

ABSTRAK

Nama : Reni Nursolihah
Jurusan : Matematika
Judul : Penerapan Model Markov Tersembunyi untuk Mengetahui Persentase Kecocokan dari *Deoxyribonucleic Acid* pada Pohon Filogenetik *Ursidae* (Beruang).

Jumlah data biologi molekuler yang semakin meningkat *pasca genome project* membutuhkan pengelompokan data ke dalam suatu kelompok subfamili berdasarkan tingkat kesamaan data tersebut. Pengelompokan dan penentuan subfamili dari kumpulan *sequence* DNA merupakan salah satu *task* penting dalam biologi. *Task* ini hampir dikatakan tidak bisa dilakukan secara manual sehingga membutuhkan alat bantu komputasi. Model Markov Tersembunyi merupakan salah satu metode komputasi yang dapat membantu dalam menganalisis kemiripan dari topologi pohon filogenetik spesies *ursidae* dengan membandingkan *sequence* antar DNA nya. MMT adalah model statistika, dimana sistem yang dimodelkan diasumsikan sebagai proses Markov dengan parameter yang tidak diketahui atau tersembunyi. Beberapa Algoritma dilibatkan untuk memecahkan permasalahan dalam MMT, yaitu Algoritma maju mundur, algoritma Baum – Welch, dan Algoritma Viterbi.

Kata Kunci : *Deoxyribonucleic Acid* (DNA), Pohon Filogenetik, MMT.

UIN

UNIVERSITAS ISLAM NEGERI
SUNAN GUNUNG DJATI
BANDUNG

ABSTRACT

Name : **Reni Nursolihah**
Defartement : **Mathematics**
Title : **Application of Hidden Markov Model on Phylogenetic Tree Ursidae for Deoxyribonucleic Acid Analysis**

The amount of data increasing molecular biology post-genome project requires grouping data into a subfamily group based on the degree of similarity data. Grouping and determination of the subfamily of the collection of a DNA sequence is one important task in biology. This task almost say can not be done manually and thus require computational tools. Hidden Markov Model is one of computational methods that can assist in analyzing kemirifan of phylogenetic tree topologies Ursidae species by comparing DNA sequences between them. MMT is statistical models, where the modeled system is assumed as a Markov process with unknown parameters or hidden. Some algorithms involved to memecahkan problem of MMT, namely forward and backward algorithms, algorithms Baum - Welch and Viterbi Algorithm.

Keywords: Deoxyribonucleic Acid (DNA), Phylogenetic tree, MMT.

