



**REKONSTRUKSI RANTAI RNA DARI *G-FRAGMENTS*  
DAN *U,C-FRAGMENTS* MENGGUNAKAN  
ALGORITMA *BACKTRACKING***

**SKRIPSI**

Oleh:

**Masrurotullaily  
NIM 081810101001**

**JURUSAN MATEMATIKA  
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM  
UNIVERSITAS JEMBER  
2012**



**REKONSTRUKSI RANTAI RNA DARI G-FRAGMENTS  
DAN U,C-FRAGMENTS MENGGUNAKAN  
ALGORITMA BACKTRACKING**

**SKRIPSI**

diajukan guna melengkapi tugas akhir dan memenuhi salah satu syarat  
untuk menyelesaikan Program Studi Matematika (S1)  
dan mencapai gelar Sarjana Sains

Oleh

**Masrurotullaily**  
**NIM 081810101001**

**JURUSAN MATEMATIKA**  
**FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM**  
**UNIVERSITAS JEMBER**  
**2012**

## **PERSEMBAHAN**

Skripsi ini saya persembahkan untuk:

1. Ibunda Siti Naimah dan Ayahanda Abdullah tercinta, atas untaian dzikir dan doa yang mengiringi langkahku selama menuntut ilmu, dukungan dan curahan kasih sayang yang telah diberikan sejak aku kecil, serta pengorbanan selama ini;
2. adikku Roiqotullaily, atas doa dan kasih sayang yang telah diberikan selama ini;
3. guru-guruku sejak taman kanak-kanak sampai dengan perguruan tinggi yang telah mendidik dengan penuh kesabaran;
4. Almamater Jurusan Matematika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Jember.

## MOTTO

يَرْفَعُ اللَّهُ الَّذِينَ ءَامَنُوا مِنْكُمْ وَالَّذِينَ أُوتُوا الْعِلْمَ دَرَجَاتٍ

Artinya : “Allah akan meninggikan orang-orang yang beriman diantara kamu dan orang-orang yang diberi ilmu pengetahuan beberapa derajat”.  
(Terjemahan Q.S. Al-Mujaadilah: 11)\*)

إِنَّ مَعَ الْعُسْرِ يُسْرًا

Sesungguhnya sesudah kesulitan itu ada kemudahan  
(Terjemahan Q.S. Alam Nasyrah: 6)\*\*)

---

\*) dan \*\*) Departemen Agama Republik Indonesia. 1998. *Al Qur'an dan Terjemahannya*. Semarang: PT Kumudasmoro Grafindo.

## PERNYATAAN

Saya yang bertanda tangan di bawah ini:

nama : Masrurotullaily

NIM : 081810101001

menyatakan dengan sesungguhnya bahwa karya ilmiah yang berjudul "Rekonstruksi Rantai RNA dari *G-Fragments* dan *U,C-Fragments* Menggunakan Algoritma *Backtracking*" adalah benar-benar hasil karya sendiri, kecuali kutipan yang telah saya sebutkan sumbernya, belum pernah diajukan pada institusi mana pun, dan bukan karya jiplakan. Saya bertanggung jawab atas keabsahan dan kebenaran isinya sesuai dengan sikap ilmiah yang harus dijunjung tinggi.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sebenarnya, tanpa ada tekanan dan paksaan dari pihak mana pun serta bersedia mendapat sanksi akademik jika ternyata di kemudian hari pernyataan ini tidak benar.

Jember, Juni 2012

Yang menyatakan,

Masrurotullaily  
NIM 081810101001

**SKRIPSI**

**REKONSTRUKSI RANTAI RNA DARI G-FRAGMENTS  
DAN U,C-FRAGMENTS MENGGUNAKAN  
ALGORITMA BACKTRACKING**

Oleh  
Masrurotullaily  
NIM 081810101001

**Pembimbing**

Dosen Pembimbing Utama : Kiswara Agung Santoso, S.Si., M.Kom.  
Dosen Pembimbing Anggota : Kristiana Wijaya, S.Si., M.Si.

## PENGESAHAN

Skripsi yang berjudul "Rekonstruksi Rantai RNA dari *G-Fragments* dan *U,C-Fragments* Menggunakan Algoritma *Backtracking*" telah diuji dan disahkan pada:

hari, tanggal :  
tempat : Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam  
Universitas Jember

Tim Penguji:

Ketua,

Sekretaris,

Kiswara Agung Santoso, S.Si., M.Kom  
NIP 19720907 199803 1 003

Kristiana Wijaya, S.Si., M.Si.  
NIP 19740813 200003 2 004

Penguji I,

Penguji II,

Kosala Dwidja P., S.Si., M.Si.  
NIP 19690828 199802 1 001

Kusbudiono, S.Si., M.Si.  
NIP 19770430 200501 1 001

Mengesahkan

Dekan,

Prof. Drs. Kusno, DEA., Ph.D.  
NIP 19610108 198602 1 001

## RINGKASAN

**Rekonstruksi Rantai RNA dari *G-Fragments* dan *U,C-Fragments* Menggunakan Algoritma *Backtracking***; Masrurotullaily, 081810101001; 2012: 63 halaman; Jurusan Matematika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Jember.

*Ribonucleid acid* (RNA) atau asam ribonukleat adalah makromolekul yang dibentuk oleh *deoxyribonucleic acid* (DNA). Basa purin RNA terdiri atas adenin (A) dan guanin (G) sedangkan basa pirimidinnya terdiri atas sitosin (C) dan urasil (U). *G-enzyme* merupakan enzim yang memutus rantai RNA setiap setelah mata rantai G dan hasilnya disebut sebagai *G-fragments*. *U,C-enzyme* adalah enzim yang memutus rantai RNA setiap setelah mata rantai U atau C dan hasilnya disebut sebagai *U,C-fragments*. Jika yang diketahui adalah *G-fragments* dan *U,C-fragments* saja maka perlu adanya cara untuk merekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments*.

Studi tentang rekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments* telah dilakukan sebelumnya oleh Noorzaman yaitu dengan mengaplikasikan teori graf dalam penyelesaiannya. Noorzaman merekonstruksi rantai RNA dengan cara merepresentasikan *G-fragments* dan *U,C-fragments* yang diketahui sebagai titik-titik suatu *digraph*. Dalam skripsi ini, penulis tertarik untuk merekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments* menggunakan algoritma *backtracking* melalui *digraph* bipartit. Tujuan penelitian ini adalah mengaplikasikan algoritma *backtracking* dalam merekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments* dengan MATLAB versi 7.8.0. untuk memperoleh rantai RNA. Hasil penelitian diharapkan dapat memberikan alternatif metode penyelesaian dalam merekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments*, dan juga dengan adanya program, merekonstruksi rantai RNA akan lebih cepat dan mudah dilakukan. Penelitian



dilakukan melalui beberapa langkah, yaitu menentukan fragmen awal dan akhir rantai RNA, mentransformasi *G-fragments* dan *U,C-fragments* ke dalam *digraph* bipartit, membuat algoritma pemrograman dan membuat program dengan MATLAB versi 7.8.0.

Berdasarkan penelitian yang telah dilakukan, *G-fragments* dan *U,C-fragments* yang diinputkan secara manual ke dalam program yang telah dibuat akan menghasilkan semua kemungkinan rantai RNA dengan pola awal dan akhirnya sama. Hasil yang serupa juga diperoleh jika yang diinputkan ke dalam program adalah suatu rantai RNA yang kemudian difragmentasi untuk mendapatkan *G-fragments* dan *U,C-fragments*. Jika dibandingkan dengan metode permutasi, algoritma *backtracking* lebih cepat dalam mencari semua kemungkinan rantai RNA baik secara manual maupun saat diaplikasikan dalam program. Namun, proses pencarian semua solusi menggunakan algoritma *backtracking* secara manual lebih lama dibandingkan dengan metode Noorzaman, tetapi algoritma ini lebih mudah diaplikasikan dalam program daripada metode Noorzaman.

## PRAKATA

Segala puji syukur kami panjatkan ke hadirat Allah SWT yang telah melimpahkan segala rahmat dan karunia-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi ini yang berjudul “Rekonstruksi Rantai RNA dari *G-fragments* dan *U,C-fragments* Menggunakan Algoritma *Backtracking*”. Skripsi ini disusun untuk memenuhi salah satu syarat untuk menyelesaikan Program Studi Matematika (S1) dan mencapai gelar Sarjana Sains.

Penyusunan skripsi ini tidak lepas dari bantuan berbagai pihak. Oleh karena itu, penulis menyampaikan terima kasih kepada:

1. Kiswara Agung Santoso, S.Si., M.Kom., selaku Dosen Pembimbing Utama dan Kristiana Wijaya, S.Si., M.Si., selaku Dosen Pembimbing Anggota yang telah meluangkan waktu, pikiran, dan perhatian dalam penulisan skripsi ini;
2. Kosala Dwidja P., S.Si., M.Si., selaku Dosen Penguji I dan Kusbudiono, S.Si., M.Si., selaku Dosen Penguji II yang telah memberikan kritik dan saran demi kesempurnaan skripsi ini;
3. keluarga di rumah yang telah memberikan doa dan semangat;
4. Rafiantika M. P., Novika Herawaty, Vianda Nuning, M. Arif R., dan teman-teman angkatan 2008;
5. semua pihak yang tidak dapat disebutkan satu per satu.

Penulis menerima segala kritik dan saran dari semua pihak demi kesempurnaan skripsi ini. Akhirnya penulis berharap semoga skripsi ini dapat bermanfaat.

Jember, Juni 2012

Penulis

## DAFTAR ISI

	Halaman
<b>HALAMAN JUDUL</b> .....	ii
<b>HALAMAN PERSEMBAHAN</b> .....	iii
<b>HALAMAN MOTO</b> .....	iv
<b>HALAMAN PERNYATAAN</b> .....	v
<b>HALAMAN PEMBIMBINGAN</b> .....	vi
<b>HALAMAN PENGESAHAN</b> .....	vii
<b>HALAMAN RINGKASAN</b> .....	viii
<b>PRAKATA</b> .....	x
<b>DAFTAR ISI</b> .....	xi
<b>DAFTAR TABEL</b> .....	xiii
<b>DAFTAR GAMBAR</b> .....	xiv
<b>DAFTAR LAMPIRAN</b> .....	xvi
<b>BAB 1. PENDAHULUAN</b> .....	1
<b>1.1 Latar Belakang</b> .....	1
<b>1.2 Permasalahan</b> .....	3
<b>1.3 Tujuan</b> .....	3
<b>1.4 Manfaat</b> .....	4
<b>BAB 2. TINJAUAN PUSTAKA</b> .....	5
<b>2.1 Ribonucleid Acid (RNA)</b> .....	5
<b>2.2 G-enzyme dan U,C-enzyme</b> .....	7
<b>2.3 Digraph (Directed Graph)</b> .....	8
<b>2.4 Jalan, Lintasan, dan Sirkuit/Siklus</b> .....	9
<b>2.5 Tree dan Digraph Bipartit</b> .....	10
<b>2.6 Lintasan dan Sirkuit Euler</b> .....	11

<b>2.7 Lintasan dan Sirkuit Hamilton</b> .....	12
<b>2.8 Algoritma <i>Backtracking</i></b> .....	13
<b>2.9 Metode Rekonstruksi Rantai RNA oleh Noorzaman (2007)</b> .....	16
<b>BAB 3. METODE PENELITIAN</b> .....	20
<b>BAB 4. HASIL DAN PEMBAHASAN</b> .....	23
<b>4.1 Hasil</b> .....	23
4.1.1 Menentukan Fragmen Awal dan Akhir Rantai RNA .....	23
4.1.2 Mentransformasi <i>G-fragments</i> dan <i>U,C-fragments</i> ke dalam <i>Digraph</i> Bipartit .....	25
4.1.3 Membuat Algoritma Pemrograman .....	28
4.1.4 Membuat Program Rekonstruksi Rantai RNA dari <i>G-fragments</i> dan <i>U,C-fragments</i> Menggunakan Algoritma <i>Backtracking</i> dengan <i>Software</i> MATLAB Versi 7.8.0. ....	32
<b>4.2 Pembahasan</b> .....	38
4.2.1 Input Data Berupa <i>G-fragments</i> dan <i>U,C-fragments</i> .....	38
4.2.2 Input Data Berupa Rantai RNA .....	42
<b>BAB 5. PENUTUP</b> .....	61
<b>5.1 Kesimpulan</b> .....	61
<b>5.2 Saran</b> .....	62
<b>DAFTAR PUSTAKA</b> .....	63
<b>LAMPIRAN</b> .....	64

## DAFTAR TABEL

	Halaman
4.1 Himpunan G dan Himpunan U,C pada Contoh 4.2 .....	39
4.2 Solusi Sebelum dan Sesudah Diolah .....	42
4.3 Himpunan G dan Himpunan U,C pada Gambar 4.17 .....	44
4.4 Solusi dari Gambar 4.20 dan Gambar 4.21 .....	46
4.5 Solusi pada Tabel 4.4 Sebelum dan Sesudah Diolah .....	47
4.6 Pencarian Solusi Menggunakan Algoritma <i>Backtracking</i> , Metode Permutasi dan Metode Noorzaman (2007) .....	49

## DAFTAR GAMBAR

	Halaman
2.1 RNA dan DNA .....	6
2.2 Subfragmentasi <i>G-fragments</i> dan <i>U,C-fragments</i> .....	8
2.3 Graf Berarah <i>D</i> .....	9
2.4 Graf Sederhana .....	10
2.5 <i>Tree</i> (a) dan <i>Digraph</i> Bipartit (b) .....	11
2.6 Graf Euler (a) dan bukan-Euler (b) .....	11
2.7 <i>Digraph</i> Euler (a) dan bukan-Euler (b) .....	12
2.8 Graf Hamilton (a) dan bukan-Hamilton (b) .....	12
2.9 <i>Digraph</i> Hamilton (a) dan bukan-Hamilton (b) .....	13
2.10 <i>Digraph</i> Bipartit .....	15
2.11 Alur Algoritma <i>Backtracking</i> .....	15
2.12 <i>Digraph</i> dengan Simpul C sebagai Awal dari Rantai RNA yang Dicari .....	18
3.1 Skema Langkah-langkah Penyelesaian .....	20
4.1 Subfragmentasi <i>G-fragments</i> dan <i>U,C-fragments</i> pada Contoh 4.1 .....	24
4.2 <i>Unsplittable Fragments</i> dan <i>Interior Extended Base</i> pada Gambar 4.1 .....	24
4.3 Subfragmentasi <i>G-fragments</i> dan <i>U,C-fragments</i> pada Contoh 4.2 .....	25
4.4 <i>Unsplittable Fragments</i> dan <i>Interior Extended Base</i> pada Gambar 4.3 .....	25
4.5 Himpunan $G \rightarrow$ Himpunan $U,C$ .....	26
4.6 Himpunan $G \leftarrow$ Himpunan $U,C$ .....	27
4.7 <i>Digraph</i> Bipartit Contoh 4.1 .....	27
4.8 Tampilan Awal Program .....	32
4.9 Tampilan Pilihan Input <i>G-fragments</i> dan <i>U,C-fragments</i> .....	33
4.10 Tampilan Pilihan Input Rantai RNA .....	34
4.11 Tampilan Gambar 4.9 dengan Input Data pada Contoh 4.2 .....	35

4.12 <i>Digraph</i> Bipartit yang Terbentuk dari Input Data pada Contoh 4.2 .....	36
4.13 Tampilan Gambar 4.10 dengan Input Data AGCUGUGCAGU .....	37
4.14 <i>Digraph</i> Bipartit yang Terbentuk dari Input Data AGCUGUGCAGU .....	37
4.15 Alur Algoritma <i>Backtracking</i> yang Berawal dari Fragmen AGC.....	39
4.16 Alur Algoritma <i>Backtracking</i> yang Berawal dari Fragmen AGU .....	40
4.17 Fragmentasi Rantai RNA AGCUGUGCAGU .....	43
4.18 Subfragmentasi <i>G-fragments</i> dan <i>U,C-fragments</i> pada Gambar 4.16 .....	43
4.19 <i>Unsplittable Fragments</i> dan <i>Interior Extended Base</i> pada Gambar 4.17 ....	43
4.20 Alur Algoritma <i>Backtracking</i> yang Berawal dari Fragmen AGC .....	45
4.21 Alur Algoritma <i>Backtracking</i> yang Berawal dari Fragmen AGU .....	46
4.22 <i>Digraph</i> Contoh 4.2 dengan Metode Noorzaman (2007) .....	48

## DAFTAR LAMPIRAN

	Halaman
A. Simbol-simbol <i>Flowchart</i> .....	64
B. <i>Flowchart</i> Rekonstruksi Rantai RNA dari <i>G-Fragments</i> dan <i>U,C-Fragments</i> Menggunakan Algoritma <i>Backtracking</i> .....	65

