerabatan.

4.2 Pembuatan secara morfologi

Pada makalah ini penulis akan membatasi masalah dimana akan ditinjau evolusi dari tumbuhan dilihat dari kompleksitas organ organ penyusunnya secara garis besar.



Copyright © Pearson Education, Inc., publishing as Benjamin Cummings.

Gambar 4.2.1 Cladogram evolusi tumbuhan
Sumber : Pearson Education Inc

Pada gambar 4.2.1 dapat dilihat bahwa tumbuhan *Charophyceans* memiliki kekerabatan yang paling dekat dengan nenek moyang tumbuhan yakni alga hijau berada dicabang pertama diakrena tumbuhan tersebut merupakan tumbuhan yang sangat primitif. Pada percabangan berikutnya dapat dilihat bahwa terjadi perkembangan yang menyebabkan kemunculan nenek moyang dari tumbuhan darat. Didalam percabangan pertama, muncul anak cabang yang membedakan tumbuhan *Charophyceans* yang sederhana dengan yang lebih kompleks

Pada percabangan nenek moyang tumbuhan darat, adanya evolusi menyebabkan terbentuknya tumbuhan yang lebih kompleks dari sebelumnya dimana pada percabangan ini berdasarkan taksa ada atau tidaknya pembuluh. Kemunculan nenek moyang tumbuhan berpermbuluh menjadi nenek moyang dari tumbuhan *Pteridophytes* dan tumbuhan berbiji.

Setelah itu, munculnya nenek moyang tumbuhan berbiji menyebabkan terbentuknya cabang baru dimana didasari pada taksa biji. Dari sini, dibedakan lagi berdasarkan taksa biji tertutup atau terbuka yang menghasilkan keturunan tumbuhan *Gymnospermae* dan *Angiospermae*. Dari sini dapat dilihat bahwa pembagian cladogram tumbuhan mengikuti evolusinya.

Gambar 4.2.1 menunjukkan bahwa tumbuhan modern pada saat ini telah memiliki hubungan kekerabatan yang sangat jauh dari tumbuhan alga hijau. Namun, semua tumbuhan modern diyakini memiliki satu nenek moyang yang sama dan berasal dari tumbuhan air. Selain itu jika ditinjau dari ada atau tidaknya pembuluh, tumbuhan *Bryophytes* dan *Angiospermae*

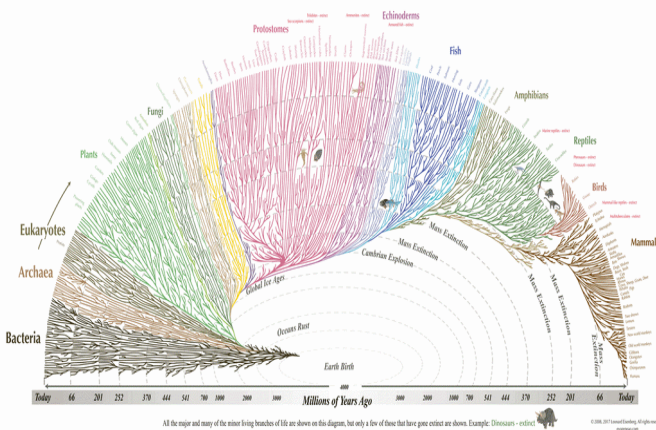
tidak memiliki hubungan kekerabatan. Apabila ditinjau dari asal usulnya, dapat diperkirakan bahwa semua tanaman merupakan spesies yang sama.

Pengelompokkan tumbuhan tidak hanya terbatas seperti pada gambar 4.2.1. Pada cabang yang lebih lanjut, akan terjadi pengelompokkan lagi dari subkingdom tumbuhan *Gymnospermae* dan *Angiospermae*. Hal ini menandakan bahwa, sampai ke subkingdom, akan terjadi pemisahan nenek moyang yang sampai nantinya ke tingkat genus lalu spesies. Bahkan, dapat dilihat dari pohon filogenetik tersebut bahwa adanya dari nenek moyang utama dapat menghasilkan keturunan yang memiliki ciri karakteristik yang sangat berbeda dari awalnya.

Oleh karena hal itu, Pohon filogenetik tidak mungkin terpisah dari taksonomi, karena seharusnya pohon filogenetik dan taksonomi menjadi ilmu yang saling mendukung.

Dengan membaca pohon ini kita dapat mengetahui, organisme mana yang terlebih dahulu mengalami evolusi dan dari panjang clade yang ada pada pohon, dapat diketahui seberapa lama hal itu sampai terjadi.

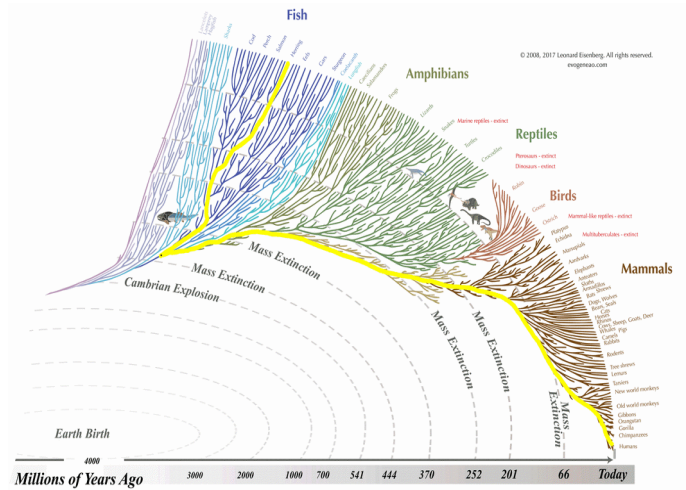
Pohon filogenetik selalu diperbarui dan dimodifikasi oleh para ilmuwan. Berikut merupakan gambar dari pohon filogenetik evolusi makhluk hidup yang dikenal dengan nama *Tree of Life* :



Gambar 4.3 Tree of life makhluk hidup[4]

Pembacaan *Tree of Life* ini cukuplah mudah. Waktu awal dimulai dari tengah bawah, pada saat bumi tercipta, sekitar 4 milyar tahun yang lalu. Semakin jauh dari titik pusat nya, waktu geologinya semakin kecil hingga sampai ke sisi terluar yang berarti waktu sekarang.

Misalkan kita ingin mengetahui pada zaman apa nenek moyang antara manusia dan ikan hidup. Kita tinggal menelusuri dari diagram partial gambar 4.4. Dimulai dari titik terluar, tarik garis hingga bertemu dengan manusia (yang digaris kuning). Titik temu menunjukkan bahwa manusia dan ikan salmon memiliki nenek moyang yang sama yang hidup 430 juta tahun yang lalu. Hal yang sama juga dapat dilakukan apabila ingin melihat nenek moyang dari spesies yang lain.



Gambar 4.4 Tree of life dari Ikan-Amphibi-Reptil-Burung-Mamalia[4]

V. EVOLUSI POHON FILOGENETIK

Sejak pohon evolusi pertama kali diperkenalkan oleh Jean-Baptiste Pierre Antoine de Monet, Chevalier de Lamarck (1744-1829), pohon evolusi selalu mengalami perkembangan. Pohon evolusi modern saat ini memiliki struktur yang sangat berbeda dari pertama kali diperkenalkan.

Pohon evolusi yang sekarang didasari dari pohon filogenetik dari Charles Darwin (1859) dengan taxa berada pada daun dan nenek moyang pada simpul dalam.

Dari sudut pandang Biologi, semua organisme memiliki nenek moyang utama yang sama. Seiring berjalannya waktu, dikarenakan berbagai faktor seperti lingkungan, iklim, perubahan pola hidup menyebabkan terjadinya evolusi yang menyebabkan perubahan hingga menjadikan organisme berkembang dan bervariasi seperti saat ini.

Hingga saat ini, kebenaran dari evolusi masih menjadi perdebatan dikalangan ilmuwan dan masyarakat. Hal ini dikarenakan kurangnya data ataupun fakta yang dapat memvalidasi pohon evolusi yang ada. Namun, seiring berkembangnya zaman, pohon evolusi semakin diperbarui. Adanya klasifikasi yang lebih akurat membuat adanya organisme yang dulunya diyakini tidak memiliki hubungan kekerabatan menjadi adanya hubungan kekerabatan. Selain itu, adanya perdebatan tentang nenek moyang suatu organisme dengan organisme yang lain menimbulkan pro dan kontra tersendiri. Misalkan pertanyaan siapa nenek moyang manusia jika dilihat dari sains. Apabila dilihat dari *Tree of Life*, terlihat bahwa manusia dan kera memiliki hubungan kekerabatan yang dekat dan diyakini bahwa manusia dan kera pada mulanya merupakan organisme yang sama.

Disisi lain, kurangnya informasi (yang dikenal dengan *missing link*) seperti bagaimana kera bisa berevolusi menjadi manusia, mengapa dapat terjadi, mengapa terdapat kera yang tidak berevolusi menjadi manusia dan pertanyaan lainnya menyebabkan kebenaran pohon filogenetik ini dipertanyakan.

Hal ini tidak terlepas dari kurangnya data ataupun validitas

sebuah data dalam menyusun pohon filogenetik. Pembentukan pohon filogenetik saat ini didasarkan pada struktur morfologi antar organisme dan secara molekuler. Dari data data inilah, dapat dilihat kedekatan organisme yang satu dan yang lain dan dapat direpresentasikan dengan matriks untuk menghubungkan kedekatan tersebut. Setelah itu, barulah dibentuk pohon filogenetik. Umumnya kesalahan yang terjadi pada pembuatan pohon filogenetik ini adalah mengenai pengertian tentang nenek moyang terakhir yang dimiliki oleh organisme (MRCA).

Masalah inilah yang menyebabkan ilmuwan selalu mencoba untuk meneliti kembali, menelaah kembali apa saja yang bisa disepakati sebagai taksa untuk menentukan nenek moyang sehingga pohon filogenetik selalu berkembang dan diperbarui.

Diharapkan kedepannya, misteri yang menyelimuti bumi ini dapat terkuak secara perlahan namun pasti. Dalam prakteknya, hal ini tentu tidaklah mudah, mengingat terbatasnya data dan pengetahuan mengenai sejarah bumi.

VI. KESIMPULAN

Setiap cabang ilmu pengetahuan saling terhubung satu sama lain seperti layaknya pohon dengan matematika sebagai akarnya. "Anak" dari matematika yakni Struktur Diskrit dengan bidang pohon yang implementasinya telah digunakan di segala 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. Hal ini dibuktikan dengan adanya pohon filogenetik yang dapat menjelaskan dengan lebih mudah bagaimana makhluk hidup saling terhubung satu dengan yang lainnya. Ilmuwan terus mengembangkan pohon filogenetik menjadi lebih akurat dan terpercaya yang diharapkan pada masa mendatang akan terbentuk suatu kebenaran dari pohon filogenetik.

VII. 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. Penulis ucapkan kepada dosen mata kuliah Matematika Diskrit penulis yaitu Pak Judhi Santoso yang telah mengajarkan penulis Matematika Diskrit di semester 3. Penulis juga mengucapkan terima kasih kepada kedua orang tua dan saudara penulis yang telah memberikan semangat dan dorongan untuk terus berusaha. Serta kepada teman-teman penulis yang selalu mendukung dan memberikan masukan dalam proses pembuatan makalah ini

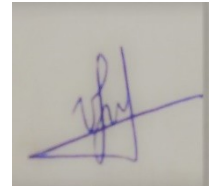
REFERENSI

- [1] Munir, Rinaldi. *Matematika Diskrit*, Bandung : Informatika, 2006.
- [2] Munir, Rinaldi. *Matematiaka Diskrit (Edisi Keempat)*. Bandung: Informatika Bandung, 2003.
- [3] <https://www.nature.com/scitable/topicpage/reading-a-phylogenetic-tree-the-meaning-of-41956> (diakses pada 7 Desember pukul 14.08 WIB)
- [4] <https://www.evoengine.com/learn/tree-of-life> (diakses pada 7 Desember pukul 19.15 WIB)
- [5] <https://jurnal.unimed.ac.id/2012/index.php/jpkm/article/viewFile/4812/4238>. (diakses pada 7 Desember pukul 19.15 WIB)

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, 8 Desember 2017



Vania Velda 13517090