

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 LATAR BELAKANG

Salah satu permasalahan dalam biologi adalah bagaimana membaca atau mengenali struktur suatu barisan DNA. Salah satu metode yang dapat digunakan untuk mengenali struktur DNA adalah *Sequencing by Hybridization*. Metode ini terbagi menjadi 2 tahapan, yaitu tahapan biokimia dan tahapan komputasional. Pada tahapan biokimia, DNA diekstrak sehingga diperoleh fragmen – fragmen dari asam nukleat yang disebut oligonukleotida dengan panjang tertentu. Himpunan semua oligonukleotida yang diperoleh disebut Spektrum. Pada tahapan komputasional, barisan DNA dicari menggunakan spektrum yang diperoleh pada fase biokimia.

Jika diberikan suatu DNA yang barisannya belum diketahui, maka melalui proses biokimia akan diperoleh potongan – potongan barisan yang menyediakan informasi mengenai oligonukleotida berukuran tertentu yang terkandung pada barisan DNA, namun urutannya pada barisan DNA belum diketahui. Himpunan dari semua oligonukleotida disebut spektrum. Spektrum tersebut akan digunakan dalam tahapan komputasional.

Pada tahapan komputasional, untuk mengenali barisan DNA yang utuh dari fragmen-fragmen yang telah didapatkan pada tahapan biokimia dapat digunakan teori graf sebagai alat bantu. Untuk dapat melakukan hal itu, akan dibentuk suatu graf dengan simpul sebanyak elemen pada spektrum dan busur berarah yang menghubungkan antar dua simpul dibentuk dengan aturan tertentu. Graf yang terbentuk adalah graf berarah yang disebut Graf DNA. Aturan pembentukan simpul dan busur ditetapkan dengan aturan yang mengakibatkan kemungkinan rangkaian DNA yang utuh dapat diperoleh dengan mencari lintasan Hamilton pada graf tersebut. Sehingga masalah mencari barisan DNA yang utuh dimodelkan menjadi masalah mencari lintasan hamilton pada graf DNA. Lintasan Hamilton merupakan salah satu cara untuk menelusuri graf, yakni dengan mengunjungi tiap simpul pada graf hanya sekali.

Secara umum, pencarian lintasan Hamilton dari suatu graf membutuhkan waktu eksponensial [**Gar78**], sehingga pencarian barisan DNA juga membutuhkan waktu eksponensial. Dari teori graf diketahui, selain menggunakan lintasan Hamilton ada cara lain untuk menelusuri graf yaitu dengan menggunakan lintasan Euler. Jika pada lintasan Hamilton penelusuran dilakukan dengan mengunjungi setiap simpul maka pada lintasan Euler yang dikunjungi adalah setiap busur. Dari analisis algoritma diketahui bahwa waktu pencarian lintasan Euler adalah polinomial [**Bri04**]. Untuk mengurangi kompleksitas pencarian barisan DNA yang utuh dari eksponensial ke polinomial, graf DNA dapat

ditransformasikan menjadi graf baru dengan sifat: simpul pada graf awal menjadi busur pada graf baru dan busur pada graf baru dibentuk dengan suatu aturan tertentu, sehingga graf DNA tadi merupakan *adjoint* dari graf baru yang terbentuk. Graf baru ini disebut graf asal (*root*) dari *adjoint*. Oleh karena itu pencarian lintasan Hamilton pada graf DNA berubah menjadi pencarian lintasan Euler pada graf asal. Karena pencarian lintasan Euler dari suatu graf membutuhkan waktu polinomial maka pencarian barisan DNA dari graf asalnya juga membutuhkan waktu polinomial.

Untuk menjamin keseluruhan proses pencarian barisan DNA pada fase komputasional memiliki kompleksitas polinomial, maka transformasi graf DNA menjadi graf asal juga harus memiliki kompleksitas polinomial. Jika tidak, keseluruhan proses transformasi tidak akan mengurangi kompleksitas pencarian barisan DNA yang utuh.

Graf DNA yang dibentuk dari spektrum DNA termasuk *line digraph*, yaitu *adjoint* dari suatu graf yang tidak memiliki busur sejajar. Suatu *line digraph* memiliki sifat – sifat khusus yang berlaku secara umum pada sembarang graf yang dapat digunakan untuk mengenali apakah suatu graf merupakan *line digraph*. Sifat – sifat *line digraph* dapat dilihat dari hubungan antara *adjoint* dan graf asal serta dari pelabelan pada suatu graf. Sifat- sifat ini dapat digunakan untuk mengenali *line digraph* dan membentuk graf asal dari *line digraph*.

1.2 PERMASALAHAN

Yang menjadi permasalahan dalam skripsi ini adalah bagaimanakah sifat – sifat dari suatu *line digraph*?

1.3 TUJUAN

Skripsi ini bertujuan untuk membahas sifat – sifat yang berlaku pada suatu graf sehingga graf tersebut merupakan *line digraph* dari graf lain dan menemukan graf asalnya.

1.4 BATASAN MASALAH

Dalam skripsi ini, graf yang dibahas dibentuk dari graf DNA dan pelabelan yang digunakan adalah pelabelan dengan panjang label 2.

1.5 SISTEMATIKA PENULISAN

Skripsi ini terbagi menjadi 5 bab. Dalam Bab II, akan dibahas mengenai teori graf beserta *adjoint* dan metode *Sequencing by*

Hybridization sebagai salah satu metode untuk membaca suatu barisan DNA. Bab III khusus membahas sifat – sifat dari *line digraph* yang dapat digunakan untuk mengenali suatu *line digraph*. Sedangkan algoritma pengenalan *line digraph* dan pembentukan graf asal beserta contoh dan penerapannya pada graf DNA akan dibahas dalam Bab IV. Kesimpulan dari skripsi ini akan diberikan pada Bab V.

