

## Abstrak

*Multiple Sequence Alignment* (MSA) merupakan proses penting dalam analisis sequence biologi dengan melakukan perbandingan pada sejumlah *sequence* biologi. Pada beberapa algoritma MSA (seperti pada CLUSTALW, misalnya), pembentukan *phylogenetic tree* sebagai *guidence* dalam proses *alignment* memiliki peran penting dalam menentukan akurasi hasil akhir *alignment*. Dari keseluruhan proses MSA, pembentukan *phylogenetic tree* memerlukan waktu komputasi yang meningkat seiring dengan peningkatan jumlah *sequence*. Komputasi score similaritas untuk semua kombinasi pasangan *sequence* yang dilaksanakan secara berurutan menjadi masalah pada waktu komputasi. Tugas Akhir ini meneliti potensi efisiensi komputasi *phylogenetic tree* secara paralel dan terdistribusi pada lingkungan Hadoop menggunakan *MapReduce*. Hasil penelitian menunjukkan *phylogenetic tree* dapat dibangun dengan menggunakan komputasi *MapReduce*.

Kata kunci : Biology sequence, Multiple Sequence Alignment, Phylogenetic Tree, Hadoop, *MapReduce*.