

LAPORAN PENELITIAN

**STUDI PENERAPAN LINTASAN HAMILTON
DALAM REKONSTRUKSI RANTAI RNA**



Peneliti:

Masrurotullaily, M.Sc.

Ahmad Dhiyaa Ul Haqq, M.Pd.

Nanda Eska Anugrah Nasution, M.Pd.

**PROGRAM STUDI TADRIS MATEMATIKA
FAKULTAS TARBIYAH DAN ILMU KEGURUAN
IAIN JEMBER**

2020

LAPORAN PENELITIAN

**STUDI PENERAPAN LINTASAN HAMILTON
DALAM REKONSTRUKSI RANTAI RNA**



Peneliti:

Masrurotullaily, M.Sc.

Ahmad Dhiyaa Ul Haqq, M.Pd.

Nanda Eska Anugrah Nasution, M.Pd.

**PROGRAM STUDI TADRIS MATEMATIKA
FAKULTAS TARBIYAH DAN ILMU KEGURUAN**

IAIN JEMBER

2020

HALAMAN IDENTITAS DAN PENGESAHAN

1. a. Judul Penelitian : Studi Penerapan Lintasan Hamilton dalam Rekonstruksi Rantai RNA
- b. Jenis Penelitian : Penelitian Eksploratif
- c. Kategori Penelitian : Mandiri
2. Peneliti
- Ketua Tim** :
- Nama : Masrurotullaily, M.Sc.
- NIP/NIDN : 19910130 201903 2 008 / 0730019102
- Pangkat : Penata Muda Tk. I / III/b
- Jabatan : Asisten Ahli
- Prodi/Jurusan : Tadris Matematika
- Vak Wajib : Matematika Berbantuan Komputer
- Anggota** :
- Nama : Ahmad Dhiyaa Ul Haqq, M.Pd.
- NIP/NIDN : 198709162019031003 / 2016098702
- Pangkat : Penata Muda Tk. I / III/b
- Jabatan : Asisten Ahli
- Prodi/Jurusan : Pendidikan Agama Islam
- Vak Wajib : Pembelajaran Pendidikan Agama Islam
- Anggota** :
- Nama : Nanda Eska Anugrah Nasution, M.Pd.
- NIP/NIDN : 199210312019031006 / 2031109202
- Pangkat : Penata Muda Tk. I / III/b
- Jabatan : Asisten Ahli
- Prodi/Jurusan : Tadris Biologi
- Vak Wajib : Pendidikan Biologi dan Biologi Lingkungan
3. Lokasi Penelitian : -
4. Biaya : -
5. Sumber Dana : Mandiri

Jember, 20 April 2020

Ketua Tim Peneliti,



Masrurotullaily, M.Sc.
NIDN. 0730019102



Mengetahui,
Ketua P2M

Dr. Mustajab, S.Ag, M.Pd.I
NIP.197409052007101001

ABSTRAK

Teori graf (*graph theory*) merupakan salah satu cabang ilmu matematika murni yang sering diterapkan dalam bidang ilmu lainnya. Salah satu contohnya adalah dalam biologi yaitu merekonstruksi rantai RNA yang diteliti oleh Noorzaman (2007). Dalam biologi, *Ribonucleid acid* (RNA) merupakan rantai tunggal yang terdiri atas adenin (A), sitosin (C), guanin (G), dan urasil (U). Noorzaman (2007) mengungkapkan bahwa ada dua enzim yang dapat memutus rantai RNA yaitu *G-enzyme* yang memutus rantai RNA setiap setelah mata rantai G dan *U,C-enzyme* yang memecah rantai RNA setiap setelah mata rantai U atau C dan hasilnya disebut sebagai *U,C-fragments*.

Noorzaman (2007) menemukan bahwa sirkuit Euler dapat digunakan untuk merekonstruksi rantai RNA dari fragmen-fragmen hasil pemutusan rantai RNA oleh *G-enzyme* dan *U,C-enzyme*. *G-fragments* dan *U,C-fragments* yang diketahui kemudian direpresentasikan sebagai titik-titik dan dihubungkan oleh sisi berarah sehingga membentuk sebuah *digraph*. Semua sirkuit Euler yang terbentuk pada *digraph* merepresentasikan rantai RNA yang dicari. Lalu bagaimana jika yang digunakan konsep lintasan Hamilton dalam teori graf? Oleh karena itu, penulis tertarik untuk mempelajari lebih lanjut tentang bagaimana konsep lintasan Hamilton dapat diterapkan dalam rekonstruksi rantai RNA.

Berdasarkan penelitian yang telah dilakukan, konsep lintasan Hamilton dapat digunakan dengan membentuk suatu *bipartite digraph* dari fragmen-fragmen rantai RNA yang diketahui. Adapun rekonstruksi yang dilakukan menggunakan konsep lintasan Hamilton dari fragmen-fragmen yang sama ternyata dapat menghasilkan rantai RNA yang tidak unik atau bisa lebih dari satu macam rantai RNA dengan fragmen awal dan fragmen akhir yang sama juga. Jika rantai RNA yang direkonstruksi menggunakan konsep lintasan Hamilton kemudian difragmentasi kembali maka fragmen-fragmen yang dihasilkan akan sama dengan fragmen-fragmen semula yang digunakan untuk membentuk rantai RNA tersebut.

Kata kunci: RNA, Teori Graf, Lintasan Hamilton, *Bipartite Digraph*

KATA PENGANTAR

Kami panjatkan puji syukur kepada Allah SWT atas hidayah dan rahmat yang diberikan sehingga peneliti mampu menyelesaikan penelitian yang berjudul “Studi Penerapan Lintasan Hamilton dalam Rekonstruksi Rantai RNA” dengan baik dan lancar. Sholawat dan salam tidak lupa juga kami panjatkan kepada Nabi Muhammad SAW yang merupakan panutan bagi seluruh umat muslim. Laporan penelitian ini disusun untuk memberikan informasi terkait penelitian kami yang mempelajari tentang bagaimana konsep lintasan Hamilton digunakan pada bidang studi lain yaitu biologi yang secara khusus dalam rekonstruksi rantai *ribonucleic acid* (RNA).

Penyelesaian penelitian ini tidak lepas dari bantuan berbagai pihak yang tidak bisa kami sebutkan satu per satu. Oleh karena itu, kami menyampaikan terima kasih banyak kepada pihak-pihak yang telah membantu dalam menyelesaikan laporan ini. Semoga Allah membalas dengan pahala yang berlipat ganda.

Kami menyadari bahwa penelitian ini masih banyak kekurangan sehingga kritik dan saran yang membangun sangat kami harapkan dari para pembaca. Kami juga berharap penelitian ini dapat bermanfaat bagi semua pembaca pada umumnya dan bagi pengembangan keilmuan matematika pada khususnya.

Jember, April 2020

Peneliti

DAFTAR ISI

	Halaman
HALAMAN JUDUL.....	i
HALAMAN IDENTITAS DAN PENGESAHAN	ii
ABSTRAK	iii
KATA PENGANTAR	iv
DAFTAR ISI.....	v
DAFTAR TABEL.....	vii
DAFTAR GAMBAR	viii
BAB 1 PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan	3
1.4 Manfaat	3
BAB 2 TINJAUAN PUSTAKA	4
2.1 <i>Deoxyribonucleic Acid (DNA)</i> dan <i>Ribonucleid Acid (RNA)</i>	4
2.2 <i>G-enzyme</i> dan <i>U,C-enzyme</i>	6
2.3 <i>Digraph (Directed Graph)</i>	7
2.4 Jalan, Lintasan, dan Sirkuit/Siklus	8
2.5 Pohon (<i>Tree</i>) dan <i>Bipartite Digraph</i>	9
2.6 Lintasan dan Sirkuit Euler.....	10
2.7 Lintasan dan Sirkuit Hamilton	11
2.8 Metode Rekonstruksi Rantai RNA oleh Noorzaman	12
BAB 3 METODE PENELITIAN.....	15
3.1 Jenis Penelitian.....	15
3.2 Prosedur Penelitian.....	15
BAB 4 HASIL DAN PEMBAHASAN.....	17
4.1 Pencarian Fragmen Awal dan Akhir Rantai RNA	17
4.2 Transformasi <i>G-fragments</i> dan <i>U,C-fragments</i>	19
4.4 Pencarian Lintasan Hamilton	21

4.5 Pembentukan Rantai RNA	22
4.6. Pengecekan Kembali	23
BAB 5 PENUTUP	24
5.1 Kesimpulan	24
5.2 Saran.....	24
DAFTAR PUSTAKA	26

DAFTAR TABEL

	Halaman
Tabel 2. 1 Subfragmentasi G-fragments dan U,C-fragment	7
Tabel 4. 1 Subfragmentasi	18
Tabel 4. 2 Unsplittable Fragments dan Interior Extended Base.....	18

DAFTAR GAMBAR

	Halaman
Gambar 2. 1 RNA dan DNA.....	5
Gambar 2. 2 Graf Berarah.....	8
Gambar 2. 3 Graf Sederhana.....	9
Gambar 2. 4 Pohon (a) dan Bipartite Digraph (b).....	10
Gambar 2. 5 Graf Euler (a) dan Graf bukan-Euler (b).....	10
Gambar 2. 6 Digraph Euler (a) dan Digraph bukan-Euler (b)	11
Gambar 2. 7 Graf Hamilton (a) dan Graf bukan-Hamilton (b).....	11
Gambar 2. 8 Digraph Hamilton (a) dan bukan-Hamilton (b).....	12
Gambar 2. 9 Digraph dari Contoh 2.2.....	14
Gambar 3. 1 Prosedur Penelitian.....	16
Gambar 4. 1 Himpunan $G \rightarrow$ Himpunan U, C	20
Gambar 4. 2 Himpunan $G \leftarrow$ Himpunan U, C	20
Gambar 4. 3 Bipartite Digraph dari Contoh 4.1	21
Gambar 4. 4 Lintasan Hamilton Contoh 4.1	22

BAB 1

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Teori graf (*graph theory*) merupakan salah satu cabang ilmu matematika murni yang sering diterapkan dalam bidang ilmu lainnya. Teori graf pertama kali muncul pada tahun 1736. Pada saat itu, Leonard Euler (1707-1783) berusaha memecahkan suatu permasalahan yang dikenal sebagai “Teka-teki Jembatan Konigsberg” dengan merepresentasikannya ke dalam graf. Sebuah graf D didefinisikan sebagai pasangan dari himpunan titik dan garis $(V(D), E(D))$. Titik dalam graf mewakili objek-objek diskrit sedangkan garis mewakili hubungan antar objek (Munir, 2016). Penerapan teori graf adalah dengan merepresentasikan kasus yang diteliti menjadi sebuah graf. Hal ini dilakukan untuk memudahkan peneliti dalam menganalisis permasalahan lebih lanjut. Salah satu contohnya adalah dalam biologi yaitu merekonstruksi rantai RNA yang diteliti oleh Noorzaman (2007).

Dalam biologi, *Ribonucleid acid* (RNA) merupakan salah satu asam nukleat yang ditemukan di dalam sel selain *Deoxyribonucleid acid* (DNA). Rantai RNA merupakan rantai tunggal yang terdiri atas gula ribosa, basa, dan fosfat. Basa purin RNA terdiri dari adenin dan guanin yang biasanya dinotasikan A dan G sedangkan basa pirimidinnya terdiri atas sitosin (C) dan urasil (U). RNA sangat berperan untuk membawa informasi genetik di dalam DNA ke tempat yang dapat merubah informasi ini menjadi protein (Flint, 2020). Noorzaman (2007) mengungkapkan bahwa terdapat dua enzim yang dapat memutus rantai RNA yaitu *G-enzyme* dan *U,C-enzyme*. *G-enzyme* merupakan enzim yang memecah rantai RNA setiap setelah mata rantai G. Hasil dari proses pemutusan rantai RNA oleh *G-enzyme* disebut sebagai *G-fragments*. *U,C-enzyme* adalah enzim yang memecah rantai RNA setiap setelah mata rantai U atau C dan hasilnya disebut sebagai *U,C-fragments*. Jika yang

diketahui hanya *G-fragments* dan *U,C-fragments* saja maka perlu adanya metode atau cara untuk mengetahui rantai RNA-nya berdasarkan fragmen-fragmen ini.

Dalam pembahasan Noorzaman (2007), rekonstruksi rantai RNA dilakukan dengan merepresentasikan *G-fragments* dan *U,C-fragments* yang diketahui sebagai titik-titik suatu graf. Titik-titik tersebut kemudian dihubungkan oleh sisi-sisi berarah sehingga graf yang terbentuk adalah graf berarah atau *digraph* (*directed graph*). Hasil yang diinginkan yaitu berupa rantai RNA yang dapat diperoleh dengan menentukan semua sirkuit Euler pada *digraph* tersebut.

Dalam teori graf, lintasan adalah barisan selang-seling antara titik dan sisi yang setiap titik dan sisinya berbeda. Sirkuit sendiri merupakan lintasan tertutup yaitu lintasan yang titik awal dan titik akhirnya sama di dalam graf. Seperti yang disebutkan di atas, Noorzaman (2007) menggunakan sirkuit Euler yang dalam hal ini adalah lintasan tertutup yang melewati setiap sisi tepat satu kali (Munir, 2016). Di dalam buku Munir (2016:408), setelah pembahasan tentang lintasan dan sirkuit Euler, terdapat konsep lain yang kurang lebih sama yaitu lintasan Hamilton. Perbedaannya adalah pada lintasan Hamilton yang dilalui bukan sisi, tetapi setiap titik tepat satu kali di dalam graf. Dari sinilah, peneliti tertarik untuk mengkaji lebih lanjut tentang bagaimana konsep lintasan Hamilton dapat diterapkan dalam rekonstruksi rantai RNA. Dengan demikian, diajukan suatu penelitian yang berjudul “Studi Penerapan Lintasan Hamilton dalam Rekonstruksi Rantai RNA”.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang yang telah diuraikan pada subbab sebelumnya, permasalahan yang akan dibahas dalam penelitian ini adalah bagaimana merekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments* dengan mengaplikasikan konsep lintasan Hamilton. *G-fragments* dan *U,C-fragments* yang digunakan dapat berupa fragmen-fragmen yang diperoleh dari studi literatur ataupun dengan cara dibangkitkan secara acak melalui bantuan komputer.

1.3 Tujuan

Dalam penelitian ini, tujuan yang ingin dicapai adalah untuk mengetahui bagaimana konsep lintasan Hamilton dapat diaplikasikan dalam membangun kembali rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments*. Selain itu, penelitian ini juga bertujuan untuk memperoleh rantai RNA jika yang diketahui hanya *G-fragments* dan *U,C-fragments* baik itu dari studi literatur ataupun dengan cara dibangkitkan secara acak melalui bantuan komputer.

1.4 Manfaat

Adapun manfaat yang diharapkan dari penelitian ini adalah dapat memberikan alternatif metode penyelesaian dalam membentuk kembali rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments*. Penelitian ini juga dapat memberikan wawasan tentang bagaimana merekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments* dengan menggunakan konsep lintasan Hamilton.

BAB 2

TINJAUAN PUSTAKA

2.1 *Deoxyribonucleic Acid (DNA) dan Ribonucleid Acid (RNA)*

Hall (2010) di dalam bukunya mengungkapkan bahwa terdapat dua jenis sel yaitu prokariotik dan eukariotik. Sel prokariotik memiliki struktur yang sederhana dan hanya ditemukan dalam bakteri dan arkea. Sebaliknya, sel eukariotik terdiri dari struktur lebih kompleks yang disebut sebagai nukleus. Dalam nukleus ini, banyak ditemukan DNA atau *deoxyribonucleic acid*.

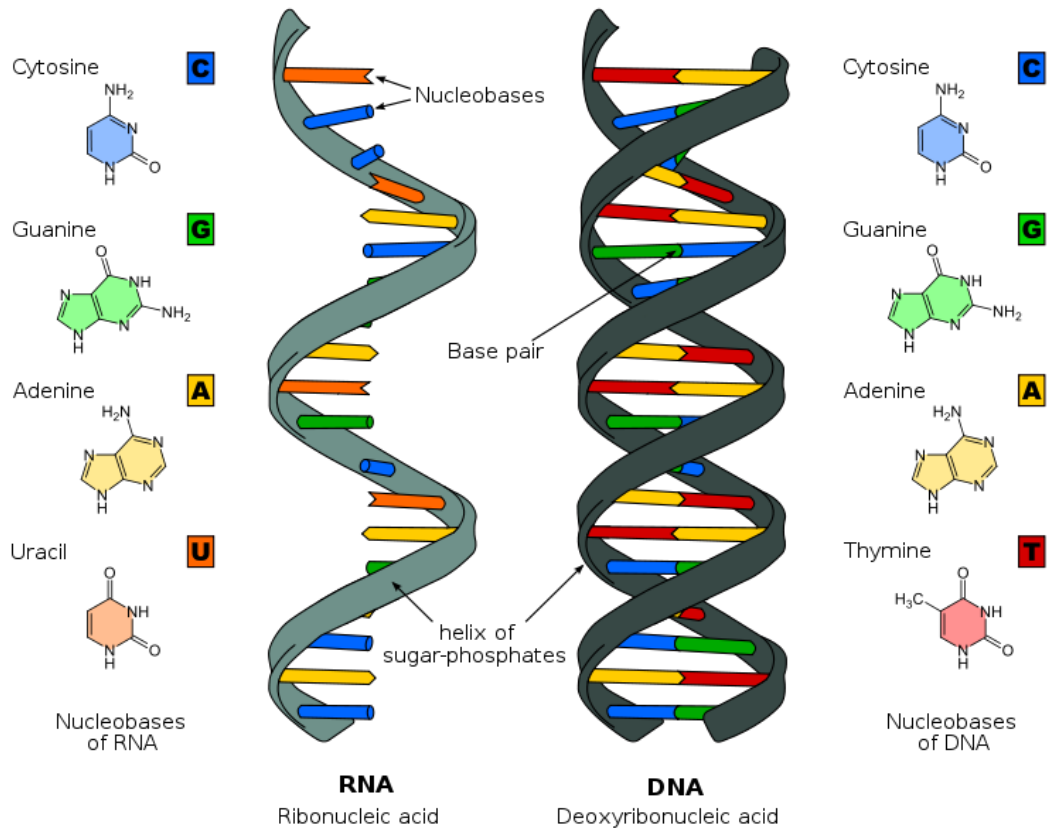
DNA merupakan polimer lurus dari nukleotida yang terkandung dalam inti sel-sel eukariotik, mitokondria dan kloroplas tumbuh-tumbuhan (Schumm, 1993). Struktur primer DNA adalah berupa urutan nukleotida DNA yang mengandung informasi genetik. Setiap nukleotida tersebut terdiri atas satu basa nitrogen berupa senyawa purin atau pirimidin, satu gula pentosa berupa 2-deoksiribosa dalam bentuk funabosa, dan satu molekul fosfat. Di dalam DNA, senyawa purinnya berupa adenin (A) dan guanin (G), sedangkan senyawa pirimidinnya berupa sitosin (C) dan timin (T).

DNA mempunyai struktur sekunder berbentuk heliks ganda yang tersusun atas dua untai polinukleotida yang dihubungkan oleh pasangan basa tertentu. Pada salah satu untai, adenin berpasangan dengan timin yang berada pada untai yang lain, sedangkan guanin berpasangan dengan sitosin. Struktur heliks ganda yang dimiliki oleh DNA ini disebut bentuk B (Ngili, 2009).

Ribonucleic acid (RNA) adalah makromolekul yang panjang dan tidak bercabang, yang dapat ditemukan dalam nukleus maupun sitoplasma sel. RNA merupakan polimer lain yang juga terdiri atas nukleotida purin dan pirimidin. Struktur primer RNA dan DNA hampir mirip namun secara kimiawi, RNA berbeda dengan DNA yaitu gula pentosa RNA berupa ribosa dan senyawa pirimidinnya adalah sitosin (C) dan urasil (U). Dalam RNA, urasil menggantikan timin yang

terdapat pada DNA. Peran RNA adalah untuk menyimpan dan memindahkan informasi genetik di dalam DNA serta menggunakannya untuk sintesis protein. Gambar 2.1 menunjukkan RNA dan DNA dalam tubuh.

Gambar 2. 1 RNA dan DNA



Sumber: (Sponk, 2010).

Ada tiga tipe utama RNA dalam sel, yaitu *messenger* RNA (mRNA), *transfer* RNA (tRNA), dan *ribosomal* RNA (rRNA). mRNA atau RNA caraka berperan sebagai pembawa informasi genetik dari DNA. Schumm (1993) mengemukakan bahwa mRNA merupakan RNA berbentuk linier yang paling beragam di antara berbagai RNA utama. Selain itu, konsentrasi mRNA paling rendah dan paling tidak stabil. Tiap mRNA mengandung sandi hanya untuk suatu polipeptida tunggal sehingga terdapat ribuan mRNA yang ukurannya berbeda-beda,

mulai dari sepanjang 100 sampai 5.000 basa. tRNA atau RNA pembawa merupakan molekul terkecil yang berbentuk seperti daun semanggi dan berfungsi sebagai pembawa asam-asam amino dalam bentuk aktif menuju ribosom untuk membentuk ikatan peptida berdasarkan urutan yang ditentukan oleh mRNA. tRNA meliputi 10-20 persen total RNA dalam sel. Paling sedikit, ada satu tipe tRNA untuk setiap tipe asam amino (Ngili, 2009). rRNA atau RNA ribosom meliputi sekitar 80 persen total RNA dalam sel dan terdiri atas beberapa tipe. memiliki peran sebagai katalitik dan struktural pada sintesis protein (Stryer, 2000).

2.2 *G-enzyme* dan *U,C-enzyme*

Menurut Noorzaman (2007), ada dua jenis enzim yang mampu memutus rantai RNA, yaitu *G-enzyme* dan *U,C-enzyme*. *G-enzyme* adalah enzim yang memutus rantai RNA setiap setelah mata rantai G. Rantai RNA yang telah diputus oleh *G-enzyme* menjadi bagian-bagian yang disebut *G-fragments*. Sedangkan *U,C-enzyme* adalah enzim yang memutus rantai RNA setelah setiap mata rantai U atau C. Hasil pemutusan rantai RNA oleh *U,C-enzyme* disebut sebagai *U,C-fragments*.

Contoh 2. 1:

Rantai RNA : CUUAUAUGGCAUAUAAGAAG

G-fragments : CUUAUAUG, G, CAUAUAAG, dan AAG

U,C-fragments: C, U, U, AU, AU, GGC, AU, AU, dan AAGAAG.

Proses pemutusan rantai RNA baik oleh *G-enzyme* atau *U,C-enzyme* menjadi *G-fragments* ataupun *U,C-fragments* disebut sebagai proses pemecahan (fragmentasi). *G-fragment* yang tidak diakhiri dengan mata rantai G disebut sebagai *abnormal G-fragment* sedangkan *U,C-fragment* yang tidak diakhiri dengan mata rantai U atau C disebut sebagai *abnormal U,C-fragment*. Fragmen abnormal ini hanya dapat ditemukan pada akhir dari sebuah rantai RNA. Jumlah fragmen abnormal adalah minimal satu yaitu *abnormal G-fragment* atau *abnormal U,C-fragment*, dan maksimal dua yaitu satu *abnormal G-fragment* dan satu *abnormal U,C-fragment*. Misalkan pada Contoh 2.1, fragmen abnormal ditemukan pada *U,C-*

fragments yaitu fragmen AAGAAG yang kemudian disebut sebagai *abnormal U,C-fragment*.

Proses pemecahan fragmen (subfragmentasi) adalah proses pemecahan *G-fragments* oleh *U,C-enzyme* atau pemecahan *U,C-fragments* oleh *G-enzyme*. Subfragmen-subfragmen yang dihasilkan dari subfragmentasi disebut *extended base*. Hasil subfragmentasi pada Contoh 2.1 ditunjukkan pada tabel 2.1.

Tabel 2. 1 Subfragmentasi *G-fragments* dan *U,C-fragment*

<i>G-fragments</i>	CUUAUAUG						G	CAUAUAAG				AAG
Subfragmentasi oleh <i>U,C-enzyme</i>	C	U	U	AU	AU	G	G	C	AU	AU	AAG	AAG
<i>U,C-fragments</i>	C	U	U	AU	AU	GGC			AU	AU	AAGAAG	
Subfragmentasi oleh <i>G-enzyme</i>	C	U	U	AU	AU	G	G	C	AU	AU	AAG	AAG

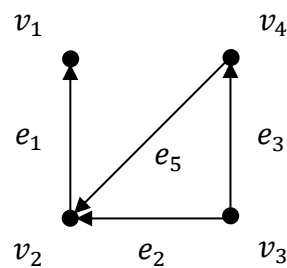
Interior extended base adalah *extended base* yang urutannya tidak berada pada urutan pertama ataupun urutan terakhir. *Usplittable fragments* merupakan *G-fragments* atau *U,C-fragments* yang tidak dapat dipisahkan lagi melalui subfragmentasi. Pada Tabel 2.1, subfragmen-subfragmen yang termasuk *Interior extended base* adalah U, U, AU, AU, AU, AU, dan G sedangkan yang termasuk *usplittable fragments* adalah G, AAG, AU, dan AU.

2.3 Digraph (Directed Graph)

Graf D didefinisikan sebagai pasangan himpunan dari $V(D)$ dan $E(D)$ yang dalam hal ini: $V(D) = \{v_1, v_2, \dots\}$ adalah himpunan tak kosong dari titik-titik (*vertices* atau *nodes*) dan $E(D) = \{e_1, e_2, \dots\}$ adalah himpunan boleh kosong dari sisi-sisi (*edges* atau *lines*) yang menghubungkan dua titik. Suatu graf yang setiap

sisinya diberikan orientasi arah dinamakan graf berarah (*directed graph*). Pada *digraph*, berlaku ketentuan bahwa $(v_j, v_k) \neq (v_k, v_j)$ yang artinya sisi berarah atau busur (v_j, v_k) tidak sama dengan busur (v_k, v_j) . Titik awal (*initial vertex*) busur (v_j, v_k) adalah v_j sedangkan titik akhirnya adalah v_k (Munir, 2016). Gambar 2.2 adalah contoh graf berarah.

Gambar 2. 2 Graf Berarah



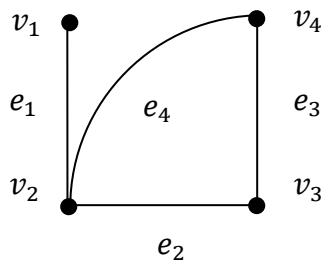
Dalam sebuah *digraph*, dua buah titik v_j dan v_k dikatakan bertetangga (*adjacent*) jika ada sebuah sisi berarah $e_i = (v_j, v_k)$ yang menghubungkannya. Misalnya pada Gambar 2.2, titik v_2 *adjacent* dengan titik v_1 karena ada sisi berarah yang menghubungkan dua titik tersebut, yaitu $e_1 = (v_2, v_1)$. Sisi e_1 ini kemudian dikatakan bersisian (*incident*) dengan titik v_1 dan titik v_2 . Masing-masing titik dalam sebuah *digraph* mempunyai derajat masuk (*indegree*) dan derajat keluar (*outdegree*). *Outdegree* dan *indegree* suatu titik v yang disimbolkan $od(v)$ dan $id(v)$ adalah jumlah garis yang keluar dari titik v dan jumlah garis yang menuju ke titik v tersebut (Hage & Harry, 1996). Misalkan pada Gambar 2.2, titik v_2 memiliki $od(v) = 1$ yaitu e_1 , sedangkan $id(v) = 2$ yaitu e_2 dan e_5 .

2.4 Jalan, Lintasan, dan Sirkuit/Siklus

Misalkan D adalah sebuah graf dan titik-titik v_1 dan v_n adalah titik-titik dalam D maka jalan (*walk*) dari v_1 ke v_n adalah barisan titik dan garis secara berselang-seling, diawali dari titik v_1 dan diakhiri pada titik v_n (Siang, 2004). Jalan dari titik v_1 ke titik v_n yang semua sisi-sisinya berbeda disebut sebagai lintasan (*path*). Lintasan dari titik

v_1 ke titik v_n dapat dituliskan sebagai $v_1, e_1, v_2, e_2, \dots, e_n, v_n$ dimana $e_i = (v_i, v_{i+1})$ untuk $i = 1, 2, \dots, n - 1$ adalah sisi-sisi dalam D . Misalkan pada Gambar 2.3, $v_1, e_1, v_2, e_2, v_3, e_3, v_4$ adalah lintasan dari titik v_1 ke titik v_4 yang melalui sisi-sisi e_1, e_2 , dan e_3 .

Gambar 2. 3 Graf Sederhana



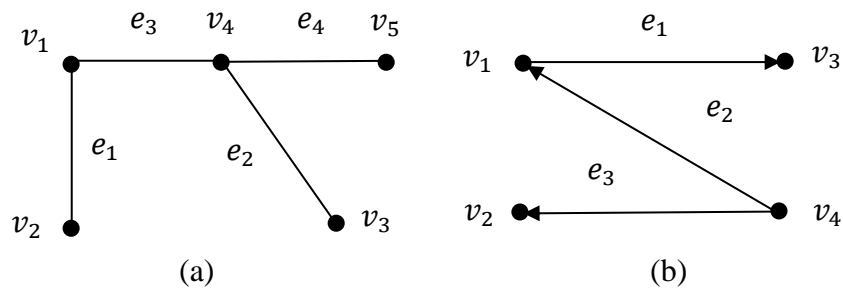
Lintasan tertutup (*closed path*) adalah lintasan yang berawal dan berakhir pada titik yang sama, sedangkan lintasan terbuka (*open path*) adalah lintasan yang titik awal dan titik akhirnya berbeda. Contoh pada Gambar 2.3 $v_1, e_1, v_2, e_2, v_3, e_3, v_4, e_4, v_2$ adalah lintasan terbuka sedangkan $v_2, e_2, v_3, e_3, v_4, e_4, v_2$ merupakan lintasan tertutup. Sirkuit (*circuit*) atau siklus (*cycle*) merupakan lintasan yang tertutup (Munir, 2016). Siang (2004) mengemukakan bahwa pengertian jalan, lintasan, dan sirkuit dalam *digraph* sama dengan pengertian jalan, lintasan, dan sirkuit dalam graf tak-berarah. Perbedaannya adalah perjalanan yang dilakukan harus mengikuti arah garis.

2.5 Pohon (*Tree*) dan *Bipartite Digraph*

Menurut Hage & Harry (1996), *tree* (pohon) adalah graf terhubung sederhana yang tidak memuat sirkuit. Ada dua sifat penting pada *tree*, yaitu terhubung dan tidak mengandung sirkuit. Misalkan D adalah sebuah graf, dua buah titik v_1 dan v_n dalam D dikatakan terhubung jika dan hanya jika ada jalan dari v_1 ke v_n . Graf D dikatakan terhubung jika dan hanya jika setiap dua titik di dalam graf tersebut terhubung (Siang, 2004).

Suatu graf D disebut graf bipartit jika $V(D)$ dapat dipartisi menjadi 2 himpunan tak kosong V_1 dan V_2 , sehingga setiap garis dalam D menghubungkan suatu titik di V_1 dengan titik di V_2 . Jika sisi pada graf bipartit merupakan sisi berarah maka disebut sebagai *digraph* bipartit. Gambar 2.4 berikut ini adalah contoh pohon dan *bipartite digraph*.

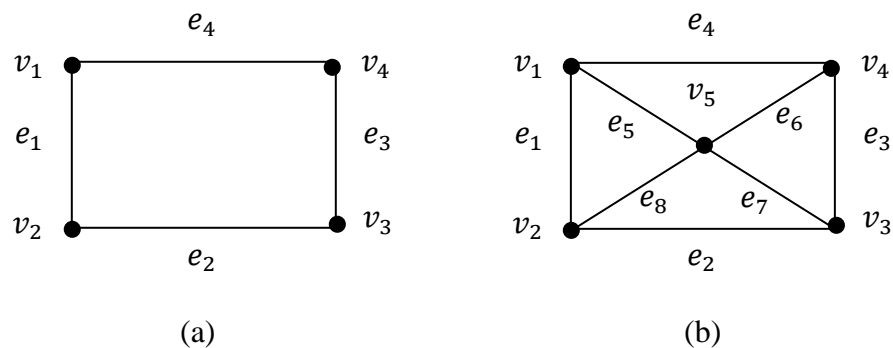
Gambar 2.4 Pohon (a) dan *Bipartite Digraph* (b)



2.6 Lintasan dan Sirkuit Euler

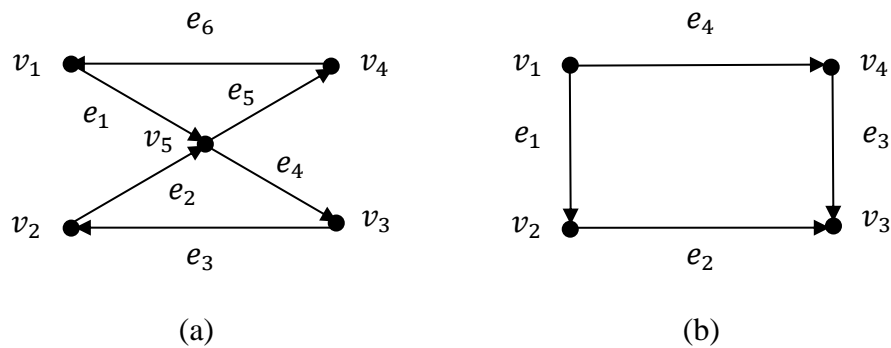
Lintasan Euler merupakan lintasan yang melalui setiap sisi di dalam graf tepat satu kali. Jika lintasan Euler yang terbentuk adalah tertutup maka disebut sebagai sirkuit Euler. Graf yang memuat sirkuit Euler disebut graf Euler (*Eulerian graph*) sedangkan graf yang mempunyai lintasan Euler disebut graf semi-Euler (*semi-Eulerian graph*). Gambar 2.5 (a) adalah contoh graf Euler dengan sirkuit Euler $v_4, e_4, v_1, e_1, v_2, e_2, v_3, e_3, v_4$ dan Gambar 2.5 (b) adalah contoh graf bukan-Euler.

Gambar 2.5 Graf Euler (a) dan Graf bukan-Euler (b)



Graf berarah juga bisa mempunyai lintasan dan sirkuit Euler. Sama seperti pada graf tak-berarah, *digraph* Euler adalah *digraph* yang mempunyai sirkuit Euler sedangkan *digraph* semi-Euler adalah *digraph* yang memiliki lintasan Euler. Contoh *digraph* Euler dengan sirkuit Euler $v_1, e_1, v_5, e_4, v_3, e_3, v_2, e_2, v_5, e_5, v_4, e_6, v_1$ dan *digraph* bukan-Euler disajikan pada Gambar 2.6.

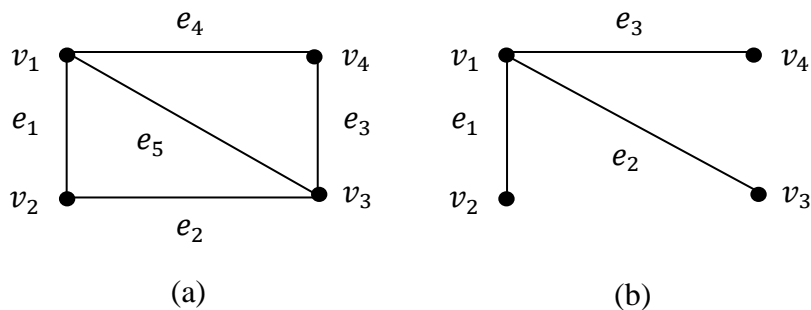
Gambar 2. 6 Digraph Euler (a) dan Digraph bukan-Euler (b)



2.7 Lintasan dan Sirkuit Hamilton

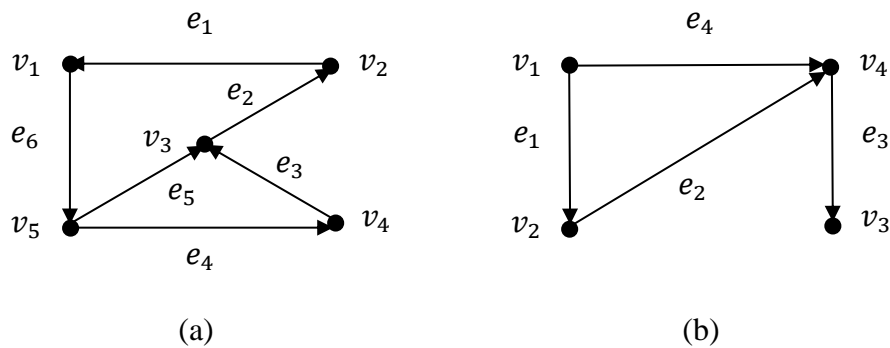
Lintasan yang melalui setiap titik tepat satu kali di dalam graf disebut sebagai lintasan Hamilton, sedangkan jika lintasan tersebut membentuk lintasan tertutup maka disebut sebagai sirkuit Hamilton. Pada sirkuit Hamilton, titik awal dilewati tepat dua kali. Sebuah graf disebut graf Hamilton (*Hamiltonian graph*) jika graf tersebut memiliki sirkuit Hamilton dan disebut graf semi-Hamilton jika memiliki lintasan Hamilton. Gambar 2.7 adalah contoh graf Hamilton dengan sirkuit Hamilton $v_1, e_1, v_2, e_2, v_3, e_3, v_4, e_4, v_1$ dan graf bukan-Hamilton.

Gambar 2. 7 Graf Hamilton (a) dan Graf bukan-Hamilton (b)



Digraph Hamilton merupakan *digraph* yang mempunyai sirkuit Hamilton sedangkan *digraph* semi-Hamilton adalah *digraph* yang memuat lintasan Hamilton. Contoh *digraph* Hamilton dengan sirkuit Hamilton $v_1, e_6, v_5, e_4, v_4, e_3, v_3, e_2, v_2, e_1, v_1$ dan *digraph* bukan-Hamilton disajikan pada Gambar 2.8.

Gambar 2. 8 Digraph Hamilton (a) dan bukan-Hamilton (b)



2.8 Metode Rekonstruksi Rantai RNA oleh Noorzaman

Permasalahan tentang rekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments* dengan menggunakan aplikasi teori graf pernah dibahas oleh Noorzaman. Secara garis besar, metode rekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments* adalah:

- menentukan fragmen abnormal. Apabila hanya terdapat 1 fragmen abnormal maka fragmen terakhir dari rantai RNA yang dicari adalah fragmen tersebut. Namun, jika ada dua fragmen abnormal maka dicari fragmen abnormal yang paling panjang.
- mendaftar semua *interior extended base* dan *usplittable fragments* yang diperoleh. *Unsplittable fragments* yang bukan *interior extended base* adalah awal dan akhir dari rantai RNA yang dicari

- c. membentuk sebuah *digraph* dengan ketentuan:
- 1) untuk setiap fragmen yang terpisah dikarenakan enzim lain, digambar suatu sisi berarah dari titik berlabel *extended base* pertamanya ke titik yang diberi label *extended base* akhirnya.
 - 2) menggambar sebuah sisi berarah terakhir dari *extended base* yang pertama dari fragmen abnormal terbesar (misalkan diberi label *A*) ke *extended base* yang pertama dari awal rantai yang dicari (misalkan diberi label *B*). Kemudian busur tersebut diberi label *A-B*
- d. menentukan semua sirkuit Euler pada *digraph* yang telah dibentuk pada langkah sebelumnya. Sirkuit Euler yang dicari adalah yang berakhir dengan *A-B*. Kemudian ditulis menurut susunan label-label dari sisi-sisi berarah yang dialui oleh sirkuit Euler. Urutan-urutan label dari sisi berarah tersebut adalah rantai RNA yang dicari.

Berikut ini adalah contoh rekonstruksi ulang rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments* menggunakan metode pada penelitian Noorzaman.

Contoh 2. 2:

Diberikan fragmen-fragmen dari suatu rantai RNA sebagai berikut:

G-fragments : UG, UACG, AG, AA, CG

U,C-fragments : GU, AC, GAGU, GAA, C

Tentukan rantai RNA yang terbentuk dari fragmen-fragmen di atas!

Penyelesaian:

- a. menentukan fragmen abnormal.

Pada Contoh 2.2, fragmen-fragmen yang merupakan fragmen abnormal adalah AA dan GAA. Karena ada dua fragmen abnormal maka dipilih fragmen yang paling panjang, yaitu GAA. Fragmen GAA merupakan fragmen akhir dari rantai RNA yang dicari

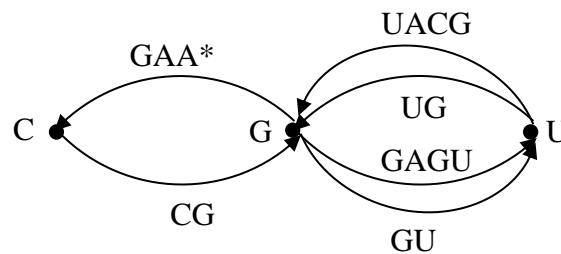
- b. mendaftarkan semua *interior extended base* dan *usplitable fragments* yang diperoleh.

G-fragments yang dikenakan *U,C-enzym* akan menghasilkan U – G, U – AC – G, AG, AA, C – G sedangkan *U,C-fragments* yang dikenakan *G-enzym* akan

menghasilkan $G - U$, AC , $G - AG - U$, $G - AA$, C . Berdasarkan hasil ini, *interior extended base*-nya adalah AC dan AG kemudian *usplitable fragments*-nya adalah AG , AA , AC dan C sehingga *unsplitable fragments* yang bukan *interior extended base* adalah AA dan C . Karena pada langkah sebelumnya telah diketahui bahwa akhir dari rantai RNA yang dicari adalah GAA maka fragmen C merupakan fragmen awal dari rantai RNA.

c. membentuk sebuah *digraph*.

Gambar 2. 9 Digraph dari Contoh 2.2.



d. Sirkuit Euler yang dapat ditentukan dari *digraph* pada Gambar 2.9 adalah:

- 1) $CG, GU, UG, GAGU, UACG, GAA-C$ atau
- 2) $CG, GU, UACG, GAGU, UG, GAA-C$ atau
- 3) $CG, GAGU, UG, GU, UACG, GAA-C$ atau
- 4) $CG, GAGU, UACG, GU, UG, GAA-C$

Oleh karena itu, rantai RNA yang diperoleh adalah:

- 1) $CGUGAGUACGAA$ atau
- 2) $CGUACGAGUGAA$ atau
- 3) $CGAGUGUACGAA$ atau
- 4) $CGAGUACGUGAA$

BAB 3

METODE PENELITIAN

3.1 Jenis Penelitian

Penelitian ini termasuk ke dalam jenis penelitian eksploratif. Adapun penelitian eksploratif didefinisikan sebagai penelitian yang bertujuan untuk pendalaman atau penelitian lanjutan (Fuad, dkk. 2019:16). Dalam penelitian ini, hal yang ingin dieksplorasi adalah konsep lintasan Hamilton dalam rekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments*.

3.2 Prosedur Penelitian

3.2.1 Pengumpulan Data Penelitian

Data yang digunakan dalam penelitian ini adalah *G-fragments* dan *U,C-fragments*. Fragmen-fragmen tersebut dapat diperoleh dari studi literatur ataupun dengan cara dibangkitkan secara acak melalui bantuan komputer.

3.2.2 Pengolahan Data Penelitian

Data yang telah diperoleh pada langkah pertama kemudian diolah agar dapat direpresentasikan menjadi sebuah graf sehingga dapat digunakan untuk mencari lintasan Hamilton. Langkah-langkahnya adalah sebagai berikut:

- a. Menentukan titik awal dan titik akhir rantai RNA
- b. Mentransformasi *G-fragments* dan *U,C-fragments* menjadi himpunan titik dalam graf.
- c. Menentukan himpunan sisi yang menghubungkan titik-titik pada graf.
- d. Mencari lintasan Hamilton yang berangkat dari titik awal menuju titik akhir.

3.2.3 Pembentukan Rantai RNA

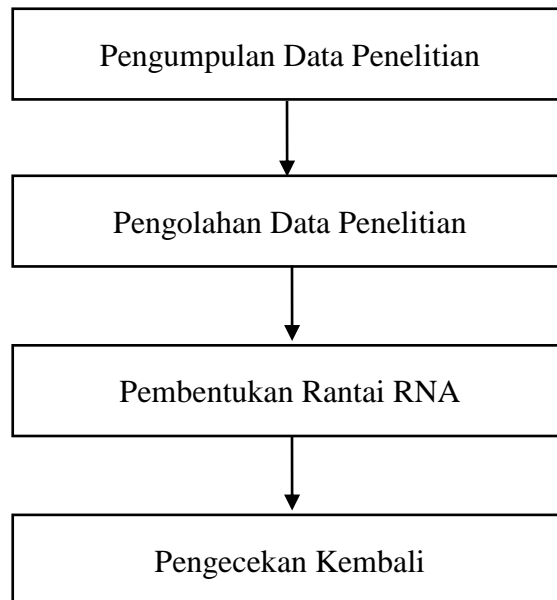
Pada tahap sebelumnya, hasil akhir yang diperoleh berupa lintasan Hamilton. Selanjutnya, lintasan Hamilton ini diinterpretasikan menjadi sebuah rantai RNA yang terbentuk dari *G-fragments* dan *U,C-fragments*.

3.2.4 Pengecekan Kembali

Pada tahap ini, rantai RNA yang telah terbentuk berdasarkan lintasan Hamilton akan dipecah kembali menjadi *G-fragments* dan *U,C-fragments*. Hal ini dilakukan untuk mengecek apakah rantai RNA yang terbentuk akan menghasilkan *G-fragments* dan *U,C-fragments* yang sama dengan data yang digunakan pada tahap awal untuk membentuk rantai RNA tersebut.

Adapun skema prosedur penelitian yang akan dilakukan untuk merekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments* menggunakan konsep lintasan Hamilton dapat dilihat pada Gambar 3.1

Gambar 3. 1 Prosedur Penelitian



BAB 4

HASIL DAN PEMBAHASAN

Pada bab ini akan dibahas tentang rekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments* dengan mengaplikasikan konsep lintasan Hamilton berdasarkan studi literatur dan uji coba yang dilakukan. Misalkan diketahui *G-fragments* dan *U,C-fragments* yang digunakan dalam Noorzaman (2007) sebagai berikut:

Contoh 4.1 *G-fragments* dan *U,C-fragments*:

G-fragments : UG, UACG, AG, AA, CG

U,C-fragments : GU, AC, GAGU, GAA, C

Fragmen-fragmen tersebut akan direkonstruksi menjadi sebuah rantai RNA menggunakan konsep lintasan Hamilton dengan cara yang akan dijelaskan pada subbab-subbab berikut ini.

4.1 Pencarian Fragmen Awal dan Akhir Rantai RNA

Menurut Noorzaman (2007), fragmen awal rantai RNA dapat ditentukan dengan cara mencari *unsplittable fragments* (fragmen yang tidak dapat disubfragmentasi) yang memenuhi syarat-syarat sebagai berikut:

- a. bukan merupakan *abnormal fragment* (fragmen abnormal) dan
- b. bukan merupakan *interior extended base* (fragmen yang bukan fragmen awal dan akhir dari hasil subfragmentasi)

Fragmen abnormal pada *G-fragments* adalah fragmen yang tidak berakhiran G sedangkan fragmen abnormal pada *U,C-fragments* yaitu fragmen yang tidak berakhiran U atau C. Pada Contoh 4.1, fragmen abnormal pada *G-fragments* adalah AA sedangkan pada *U,C-fragments* adalah GAA. Selanjutnya, yang dimaksud dengan subfragmentasi adalah memecah *G-fragments* oleh *U,C-enzyme* dan *U,C-*

fragments oleh *G-enzyme*. Pemecahan *G-fragments* oleh *U,C-enzyme* yaitu pemecahan *G-fragments* setiap pada mata rantai U dan C. Sebaliknya, Pemecahan *U,C-fragments* oleh *G-enzyme* yaitu pemecahan *U,C-fragments* setiap ada mata rantai G. Tabel berikut menunjukkan hasil subfragmentasi *G-fragments* dan *U,C-fragments* pada Contoh 4.1, *unsplittable fragments*, dan *interior extended base*.

Tabel 4. 1 Subfragmentasi

<i>G-fragments</i>	UG		UACG			AG	AA	CG	
Subfragmentasi oleh <i>U,C-enzyme</i>	U	G	U	AC**	G	AG*	AA*	C	G
<i>U,C-fragments</i>	GU		AC	GAGU		GAA		C	
Subfragmentasi oleh <i>G-enzyme</i>	G	U	AC*	G	AG**	U	G	AA	C*

Keterangan: **unsplittable fragments* dan ***interior extended base*

Untuk lebih jelasnya, tabel berikut menunjukkan fragmen-fragmen yang termasuk dalam *unsplittable fragments* dan fragmen-fragmen yang termasuk dalam *interior extended base*.

Tabel 4. 2 *Unsplittable Fragments* dan *Interior Extended Base*

<i>Unsplittable Fragments</i>	AG	AA	AC	C
<i>Interior Extended Base</i>	AG	-	AC	-

Berdasarkan hasil di atas, *unsplittable fragments* yang bukan *abnormal fragment* dan juga bukan merupakan *interior extended base* adalah fragmen U dan AAG sehingga rantai RNA berawal dari fragmen yang mempunyai mata rantai C. Untuk fragmen akhir rantai RNA, bisa dilihat dari fragmen abnormal yang

terpanjang. Jadi, rantai RNA yang terbentuk dari fragmen-fragmen pada Contoh 4.1 berawal dari fragmen C dan berakhir pada fragmen GAA.

4.2 Transformasi *G-fragments* dan *U,C-fragments*

Setelah fragmen awal dan akhir rantai RNA sudah ditemukan, maka *G-fragments* dan *U,C-fragments* kemudian ditransformasi menjadi titik-titik yang akan dikelompokkan menjadi dua himpunan yang di sini kita sebut sebagai himpunan G dan himpunan U,C. Himpunan-himpunan ini diperlukan untuk membentuk *bipartite digraph* yang kemudian digunakan untuk mencari lintasan Hamilton. Adapun kriteria fragmen-fragmen yang dapat masuk ke dalam 2 himpunan tersebut adalah sebagai berikut:

- a. fragmen akhir rantai RNA yang dicari. Jika fragmen tersebut terdapat pada *G-fragments* maka akan masuk ke dalam himpunan G dan begitu pula jika fragmen akhirnya terdapat pada *U,C-fragments* maka akan masuk pada himpunan U,C.
- b. *G-fragments* yang mengandung mata rantai U atau C akan masuk ke dalam himpunan G sedangkan *U,C-fragments* yang mengandung mata rantai G akan masuk ke dalam himpunan U,C
- c. Jika fragmen akhir rantai RNA yang dicari terdapat pada *G-fragments* dan jika tidak ada *G-fragments* dan *U,C-fragments* yang memenuhi poin b maka fragmen akhirnya akan masuk ke dalam himpunan G sedangkan fragmen awal rantai RNA yang dicari akan masuk ke dalam himpunan U,C.

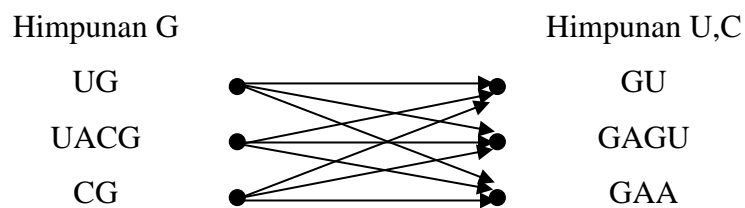
Pada Contoh 4.1, fragmen akhir yang telah ditemukan adalah GAA yang berada pada *U,C-fragments*. Oleh karena itu, GAA menjadi anggota himpunan U,C. Selanjutnya, *G-fragments* yang mengandung mata rantai U atau C adalah UG, UACG dan CG sedangkan *U,C-fragments* (selain fragmen abnormal) yang mengandung mata rantai G adalah GU dan GAGU. Dengan demikian, dapat disimpulkan bahwa himpunan G terdiri atas $\{UG, UACG, CG\}$ sedangkan himpunan U,C beranggotakan $\{GU, GAGU, GAA\}$.

4.3. Pembentukan *Bipartite Digraph*

Titik-titik dalam himpunan G dan himpunan U,C yang sudah ditentukan kemudian dihubungkan oleh suatu sisi berarah sehingga terbentuk suatu *bipartite digraph*. Cara menghubungkan titik-titik tersebut adalah sebagai berikut:

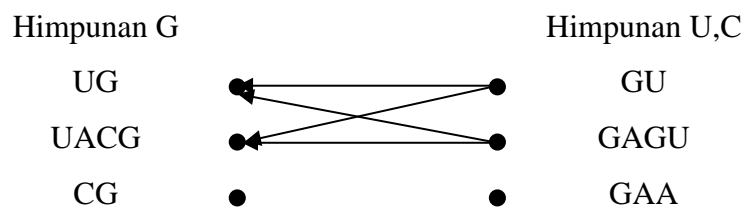
- Sisi berarah dari himpunan G ke himpunan U,C dibentuk jika pola mata rantai akhir *G-fragments* dalam himpunan G sama dengan pola mata rantai awal *U,C-fragments* dalam himpunan U,C. Sisi-sisi berarah dari himpunan G ke himpunan U,C yang terbentuk ditunjukkan pada Gambar 4.1.

Gambar 4. 1 Himpunan G \rightarrow Himpunan U,C



- Sisi berarah dari himpunan U,C ke himpunan G dibentuk jika pola mata rantai akhir *U,C-fragments* dalam himpunan U,C sama dengan pola mata rantai awal *G-fragments* dalam himpunan G. Busur-busur dari himpunan U,C ke himpunan G yang terbentuk ditunjukkan pada Gambar 4.6.

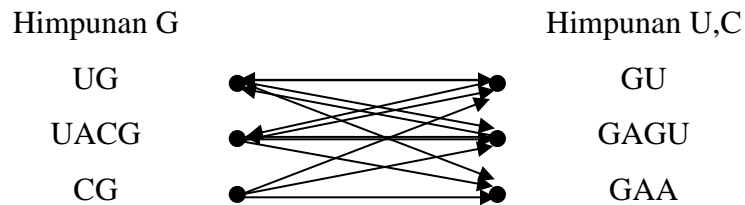
Gambar 4. 2 Himpunan G \leftarrow Himpunan U,C



Pada Gambar 4.1, setiap titik pada himpunan G memiliki derajat keluar yang sama yaitu sejumlah titik pada himpunan U,C. Pada Gambar 4.2, titik GAA memiliki derajat keluar 0 sedangkan titik-titik lainnya pada himpunan U,C

mempunyai derajat keluar yang sama yaitu 2. Jika Gambar 4.1 dan 4.2 digabungkan maka diperoleh *bipartite digraph* yang dapat dilihat pada Gambar 4.3 berikut.

Gambar 4.3 Bipartite Digraph dari Contoh 4.1



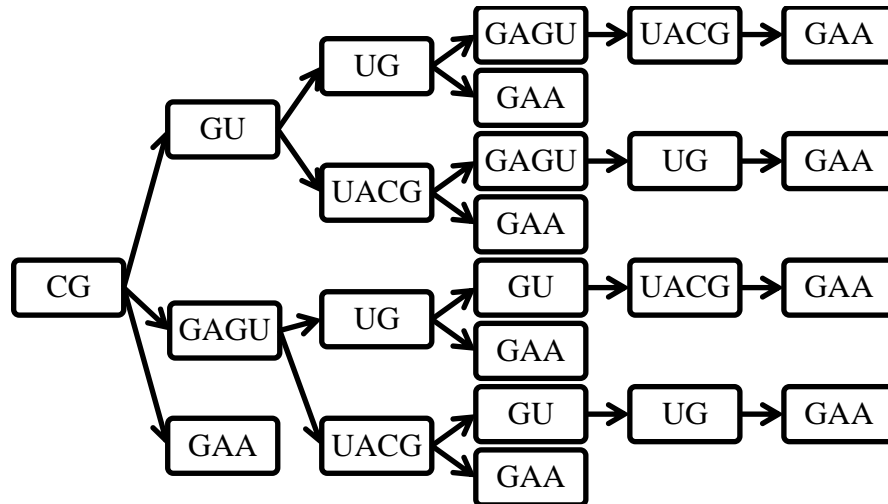
4.4 Pencarian Lintasan Hamilton

Seperti yang telah dijelaskan sebelumnya, lintasan Hamilton merupakan lintasan yang melalui setiap titik dalam graf tepat satu kali. Pada Contoh 4.1, lintasan Hamilton yang dicari berawal dari fragmen C dan berakhir pada fragmen GAA. Pada *bipartite digraph* yang telah terbentuk, tidak terdapat fragmen C pada himpunan titik manapun. Oleh karena itu, titik yang diambil adalah titik yang memiliki mata rantai awal C yang pada Gambar 4.3 terdapat pada himpunan G yaitu CG. Dengan demikian, lintasan Hamilton yang dicari berawal dari titik CG di himpunan G dan harus berakhir di titik GAA pada himpunan U,C.

Dari titik CG, terdapat 3 sisi berarah yang keluar yaitu: (1) $CG \rightarrow GU$, (2) $CG \rightarrow GAGU$, dan (3) $CG \rightarrow GAA$. Poin 3 tidak akan diteruskan karena tidak ada sisi berarah yang keluar dari titik GAA dan titik ini seharusnya muncul di akhir lintasan Hamilton yang dicari sebagai titik akhir. Dari poin 1 dan 2, sisi-sisi berarah yang keluar sama-sama mengarah ke titik UG dan UACG, sehingga lintasan sementara yang diperoleh adalah: (a) $CG \rightarrow GU \rightarrow UG$, (b) $CG \rightarrow GU \rightarrow UACG$, (c) $CG \rightarrow GAGU \rightarrow UG$, dan (d) $CG \rightarrow GAGU \rightarrow UACG$. Selanjutnya, dicari sisi berarah dari titik akhir ke himpunan U,C yang belum muncul pada lintasan tersebut. Proses ini diulangi hingga ditemukan lintasan yang melalui semua titik tepat satu

kali dan berakhir di titik GAA. Gambar berikut menunjukkan alur pencarian lintasan Hamilton yang memungkinkan.

Gambar 4. 4 Lintasan Hamilton Contoh 4.1



Berdasarkan Gambar 4.4, lintasan Hamilton berawal dari CG dan berakhir di GAA yang memungkinkan adalah:

- $CG \rightarrow GU \rightarrow UG \rightarrow GAGU \rightarrow UACG \rightarrow GAA$
- $CG \rightarrow GU \rightarrow UACG \rightarrow GAGU \rightarrow UG \rightarrow GAA$
- $CG \rightarrow GAGU \rightarrow UG \rightarrow GU \rightarrow UACG \rightarrow GAA$
- $CG \rightarrow GAGU \rightarrow UACG \rightarrow GU \rightarrow UG \rightarrow GAA$

4.5 Pembentukan Rantai RNA

Rantai RNA dari lintasan Hamilton yang telah ditemukan dapat dibentuk dengan cara menghilangkan mata rantai awal pada titik setelahnya yang sama dengan mata rantai akhir pada titik sebelumnya. Sebagai contoh lintasan Hamilton yang ditemukan adalah $GC \rightarrow CAU \rightarrow UAA$ maka rantai RNA yang terbentuk yaitu $GC \rightarrow AU \rightarrow AA = GCAUAA$. Berdasarkan lintasan Hamilton yang terbentuk pada subbab sebelumnya, rantai RNA yang terbentuk adalah sebagai berikut:

- a. $CG \rightarrow GU \rightarrow UG \rightarrow GAGU \rightarrow UACG \rightarrow GAA = CG \rightarrow U \rightarrow G \rightarrow AGU \rightarrow$
 $ACG \rightarrow AA = CGUGAGUACGAA$
- b. $CG \rightarrow GU \rightarrow UACG \rightarrow GAGU \rightarrow UG \rightarrow GAA = CG \rightarrow U \rightarrow ACG \rightarrow AGU$
 $\rightarrow G \rightarrow AA = CGUACGAGUGAA$
- c. $CG \rightarrow GAGU \rightarrow UG \rightarrow GU \rightarrow UACG \rightarrow GAA = CG \rightarrow AGU \rightarrow G \rightarrow U \rightarrow$
 $ACG \rightarrow AA = CGAGUGUACGAA$
- d. $CG \rightarrow GAGU \rightarrow UACG \rightarrow GU \rightarrow UG \rightarrow GAA = CG \rightarrow AGU \rightarrow ACG \rightarrow U$
 $\rightarrow G \rightarrow AA = CGAGUACGUGAA$

4.6. Pengecekan Kembali

Rantai RNA yang terbentuk dari fragmen-fragmen pada Contoh 4.1 dicek kembali dengan cara difragmentasi menjadi *G-fragments* dan *U,C-fragments*. Hasil pemecahan masing-masing rantai RNA pada subbab 4.5 adalah sebagai berikut:

- a. CGUGAGUACGAA
 Hasil fragmentasi oleh *G-enzyme* adalah CG, UG, AG, UACG, AA
 Hasil fragmentasi oleh *U,C-fragments* adalah C, GU, GAGU, AC, GAA
- b. CGUACGAGUGAA
 Hasil fragmentasi oleh *G-enzyme* adalah CG, UACG, AG, UG, AA
 Hasil fragmentasi oleh *U,C-fragments* adalah C, GU, AC, GAGU, GAA
- c. CGAGUGUACGAA
 Hasil fragmentasi oleh *G-enzyme* adalah CG, AG, UG, UACG, AA
 Hasil fragmentasi oleh *U,C-fragments* adalah C, GAGU, GU, AC, GAA
- d. CGAGUACGUGAA
 Hasil fragmentasi oleh *G-enzyme* adalah CG, AG, UACG, UG, AA
 Hasil fragmentasi oleh *U,C-fragments* adalah C, GAGU, AC, GU, GAA

Berdasarkan hasil fragmentasi di atas, dapat dilihat bahwa semua fragmen-fragmen yang terbentuk sama dengan fragmen-fragmen pada Contoh 4.1. Dari sini bisa dikatakan bahwa dengan fragmen-fragmen yang diketahui, kemungkinan rantai RNA yang terbentuk tidak unik atau bisa lebih dari satu buah.

BAB 5

PENUTUP

5.1 Kesimpulan

Berdasarkan hasil dan pembahasan yang diuraikan pada bab 4, dapat diambil kesimpulan bahwa:

- a. Konsep lintasan Hamilton dapat diterapkan dalam bidang studi biologi yaitu untuk merekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments* dengan cara: (1) menentukan fragmen awal dan akhir rantai RNA, (2) mentransformasi *G-fragments* dan *U,C-fragments* menjadi titik-titik yang dikelompokkan menjadi 2 himpunan titik, (3) menghubungkan titik-titik pada himpunan satu ke himpunan yang lain sehingga membentuk *bipartite digraph*, (4) mencari lintasan Hamilton yang berawal dari titik yang mewakili fragmen awal menuju titik yang mewakili fragmen akhir, (4) membentuk rantai RNA berdasarkan lintasan Hamilton yang telah ditemukan.
- b. Penerapan konsep lintasan Hamilton dalam rekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments* menghasilkan berbagai kemungkinan rantai RNA yang jika difragmentasi kembali akan memperoleh *G-fragments* dan *U,C-fragments* yang sama.

5.2 Saran

Lintasan Hamilton merupakan salah satu konsep yang ada dalam teori graf. Konsep ini dapat digunakan sebagai salah satu solusi untuk mencari rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments*. Untuk fragmen-fragmen yang jumlahnya sedikit, pencarian lintasan Hamilton bisa dilakukan secara manual dengan mengikuti langkah-langkah yang telah dijabarkan sebelumnya. Namun, hal ini akan terasa sulit dan membutuhkan waktu yang lebih lama jika jumlah fragmen yang diketahui semakin banyak. Oleh karena itu, perlu adanya penelitian lebih lanjut terkait

algoritma pemrograman yang efisien untuk merekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments* menggunakan konsep lintasan Hamilton dengan bantuan komputer. Penelitian lanjutan terkait algoritma pemrograman untuk mengaplikasikan metode Noorzaman (2007) pada computer dalam merekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments* juga diperlukan yang kemudian bisa dibandingkan untuk mengetahui metode mana yang lebih tepat dan cepat dalam merekonstruksi rantai RNA .

DAFTAR PUSTAKA

- Flint, J. et al. 2020. *How Genes Influence Behavior*. United Kingdom: Oxford University Press.
- Fuad, M. A. Z. et al. 2019. *Metode Penelitian Kelautan dan Perikanan: Prinsip Dasar Penelitian, Pengambilan Sampel, Analisis, dan Interpretasi Data*. Malang: Universitas Brawijaya Press.
- Hage, Per & Harray, Frank. 1996. *Island Networks*. USA: Cambridge University Press.
- Hall, Linley Erin. 2010. *DNA and RNA*. New York: The Rosen Publishing Group, Inc.
- Munir, R. 2016. *Matematika Diskrit*. Bandung: Informatika Bandung.
- Ngili, Yohanis. 2009. *Biokimia: Struktur & Fungsi Biomolekul*. Bandung: Graha Ilmu
- Noorzaman, Geri. 2007. *Studi dan Implementasi Teori Graf dalam Rekonstruksi Rantai RNA dari Intisari Enzim Lengkapnya*.
<https://informatika.stei.itb.ac.id/~rinaldi.munir/Matdis/2006-2007/Makalah/Makalah0607-125.pdf>
- Schumm, D. E. 1993. *Intisari Biokimia*. Jakarta: Binarupa Aksara.
- Siang, Jong Jek. 2004. *Matematika Diskrit dan Aplikasinya pada Ilmu Komputer*. Yogyakarta: Andi Offset.
- Stryer, L. 2000. *Biokimia*. Jakarta: EGC.