

ABSTRAKSI

Phyletic pattern menunjukkan ada tidaknya ortologi gen pada sekuensial genome yang utuh dan digunakan untuk menarik dugaan mengenai hubungan fungsional antar gen tersebut, dengan asumsi bahwa gen yang dibangun pada jalur atau sistem fungsional yang sama diwariskan oleh set genome yang sama pula. *Phyletic pattern* akan merepresentasikan distribusi dari COG (*clusters of orthologous groups*) pada genome yang berguna untuk mencari jejak evolusi.

Untuk menghasilkan *cluster-cluster* dari *pattern* yang terkait berdasarkan pasangan jarak yang seimbang, dapat digunakan *hierarchical clustering techniques*. Proses *hierarchical clustering* terhadap *phyletic pattern* ini kemudian digunakan untuk menentukan level evolusi makhluk hidup.

Dalam Tugas Akhir ini dibangun suatu sistem yang merupakan implementasi dari pendeteksian level evolusi makhluk hidup dengan menggunakan teknik *hierarchical clustering* tipe *agglomerative*. Implementasi menggunakan bahasa pemrograman HTML, *script* PHP dan DBMS MySQL. Adapun nantinya sistem ini akan membandingkan hasil *clustering* dari tiga teknik *agglomerative hierarchical clustering*, yaitu *single linkage*, *complete linkage*, dan *group average*.

Hasil evaluasi terhadap ketiga teknik *agglomerative hierarchical clustering* tersebut menunjukkan bahwa *single linkage* menghasilkan *cluster-cluster* yang lebih baik. Selain itu dapat disimpulkan pula bahwa tingkat keakuratan hasil *clustering* dipengaruhi pula oleh beberapa faktor, yaitu jumlah data serta nilai-nilai atribut *phyletic pattern* dari *dataset* yang diujikan.

Kata kunci : *phyletic pattern*, *COG*, *jejak evolusi*, *hierarchical clustering*