

ALGORITMA VAN AARDENNE-EHRENFEST DAN DE BRUIJN DALAM MENCARI SIRKUIT EULER PADA GRAF BERARAH UNTUK MEREKONSTRUKSI RANTAI *RNA* DARI *G-FRAGMENTS* DAN *(U,C)-FRAGMENTS*

D. Ismayasari¹, I W. Sudarsana² dan I N. Suwastika³

^{1,2} Program Studi Matematika Jurusan Matematika FMIPA Universitas Tadulako

³ Program Studi Biologi Jurusan Biologi FMIPA Universitas Tadulako

Jalan Soekarno-Hatta Km. 09 Tondo, Palu 94118, Indonesia

¹ditaismaya@gmail.com, ²sudarsanaiwayan@yahoo.co.id, ³isuwastika@yahoo.com.au

ABSTRACT

RNA chains defined as the sequence of the letters taken from the set $\Sigma = \{A, G, U, C\}$ where A, G, U and C represent of *Adenine*, *Guanine*, *Uracil* and *Cytosine* respectively. Formally *RNA* chains can be found fragmented by *G-fragments* and *(U,C)-fragments* and it is difficult to reconstruction in the original form. Infact, we need *RNA* chains in the original form even it is frequently found in fragmented form. Reconstruction of *RNA* chains fragmented by *G-fragments* and *(U,C)-fragments* can be used circuit Euler on directed graph. In that directed graph, we can find the circuit Euler by using van Aardenne-Ehrenfest and de Bruijn algorithms. In this research, we discussed reconstruction of *RNA Human Herpesvirus 5* in fragmented from by finding circuit Euler in the directed graph using van Aardenne-Ehrenfest and de Bruijn algorithms. The results show that the *RNA Human Herpesvirus 5* in the original form (base on NCBI) can be reconstructed by finding circuit Euler in the directed graph using van Aardenne-Ehrenfest and de Bruijn algorithms.

Keywords : Van Aardenne-Ehrenfest and de Bruijn algorithm, Euler Circuit, Directed Graph, Reconstruct of *RNA* Chains fragmented by *G-fragments* and *(U,C)-fragments*.

ABSTRAK

Rantai *RNA* didefinisikan sebagai barisan dari simbol-simbol huruf yang diambil dari himpunan $\Sigma = \{A, G, U, C\}$ dimana A merepresentasikan *adenin*, G merepresentasikan *guanin*, U merepresentasikan *urasil* dan C merepresentasikan *sitosin*. Rantai *RNA* dapat terputus karena dipengaruhi dua jenis enzim yaitu *G-enzyme* dan *(U,C)-enzyme* sehingga menjadi fragmen-fragmen yaitu *G-fragments* dan *(U,C)-fragments*. Rantai *RNA* yang telah menjadi *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* dapat direkonstruksi kembali menjadi barisan rantai *RNA* asli. Merekonstruksi rantai *RNA* yang terfragmen dapat digunakan graf berarah yaitu dengan menghubungkan fragmen-fragmen ke titik-titik dan sisi-sisi berarah sehingga terbentuk graf berarah *RNA*. Kemudian dapat dilakukan pencarian sirkuit Euler pada graf berarah *RNA* tersebut sehingga fragmen-fragmen dapat digabungkan kembali menjadi rantai *RNA* asli. Algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn adalah algoritma pencarian sirkuit Euler pada graf berarah. Pada penelitian ini akan dibahas mengenai merekonstruksi rantai *RNA* dari *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* dengan menggunakan algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn dalam mencari sirkuit Euler pada graf berarah. Sebagai studi kasus, data rantai *RNA* asli yang digunakan dalam penelitian ini diunduh dari basis data NCBI untuk satu organisme yaitu *Human Herpesvirus 5*. Hasil yang diperoleh rantai *RNA* asli dapat direkonstruksi kembali menggunakan sirkuit Euler yang didapat dari algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de

Brujin menjadi rantai *RNA* asli sesuai dengan data dari NCBI walaupun rantai *RNA Human Herpesvirus 5* telah terfragmen menjadi *G-fragments* dan *(U,C)-fragments*.

Kata kunci : Algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn, Sirkuit Euler, Graf Berarah, Rekonstruksi Rantai *RNA* dari *G-fragments* dan *(U,C)-fragments*.

I. PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

RNA atau asam ribonukleat yaitu senyawa yang merupakan bahan genetik dan memainkan peran utama dalam ekspresi genetik. *RNA* memiliki bentuk rantai tunggal dan tidak berpilin. Basa nitrogen *RNA* juga dibedakan menjadi basa purin dan basa pirimidin. Basa purinnya tersusun atas *adenin* (A) dan *guanin* (G), sedangkan basa pirimidinnya tersusun atas *sitosin* (C) dan *urasil* (U). Terbentuknya rantai *RNA* dipengaruhi oleh dua jenis enzim yang memutus ikatan antara asam-asam pembentuk rantai *RNA*. Kedua enzim tersebut adalah *G-enzyme* dan *(U,C)-enzyme*. *G-enzyme* memutus rantai *RNA* setiap setelah mata rantai *G* menjadi *G-fragments*, sedangkan *(U,C)-enzyme* memutus rantai *RNA* setiap setelah mata rantai *U* atau *C* menjadi *(U,C)-fragments*. Kedua proses tersebut disebut proses *fragmentasi* (Noorzaman, 2007).

Pada *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* terdapat satu fragmen abnormal yaitu jika *G-fragment* tidak diakhiri dengan mata rantai *G* dan *(U,C)-fragments* tidak diakhiri dengan mata rantai *U* atau *C*. Jika *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* diakhiri dengan mata rantai *A* maka akan terdapat dua fragmen yang abnormal, serta dari dua fragmen abnormal tersebut fragmen abnormal terpanjang yang harus dipilih untuk melakukan rekonstruksi rantai *RNA*. Dari *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* terdapat pula subfragmen yang merupakan sebuah subrantai tidak kosong dihasilkan apabila sebuah *G-fragment* dipecah kembali oleh *(U,C)-enzyme* ataupun sebaliknya jika sebuah *(U,C)-fragment* dipecah kembali oleh *G-enzyme*. Subfragmen yang dihasilkan oleh hasil pemecahan kembali oleh enzim tersebut disebut *extended bases* sedangkan prosesnya disebut *subfragmentasi*. Sebuah fragmen harus terpisah paling sedikit kedalam tiga *extended bases* sebelum dapat ditentukan subfragmen-subfragmen yang termasuk ke dalam *interior extended base*. Jika sebuah fragmen mengandung subfragmen tunggal, yang berarti setelah terjadi pemecahan hanya didapatkan subfragmen berupa fragmen awal, maka fragmen ini disebut *unsplittable fragments* (Noorzaman, 2007).

Teori graf dapat digunakan dalam merekonstruksi rantai *RNA*. Yaitu dengan menghubungkan sebuah graf dengan sembarang daftar lengkap dari *G-fragments* dan *(U,C)-fragments*. Titik pada graf dapat merepresentasikan fragmen dan sisi pada graf dapat merepresentasikan hubungan sepasang fragmen yang terurut. Urutan fragmen dalam rantai *RNA* ditunjukkan oleh arah anak panah pada graf. Graf yang mempunyai arah disebut dengan graf berarah. Dengan demikian dalam merekonstruksi rantai *RNA* digunakan graf terhubung

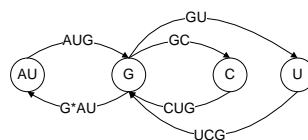
berarah. Selanjutnya dengan mencari sirkuit Euler pada graf berarah maka fragmen-fragmen dari *G-enzyme* dan *(U,C)-enzyme* dapat digabungkan, sehingga terbentuk rantai *RNA* baru yang sesuai dengan rantai aslinya. Untuk pencarian sirkuit Euler pada graf berarah bisa dilakukan dengan menggunakan algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn (Eiselt, *et al.*, 1995). Dimana graf berarah merupakan keadaan khusus dari suatu graf, yaitu sisi-sisinya memiliki arah, sehingga ada perlakuan khusus dalam mencari sirkuit Eulernya, yaitu harus memperhatikan arah dari setiap sisi dalam graf berarah.

1.2. Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang di atas, maka permasalahan yang akan dikaji dalam penelitian ini yaitu bagaimana merekonstruksi rantai *RNA* dari *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* dengan menggunakan algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn dalam mencari sirkuit Euler pada graf berarah. Sebagai ilustrasi kasus, berikut merupakan contoh sederhana dalam merekonstruksi rantai *RNA* dari *G-fragments* dan *(U,C)-fragments*:

Contoh: Potongan rantai *RNA* asli *Human Herpesvirus 5* yaitu "AUGCUGUCG", misalkan ditemukan fragmentasi dari rantai *RNA* tersebut sebagai berikut:

- *G-fragments* = { CUG, UCG, AUG } dan *(U,C)-fragments* = { GC, U, GU, C, G, AU }
- *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* terpecah kembali atau tersubfragmentasi, yaitu:
G-fragments (disubfragmentasi dengan *(U,C)-enzyme*) = {{C-U-G}, {U-C-G}, {AU-G}}
(U,C)-fragments (disubfragmentasi dengan *G-enzyme*) = {{G-C}, {U}, {G-U}, {C}, {G}, {AU}}
- Menentukan fragmen awal dan akhir dari rantai *RNA* :
Fragmen Abnormal = {G}, *Interior extended bases* = {{U}, {C}}, *Unsplittable fragments* = {{U}, {C}, {G}, {AU}}. Lihat pada *unsplittable fragments*, fragmen {{U}, {U}} merupakan *interior extended bases* dan fragmen {G} merupakan fragmen abnormal (akhir rantai *RNA*), sehingga fragmen {AU} secara otomatis menjadi awal dari rantai *RNA*.
- Membangun graf berarah yaitu identifikasi semua fragmen normal yang memiliki lebih dari satu *extended bases*. Gunakan *extended bases* pertama dan terakhir sebagai titik dan tarik sisi berarah dari *extended bases* pertama ke *extended bases* terakhir. Dimulai dari *extended bases* awal rantai *RNA* dan labeli sisi berarah sesuai fragmen serta labeli titik sesuai *extended bases* pertama dan terakhir. Serta identifikasi fragmen abnormal yang terpanjang, kemudian tarik sisi berarah dari *extended bases* fragmen abnormal ke *extended bases* pertama (awal) dalam rantai *RNA*. Serta labeli sebagai X*Y dimana X adalah fragmen abnormal yang terpanjang dan Y adalah *extended bases* pertama dari rantai *RNA*. Gambar 1:



Gambar 1 : Graf Berarah *RNA*

Mencari sirkuit Euler dari Gambar 1 yaitu menuliskan tiap label pada sisi berarah yang dilalui dengan memperhatikan tumpang tindih antara fragmen-fragmen pada sisi berarah tersebut. Fragmen yang saling tumpang tindih dituliskan satu kali. Dimulai dari titik yang berlabel *extended base* awal rantai dan diakhiri pada label sisi berarah fragmen abnormal, sirkuit Euler yaitu :

AUG – GC – CUG – GU – UCG – G*AU

Dengan demikian diperoleh rantai *RNA* yaitu AUGCUGUCG yang sama dengan potongan rantai *RNA* asli *Human Herpesvirus 5*.

1.3. Tujuan Penelitian

Berdasarkan permasalahan di atas, maka tujuan yang akan dicapai dalam penelitian ini yaitu merekonstruksi rantai *RNA* dari *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* dengan menggunakan algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn dalam mencari sirkuit Euler pada graf berarah sehingga memperoleh urutan susunan barisan rantai *RNA* yang sama dengan rantai *RNA* asli.

1.4. Batasan Masalah

Penelitian ini terbatas pada data barisan rantai *RNA* asli yang akan dilakukan proses rekonstruksi merupakan data yang diunduh pada basis data *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) dan dipilih satu organisme yaitu *Human Herpesvirus 5*.

II. METODE PENELITIAN

Penelitian dilakukan sesuai dengan prosedur dibawah ini :

1. Memulai penelitian.
2. Studi literatur.
3. Rantai *RNA* asli.
4. Fragmentasi rantai *RNA* (*G-Fragments* dan *(U,C)-Fragments*); Subfragmentasi; *Extended Base*; Fragmen Abnormal, *Interior Extended Base*, *Unsplittable fragment*.
5. Gambar graf berarah yang dibangun dari Fragmentasi dan Subfragmentasi rantai *RNA*.
6. Pada graf berarah cari sirkuit Euler menggunakan Algoritma van Aardenne - Ehrenfest dan de Bruijn.
7. Susunan rantai *RNA*.
8. Melihat apakah rantai *RNA* yang direkonstruksi merupakan rantai *RNA* asli. Jika rantai *RNA* merupakan rantai *RNA* asli maka dilanjutkan kelangkah selanjutnya, namun jika tidak maka kembali ke langkah (3).
9. Menyimpulkan hasil penelitian.
10. Selesai.

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1. Dekripsi Data Rantai RNA Asli

Penelitian ini menggunakan satu organisme yang diunduh pada basis data NCBI yaitu organisme *Human Herpesvirus 5*. Organisme tersebut memiliki urutan rantai RNA asli yang panjang, oleh karena itu dalam melakukan serangkaian proses merekonstruksi rantai RNA dari *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* sehingga memperoleh urutan rantai RNA asli akan mengalami kesulitan dikarenakan data yang panjang. Untuk mempermudah penelitian ini maka rantai RNA tersebut akan dipotong secara manual menjadi urutan rantai RNA yang relatif lebih pendek. Dalam hal ini peneliti menggunakan software BioEdit untuk membantu dalam hal pemotongan rantai RNA secara manual agar tidak terjadi kesalahan dalam memotong rantai RNA yaitu harus mengikuti urutan-urutan kodon atau asam-asam amino *polipeptida* atau protein yang telah diperoleh.

3.2. Penggunaan Algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn dalam Mencari Sirkuit Euler pada Graf Berarah untuk Merekonstruksi Rantai RNA dari *G-fragments* dan *(U, C)-fragments*

Jika ada *G-fragments* yaitu $H = \{G_1, \dots, G_k\}$ dan *(U,C)-fragments* yaitu $J = \{F_1, \dots, F_l\}$ maka terdapat $G_{1,s}$ yang merupakan subfragmen *extended base* terakhir dari G_1 yang bertetangga atau saling tumpang tindih dengan subfragmen *extended base* pertama dari F_1 yaitu $F_{1,1}$. Dalam hal ini subfragmen tersebut adalah $\Sigma = \{G, AG, AAG, A^3G, A^4G, A^NG\}$ dengan $N \geq 1$. Begitupun sebaliknya, terdapat $F_{1,s}$ yang merupakan subfragmen *extended base* terakhir dari F_1 yang bertetangga atau saling tumpang tindih dengan subfragmen *extended base* pertama dari G_k yaitu $G_{k,1}$. Dalam hal ini subfragmen tersebut adalah $\Sigma = \{U, C, AU, AAU, A^3U, A^4U, A^NU, AC, AAC, A^3C, A^4C, A^NC\}$ dengan $N \geq 1$.

Algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn adalah algoritma pencarian sirkuit Euler pada graf berarah. Dalam mencari sirkuit Euler pada graf berarah, pertama-tama algoritma ini akan membentuk *spanning arborescence* yang berakar disatu titik, setelah itu sisi-sisi berarah yang keluar dari tiap-tiap titik dilabeli secara terurut dengan label terbesar atau terakhir adalah sisi berarah pada *spanning arborescence*, terakhir mencari sirkuit Euler mengikuti pelabelan sisi-sisi berarah tersebut mulai dari label terkecil.

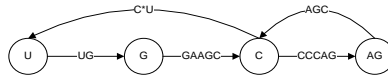
Dalam merekonstruksi rantai RNA yang panjang maka graf berarah yang diperoleh memiliki banyak titik dan banyak sisi-sisi berarah dimana sisi-sisi berarah merepresentasikan fragmen-fragmen penyusun rantai RNA. Algoritma ini akan kesulitan dalam membentuk suatu *spanning arborescence* dan juga sulit untuk memberi label yang terurut pada sisi-sisi berarah dari graf berarah RNA yang terbentuk. Yang dimana *spanning arborescence* dan label sisi berarah haruslah berkorespondensi dengan suatu rantai RNA asli. Berikut beberapa simulasi

yang dilakukan untuk melihat keefektifan penggunaan algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn.

Kasus 3.1. Rantai *RNA* yang akan direkonstruksi panjangnya adalah 11 yaitu "UGAAGCCCAGC":

- *G-fragments* = { AAG, CCCAG, UG, C } dan *(U, C)-fragments* = { GAAGC, C, U, C, AGC }
- *G-fragments* (disubfragmentasi dengan *(U, C)-enzyme*) = {{AAG}, { C - C - C - AG }, { U - G }, {C}}
- *(U, C)-fragments* (disubfragmentasi dengan *G-enzyme*) = {{G - AAG - C}, {C}, {U}, {C}, {AG - C}}
- Fragmen Abnormal = {C}
- Interior extended bases = {{C}, {C}, { AAG }}
- Unsplittable fragmen = {{AAG}, {C}, {C}, {U}, {C}}. Diketahui {U} merupakan awal rantai *RNA*.

- Graf berarah



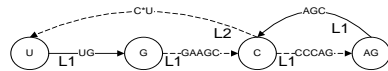
Gambar 2 : Graf Berarah *RNA* Kasus 3.1

- Pencarian sirkuit Euler (algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn) : *Spanning arborescence* yang berakar di titik G, yaitu :



Gambar 3 : *Spanning Arborescence* untuk graf berarah *RNA* Gambar 2

Melabeli sisi-sisi berarah yang keluar dari titik-titik pada Gambar 2, yaitu :



Gambar 4 : Pelabelan pada sisi berarah untuk graf berarah *RNA* Gambar 2

Mencari sirkuit Euler, yaitu dari Gambar 3 dapat dilihat sirkuit Euler yang terbentuk diawali dari titik yang merupakan fragmen awal dengan memperhatikan tumpang tindih antar fragmen, yaitu :

$$\begin{array}{r}
 \text{UG} \\
 \text{GAAGC} \\
 \text{CCCAG} \\
 \text{AGC} \\
 \hline
 \text{UGAAGCCCAGC}
 \end{array}$$

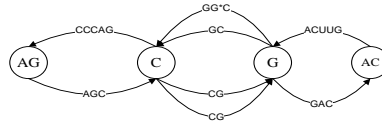
Gambar 5 : Hasil Rekonstruksi Rantai *RNA* Kasus 3.1

Dari Gambar 5 hasil rekonstruksi rantai *RNA* diperoleh rantai yang sama dengan rantai aslinya yaitu UGAAGCCCAGC. Perhatikan graf berarah *RNA* pada Gambar 1 pada tiap titik-titik hanya terhubung oleh 1 sisi berarah dengan banyaknya titik-titik sama dengan 4.

Kasus 3.2. Rantai *RNA* yang akan direkonstruksi panjangnya adalah 15 yaitu "CCCAGCGACUUGCGG", sehingga

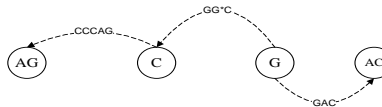
- *G-fragments* = { ACUUG, CCCAG, CG, CG G } dan *(U, C)-fragments* = { GAC, U, U, GC, GG, C, C, C, AGC }
- *G-fragments* (disubfragmentasi dengan *(U, C)-enzyme*) = {{AC - U - U - G}, { C - C - C - AG }, {C - G}, { C - G }, {G}}
- *(U, C)-fragments* (disubfragmentasi dengan *G-enzyme*) = {{G - AC}, {U}, {U}, {G - C}, {G - G}, {C}, {C}, {C}, {AG - C}}
- Fragmen Abnormal = {GG}
- Interior extended bases = { {U}, {U}, {C}, {C} }
- Unsplittable fragmen = { {G}, {U}, {U}, {C}, {C}, {C} }. Diketahui {C} merupakan awal rantai *RNA*.

- Graf berarah :

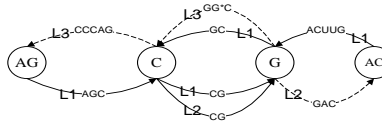


Gambar 6 : Graf Berarah *RNA* Kasus 3.2

- Pencarian sirkuit Euler (algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn) :
Pertama, *spanning arborescence* (1) dari Gambar 5 berakar dititik G:

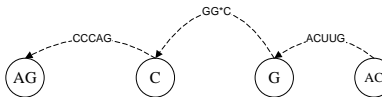


Gambar 7 : *Spanning Arborescence* (1) untuk graf berarah *RNA* Gambar 6
Melabeli sisi-sisi berarah (1) yang keluar dari titik-titik pada Gambar 6:



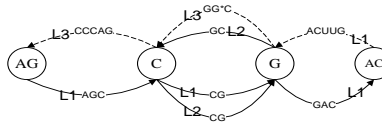
Gambar 8 : Pelabelan pada sisi berarah (1) untuk graf berarah *RNA* Gambar 6
Mencari sirkuit Euler, yaitu dari Gambar 8 dapat dilihat ternyata dengan pemilihan titik G sebagai akar *arborescence* mengakibatkan tidak adanya sirkuit Euler pada graf berarah *RNA*. Oleh karena itu akan kembali dibangun *spanning arborescence*, yaitu:

- **Kedua**, *spanning arborescence* (2) masih berakar dititik AC, yaitu:



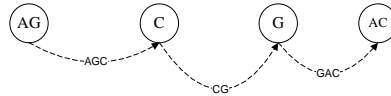
Gambar 9 : *Spanning Arborescence* (2) untuk graf berarah *RNA* Gambar 6

Melabeli sisi-sisi berarah (2) yang keluar dari titik-titik pada Gambar 6, yaitu :



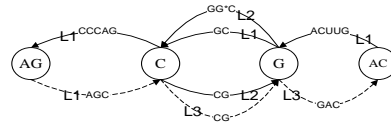
Gambar 10 : Pelabelan pada sisi berarah (2) untuk graf berarah *RNA* Gambar 6
Mencari sirkuit Euler, yaitu dari Gambar 10 dapat dilihat ternyata dengan pemilihan titik AC sebagai akar *arborescence* mengakibatkan tidak adanya sirkuit Euler pada graf berarah *RNA*. Oleh karena itu akan kembali dibangun *spanning arborescence*, yaitu:

Ketiga, *spanning arborescence* (3) yang akan dibangun berakar dititik AG, yaitu :



Gambar 11 : *Spanning Arborescence* (3) untuk graf berarah *RNA* Gambar 6

Melabeli sisi-sisi berarah (3) yang keluar dari titik-titik pada graf Gambar 6, yaitu :



Gambar 12 : Pelabelan pada sisi berarah (3) untuk graf berarah *RNA* Gambar 6

Mencari sirkuit Euler, yaitu dari Gambar 12 dapat dilihat ternyata dengan pemilihan titik AG sebagai akar *arborescence* mengakibatkan tidak adanya sirkuit Euler pada graf berarah *RNA*.

Setelah pembentukan *spanning arborescence* yang ke-3 ini tidak terdapat lagi pilihan *spanning arborescence* yang dapat dibangun dari graf berarah Gambar 6. Yang berarti algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn tidak dapat menemukan rantai *RNA* asli dari kasus 3.2 ini. Hal ini terjadi karena antara *spanning arborescence* yang dibangun serta memberi label secara terurut pada sisi-sisi berarah yang merepresentasikan fragmen-fragmen tidak berkorespondensi dengan urutan fragmen-fragmen dari rantai *RNA* asli. Perhatikan pada rantai *RNA* asli yang diketahui, *G-fragment* CCCAG merupakan urutan yang pertama dari rantai *RNA* asli. Saat membangun *spanning arborescence* (1) pada Gambar 7 yang berakar di titik G, fragmen CCCAG menjadi sisi berarah pada *spanning arborescence* (1) karena fragmen tersebut menghubungkan titik C ke titik AG yang pastinya pada tahap memberi label sisi berarah tersebut akan dilabeli dengan pelabelan terbesar pada Gambar 8. Selanjutnya pada saat membangun *spanning arborescence* (2) pada Gambar 9 yang berakar di titik AC, fragmen CCCAG menjadi sisi berarah pada *spanning arborescence* (2) karena satu-satunya sisi berarah yang menghubungkan titik C ke titik AG yang pastinya pada tahap memberi label sisi berarah tersebut akan dilabeli dengan pelabelan terbesar pada Gambar 10. Kemudian pada saat membangun *spanning arborescence* (3) pada Gambar 11 yang berakar di titik AG, masalah terpecahkan. Fragmen CCCAG tidak menjadi sisi berarah pada *spanning arborescence* (3) dan sisi berarah tersebut dilabeli dengan pelabelan terkecil pada Gambar 12. Akan tetapi perhatikan kembali rantai *RNA* asli yang diketahui, *(U,C)-fragment* GAC berada pada urutan pertama untuk sisi-sisi berarah yang diawali dengan titik G. Dengan memilih titik AG sebagai akar *arborescence* membuat sisi berarah GAC yang menghubungkan titik G ke titik AC menjadi sisi berarah pada *spanning arborescence* (3) yang pastinya pada tahap memberi label, sisi berarah tersebut akan dilabeli dengan pelabelan terbesar pada Gambar 12. Dengan demikian, dapat dikatakan algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn tidak bekerja dengan efektif saat pencarian sirkuit Euler pada graf berarah *RNA* Gambar 6. Dari kasus 3.1 dan 3.2, maka

algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn dapat bekerja dengan efektif dalam mencari sirkuit Euler pada graf berarah untuk merekonstruksi rantai *RNA* dari *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* sehingga memperoleh urutan rantai *RNA* asli, yaitu :

1. Graf berarah *RNA* yang dibangun dari *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* memiliki titik-titik yang pada tiap titik-titiknya hanya dihubungkan atau terhubung oleh 1 sisi berarah.
2. Apabila graf berarah *RNA* yang dibangun dari *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* memiliki titik-titik yang terhubung oleh lebih dari sama dengan 2 sisi-sisi berarah maka banyaknya titik-titik yang terdapat pada graf berarah *RNA* tersebut adalah harus sama dengan 2 atau sama dengan 3.
3. Dalam beberapa kasus, saat graf berarah *RNA* yang dibangun dari *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* memiliki banyak titik-titik yaitu lebih dari sama dengan 4, dan juga titik-titik tersebut terhubung oleh lebih dari sama dengan 2 sisi-sisi berarah maka algoritma ini dapat bekerja efektif dan dapat pula tidak bekerja dengan efektif. Hal ini terjadi dikarenakan dari urutan susunan fragmen-fragmen rantai *RNA* asli yang diketahui tidak saling berkorespondensi dengan *spanning arborescence* yang dibangun dan memberi label sisi-sisi berarah pada graf berarah *RNA* sehingga dapat membuat algoritma ini menjadi bekerja secara efektif maupun tidak efektif.

3.3. Penggunaan Algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn dalam Mencari Sirkuit Euler pada Graf Berarah untuk Merekonstruksi Rantai *RNA* dari *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* Organisme *Human Herpesvirus 5*

Rantai *RNA* organisme *Human Herpesvirus 5* memiliki panjang 237 bp. Rantai *RNA* tersebut akan dipotong-potong menjadi beberapa bagian rantai *RNA* yang relatif lebih pendek. Yaitu:

AUG CUG UCG GUG AUG GUC UCU UCC UCU CUG GUC CUG AUC GUC UUU CUU CUA GGC	GGU ACG GUU UAU UGC GAC GGU CUU UCU
ACG AUA AAG AAU ACA AAG CCG CAG UGU CGU CCA GAG GAU UAC GCG	GAU UAC GCG ACC AGA UUG CAA
CUA GGC GCU UCC GAG GAG GCG AAG CCG GCG ACG ACG ACG AUA	AAA CCU ACG UUG GUA GGU CAC GUA GGU ACG
CUC CGC GUC ACC UUU CAU CGA GUA AAA CCU	UUG CAA GAU CUC CGC
CUU UCU UUU CCG CGU GUC GGG UAG	

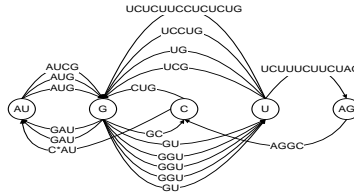
Gambar 13 : Rantai *RNA* dari Organisme *Human Herpesvirus 5* yang telah Dipotong-potong

Potongan rantai *RNA* ke-1 organisme *Human Herpesvirus 5* yang akan direkonstruksi panjangnya adalah 54 yaitu:

“AUGCUGUCGGUGAUGGUCUCUUCCUCUCUGGUCCUGAUCGUCUUUCUAGGC”:

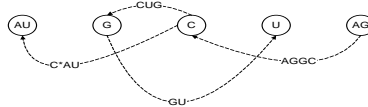
- *G-fragments* = {CUG, UCG, G, UG, AUG, G, UCUCUUCUCUCUG, G, UCCUG, AUGG, UCUUUUCUUCUAG, G, C, AUG} dan
- *(U,C)-fragments* = {GC, U, GU, C, GGU, GAU, GGU, C, U, C, U, U, C, C, U, C, U, C, U, GGU, C, C, U, GAU, C, GU, C, U, U, U, C, U, AGGC, AU}
- *G-fragments* (disubfragmentasi dengan *(U,C)-enzyme*) = {(C-U-G), (U-C-G), (G), (U-G), (AU-G), (G), (U-C-U-U-G), (AU-C-G), (U-C-U-U-U-C-U-U-C-U-AG), (G), (C), (AU-G)}
- *(U,C)-fragments* (disubfragmentasi dengan *G-enzyme*) = {(G-C), (U), (G-U), (C), (G-G-U), (G-AU), (G-G-U), (C), (U), (C), (U), (C), (U), (G-G-U), (C), (C), (U), (G-AU), (C), (G-U), (C), (U), (U), (C), (U), (U), (C), (U), (U), (C), (U), (U), (C), (U), (AG-G-C), {AU}}
- Fragmen Abnormal = {C}
- *Interior extended bases* = {(U), (C), (C), (U), (C), (U), (U), (C), (U), (C), (U), (C), (U), (C), (U), (C), (U), (C), (U), (U), (C), (U), (U), (C), (U), (U), (C), (U), (G), (G), (G)}
- *Unsplittable fragments* = {(G), (G), (G), (G), (C), (U), (C), (U), (C), (U), (U), (C), (U), (U), (C), (U), (C), (U), (C), (U), (C), (U), (C), (U), (C), (U), (C), (U), (U), (C), (U), (U), (C), (U), (U), (C), (U), (AU)}. Diketahui {AU} merupakan awal rantai *RNA*.

- Graf berarah :



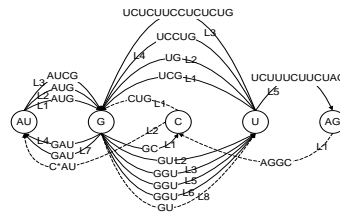
Gambar 14 : Graf Berarah RNA Ke-1 Organisme *Human Herpesvirus 5*

- Pencarian sirkuit Euler (algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn) : *Spanning arborescence* yang berakar di titik AG, yaitu :



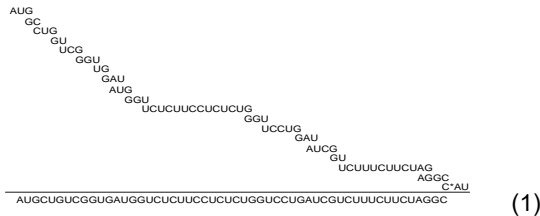
Gambar 15 : *Spanning Arborescence* untuk graf berarah RNA Gambar 14

Melabeli sisi-sisi berarah yang keluar dari titik-titik pada Gambar 14, yaitu :



Gambar 16 : Pelabelan pada sisi berarah untuk graf berarah RNA Gambar 13

Mencari sirkuit Euler, yaitu dari Gambar 16 dapat dilihat sirkuit Euler yang terbentuk dengan memperhatikan tumpang tindih antar fragmen yaitu :



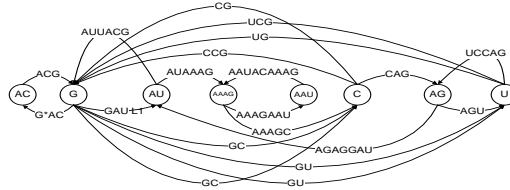
Gambar 17 : Hasil Rekonstruksi Rantai RNA Ke-1 Organisme *Human Herpesvirus 5*

Potongan rantai RNA ke-2 organisme *Human Herpesvirus 5* yang akan direkonstruksi panjangnya adalah 45 yaitu:

“ACGAUAAAGAAUACAAGCCGCAGUGUCGUCCAGAGGAUUACGCG”:

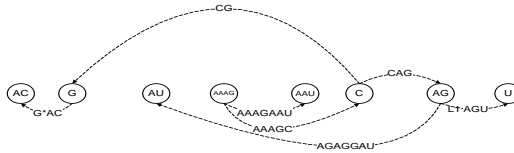
- *G-fragments* = { AUAAAG, AAUACAAAG, CCG, CAG, UG, UCG, UCCAG, AG, G, AUUACG, CG, ACG } dan *(U,C)-fragments* = { GAU, AAAGAAU, AC, AAAGC, C, GC, AGU, GU, C, GU, C, C, AGAGGAU, U, AC, GC, G, AC }
- *G-fragments* (disubfragmentasi dengan *(U,C)-enzyme*) = {{AU-AAAG}, {AAU-AC-AAAG}, {C-C-G}, {C-AG}, {U-G}, {U-C-G}, {U-C-C-AG}, {AG}, {G}, {AU-U-AC-G}, {C-G}, {AC-G}}
- *(U,C)-fragments* (disubfragmentasi dengan *G-enzyme*) = {{G-AU}, {AAAG-AAU}, {AC}, {AAAG-C}, {C}, {G-C}, {AG-U}, {G-U}, {C}, {G-U}, {C}, {C}, {AG-AG-G-AU}, {U}, {AC}, {G-C}, {G}, {AC}}
- Fragmen Abnormal = {G}
- *Interior extended bases* = {{AC}, {C}, {C}, {C}, {C}, {U}, {AC}, {AG}, {G}}
- *Unsplittable fragments* = {{AG}, {G}, {AC}, {C}, {C}, {C}, {C}, {U}, {AC}, {G}, {AC}} . Diketahui {AC} merupakan awal rantai RNA.

- Graf berarah :



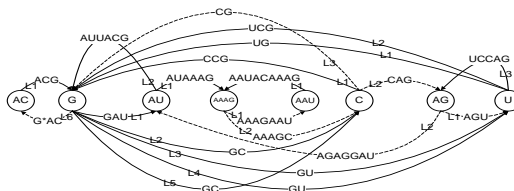
Gambar 18 : Graf Berarah RNA Ke-2 Organisme *Human Herpesvirus 5*

- Pencarian sirkuit Euler (algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn) : *Spanning arborescence* yang berakar di titik AAAG, yaitu :



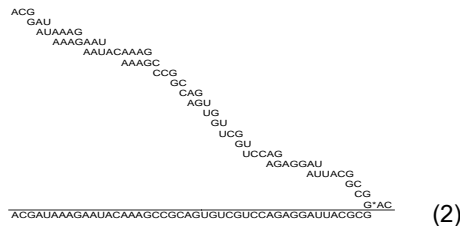
Gambar 19 : *Spanning Arborescence* untuk graf berarah RNA Gambar 18

Melabeli sisi-sisi berarah yang keluar dari titik-titik pada Gambar 18, yaitu :



Gambar 20 : Pelabelan pada sisi berarah untuk graf berarah RNA Gambar 18

Mencari sirkuit Euler, yaitu dari Gambar 20 dapat dilihat sirkuit Euler yang terbentuk dengan memperhatikan tumpang tindih antar fragmen yaitu :



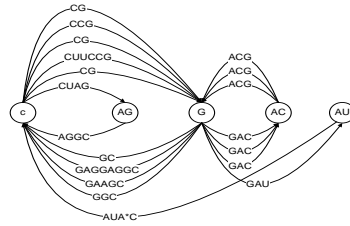
Gambar 21 : Hasil Rekonstruksi Rantai RNA Ke-2 Organisme *Human Herpesvirus 5*

Potongan rantai RNA ke-3 organisme *Human Herpesvirus 5* yang akan direkonstruksi panjangnya adalah 42 yaitu:

“CUAGGCGCUUCCGAGGAGGCGAAGCCGGCGACGACGACGAUA”:

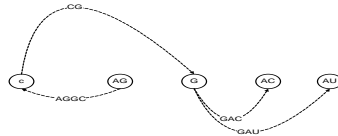
- *G-fragments* = {G, CG, CUUCCG, AG, G, AG, G, CG, AAG, CCG, G, CG, ACG, ACG, ACG, AUA, CUAG} dan (*U, C-fragments*) = {AGGC, GC, U, U, C, C, GAGGAGGC, GAAGC, C, GGC, GAC, GAC, GAU, A, C, U}
- *G-fragments* (disubfragmentasi dengan (*U, C-enzyme*)) = {{G}, {C-G}, {C-U-U-C-C-G}, {AG}, {G}, {AG}, {G}, {C-G}, {AAG}, {C-C-G}, {G}, {C-G}, {AC-G}, {AC-G}, {AU-A}, {C-U-AG}}
- (*U, C-fragments*) (disubfragmentasi dengan *G-enzyme*) = {{G}, {C-G}, {C-U-U-C-C-G}, {AG}, {G}, {AG}, {G}, {C-G}, {AAG}, {C-C-G}, {G}, {C-G}, {G-G-C}, {G-AC}, {G-AC}, {G-AC}, {G-AU}, {A}, {C}, {U}}
- Fragmen Abnormal = {{AUA}, {A}}
- *Interior extended bases* = {{U}, {U}, {C}, {C}, {C}, {U}, {G}, {AG}, {G}, {AG}, {G}, {AAG}, {G}}
- *Unsplittable fragments* = {{G}, {AG}, {G}, {AG}, {G}, {AAG}, {G}, {U}, {U}, {C}, {C}, {C}, {A}, {C}, {U}}. Diketahui {C} merupakan awal rantai RNA.

- Graf berarah :



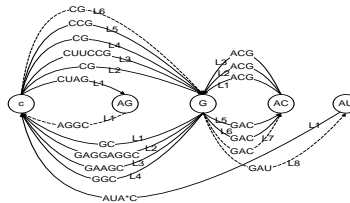
Gambar 22 : Graf Berarah RNA Ke-3 Organisme *Human Herpesvirus 5*

- Pencarian sirkuit Euler (algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn) : *Spanning arborescence* yang berakar di titik AG, yaitu :



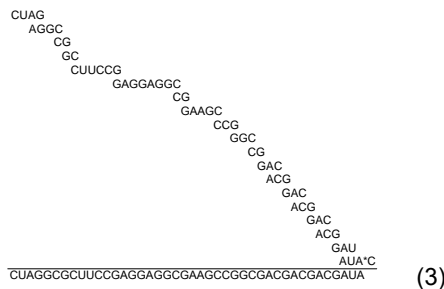
Gambar 23 : *Spanning Arborescence* untuk graf berarah RNA Gambar 22

Melabeli sisi-sisi berarah yang keluar dari titik-titik pada Gambar 22, yaitu :



Gambar 24 : Pelabelan pada sisi berarah untuk graf berarah RNA Gambar 22

Mencari sirkuit Euler, yaitu dari Gambar 24 dapat dilihat sirkuit Euler yang terbentuk dengan memperhatikan tumpang tindih antar fragmen yaitu :

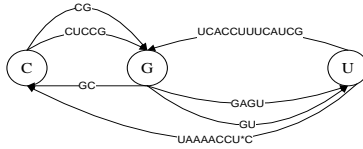


Gambar 25 : Hasil Rekonstruksi Rantai RNA Ke-3 Organisme *Human Herpesvirus 5*

Potongan rantai RNA ke-4 organisme *Human Herpesvirus 5* yang akan direkonstruksi panjangnya adalah 30 yaitu "CUCCGCGUCACCUUUAUCAUCGAGUAAAACCU", sehingga

- *G-fragments* = { AG, UAAAACCU, CUCCG, CG, UCACCUUUAUCG } dan *(U, C)-fragments* = { GAGU, AAAAC, C, U, C, U, C, C, GC, GU, C, AC, C, U, U, C, AU, C }
- *G-fragments* (disubfragmentasi dengan *(U, C)-enzyme*) = { {AG}, {U - AAAAC - C - U}, {C - U - C - C - G}, {C - G}, {U - C - AC - C - U - U - U - C - AU - C - G} }
- *(U, C)-fragments* (disubfragmentasi dengan *G-enzyme*) = { {G - AG - U}, {AAAAC}, {C}, {U}, {C}, {U}, {C}, {C}, {G - C}, {G - U}, {C}, {AC}, {C}, {U}, {U}, {U}, {C}, {AU}, {C} }
- Fragmen Abnormal = { UAAAACCU }
- *Interior extended bases* = { {AAAAC}, {C}, {U}, {C}, {C}, {C}, {AC}, {C}, {U}, {U}, {U}, {C}, {AU}, {C}, {AG} }
- *Unsplittable fragmen* = { {AG}, {AAAAC}, {C}, {U}, {C}, {U}, {C}, {C}, {C}, {AC}, {C}, {U}, {U}, {U}, {C}, {AU}, {C} }. Diketahui {C} merupakan awal rantai RNA.

- Graf berarah :



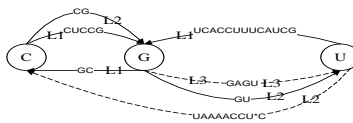
Gambar 26 : Graf Berarah *RNA* Ke-4 Organisme *Human Herpesvirus 5*

- Pencarian sirkuit Euler (algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn) :
Spanning arborescence yang berakar di titik G, yaitu :

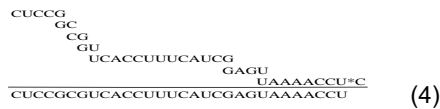


Gambar 27 : *Spanning Arborescence* untuk graf berarah *RNA* Gambar 26

Melabeli sisi-sisi berarah yang keluar dari titik-titik pada Gambar 26, yaitu :



Gambar 28 : Pelabelan pada sisi berarah untuk graf berarah *RNA* Gambar 26
Mencari sirkuit Euler, yaitu dari Gambar 28 dapat dilihat sirkuit Euler yang terbentuk dengan memperhatikan tumpang tindih antar fragmen yaitu :

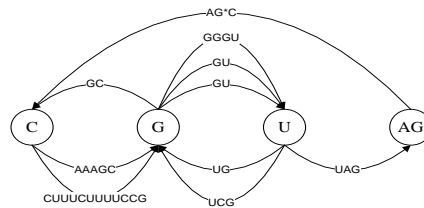


Gambar 29 : Hasil Rekonstruksi Rantai *RNA* Ke-4 Organisme *Human Herpesvirus 5*

Potongan rantai *RNA* ke-5 organisme *Human Herpesvirus 5* yang akan direkonstruksi panjangnya adalah 24 yaitu “CUUUCUUUCCGCGUGUCGGGUAG”, sehingga

- *G-fragments* = { CG, UG, UCG, G, G, UAG, CUUUCUUUCCG } dan *(U, C)-fragments* = { C, GC, GU, GU, C, GGGU, AG, C, U, U, U, C, U, U, U, U, C }
- *G-fragments* (disubfragmentasi dengan *(U, C)-enzyme*) = { (C - G), (U - G), (U - C - G), (G), (G), (U - AG), (C - U - U - U - C - U - U - U - C - C - G) }
- *(U, C)-fragments* (disubfragmentasi dengan *G-enzyme*) = { (C), (G - C), (G - U), (G - U), (C), (G - G - G - U), (AG), (C), (U), (U), (U), (C), (U), (U), (U), (U), (U), (U), (C) }
- Fragmen Abnormal = { AG }
- Interior extended bases = { (C), (U), (U), (U), (C), (U), (U), (U), (U), (C), (C), (G), (G) }
- Unsplittable fragmen = { (G), (G), (C), (C), (AG), (C), (U), (U), (U), (C), (U), (U), (U), (U), (U), (C) }. Dari Unsplittable fragmen diketahui {C} merupakan awal rantai *RNA*.

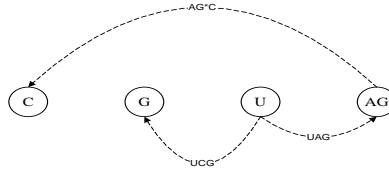
- Graf berarah :



Gambar 30 : Graf Berarah *RNA* Ke-5 Organisme *Human Herpesvirus 5*

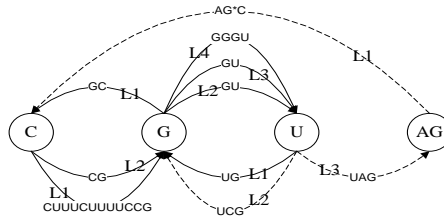
- Pencarian sirkuit Euler (algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn) :

Spanning arborescence yang berakar di titik U, yaitu :



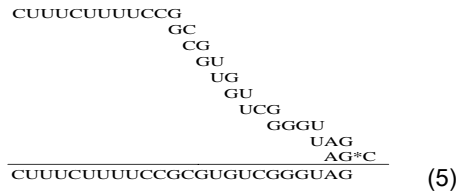
Gambar 31 : Spanning Arborescence untuk graf berarah RNA Gambar 30

Melabeli sisi-sisi berarah yang keluar dari titik-titik pada Gambar 30, yaitu :



Gambar 32 : Pelabelan pada sisi berarah untuk graf berarah RNA Gambar 30

Mencari sirkuit Euler, yaitu dari Gambar 32 dapat dilihat sirkuit Euler yang terbentuk dengan memperhatikan tumpang tindih antar fragmen yaitu :

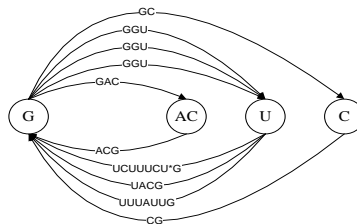


Gambar 33 : Hasil Rekonstruksi Rantai RNA Ke-5 Organisme Human Herpesvirus 5

Potongan rantai RNA ke-6 organisme Human Herpesvirus 5 yang akan direkonstruksi panjangnya adalah 27 yaitu "GGUACGGUUUAUUGCGACGGUCUUUCU", sehingga

- *G-fragments* = { ACG, G, UCUUUCU, G, G, UACG, G, UUUUUUUG, CG } dan
- *(U, C)-fragments* = { GAC, GGU, C, U, U, U, C, U, GGU, AC, GGU, U, U, AU, U, GC }
- *G-fragments* (disubfragmentasi dengan *(U,C)-enzyme*) = { { AC - G }, { G }, { U - C - U - U - C - U }, { G }, { G }, { U - AC - G }, { G }, { U - U - U - AU - U - G }, { C - G } }
- *(U,C)-fragments* (disubfragmentasi dengan *G-enzyme*) = { { G - AC }, { G - G - U }, { C }, { U }, { U }, { U }, { C }, { U }, { G - G - U }, { AC }, { G - G - U }, { U }, { U }, { AU }, { U }, { G - C } }
- *Fragmen Abnormal* = { UCUUUCU }
- *Interior extended bases* = { { C }, { U }, { U }, { U }, { C }, { AC }, { U }, { U }, { AU }, { U }, { G }, { G }, { G } }
- *Unsplittable fragmen* = { { G }, { G }, { G }, { G }, { C }, { U }, { U }, { C }, { U }, { AC }, { U }, { U }, { AU }, { U } }. Dari *Unsplittable fragmen* diketahui { G } merupakan awal rantai RNA.

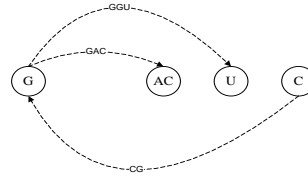
• Graf berarah :



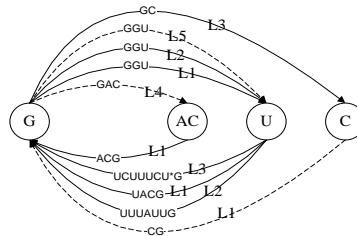
Gambar 34 : Graf Berarah RNA Ke-6 Organisme Human Herpesvirus 5

• Pencarian sirkuit Euler (algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn) :

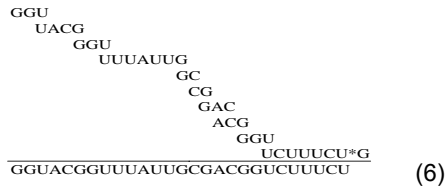
Spanning arborescence yang berakar di titik C, yaitu :



Gambar 35 : Spanning Arborescence untuk graf berarah RNA Gambar 34
Melabeli sisi-sisi berarah yang keluar dari titik-titik pada Gambar 34, yaitu :



Gambar 36 : Pelabelan pada sisi berarah untuk graf berarah RNA Gambar 38
Mencari sirkuit Euler, yaitu dari Gambar 36 dapat dilihat sirkuit Euler yang terbentuk dengan memperhatikan tumpang tindih antar fragmen yaitu :

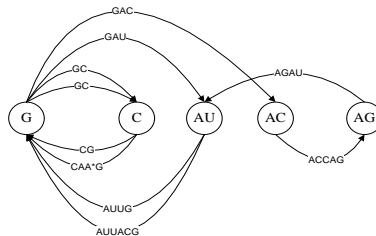


Gambar 37 : Hasil Rekonstruksi Rantai RNA Ke-6 Organisme Human Herpesvirus 5

Potongan rantai RNA ke-7 organisme Human Herpesvirus 5 yang akan direkonstruksi panjangnya adalah 21 yaitu "GAUUACGCGACCAGAUUGCAA", sehingga

- *G-fragments* = { AUUG, CAA, G, AUUACG, CG, ACCAG } dan *(U, C)-fragments* = { AGAU, U, GC, AA, GAU, U, AC, GC, GAC, C }
- *G-fragments* (disubfragmentasi dengan *(U,C)-enzyme*) = { { AU - U - G }, { C - AA }, { G }, { AU - U - AC - G }, { C - G }, { AC - C - AG } }
- *(U,C)-fragments* (disubfragmentasi dengan *G-enzyme*) = { { AG - AU }, { U }, { G - C }, { AA }, { G - AU }, { U }, { AC }, { G - C }, { G - AC }, { C } }
- Fragmen Abnormal = { { CAA }, { AA } }
- Interior extended bases = { { U }, { U }, { AC }, { C } }
- Unsplittable fragmen = { { G }, { U }, { AA }, { U }, { AC }, { C } }. Dari Unsplittable fragmen diketahui { G } merupakan awal rantai RNA.

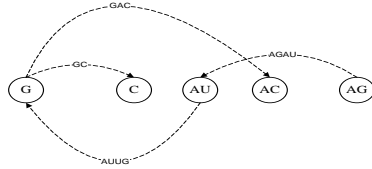
- Graf berarah :



Gambar 38 : Graf Berarah RNA Ke-7 Organisme Human Herpesvirus 5

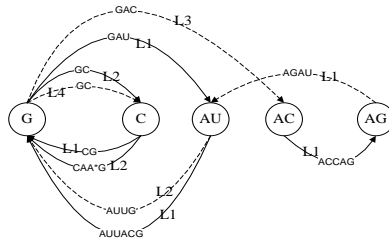
- Pencarian sirkuit Euler (algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn) :

Spanning arborescence yang berakar di titik AG, yaitu :



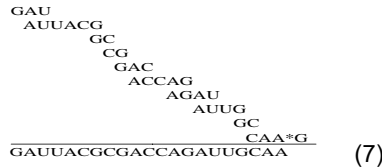
Gambar 39 : Spanning Arborescence untuk graf berarah RNA Gambar 38

Melabeli sisi-sisi berarah yang keluar dari titik-titik pada Gambar 38, yaitu :



Gambar 40 : Pelabelan pada sisi berarah untuk graf berarah RNA Gambar 38

Mencari sirkuit Euler, yaitu dari Gambar 40 dapat dilihat sirkuit Euler yang terbentuk dengan memperhatikan tumpang tindih antar fragmen yaitu :

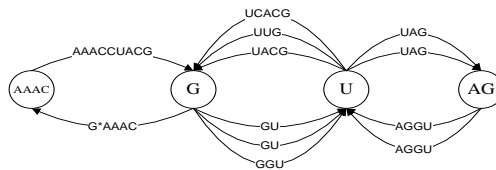


Gambar 41 : Hasil Rekonstruksi Rantai RNA Ke-7 Organisme Human Herpesvirus 5

Potongan rantai RNA ke-8 organisme Human Herpesvirus 5 yang akan direkonstruksi panjangnya adalah 30 yaitu "AAACCUACGUUGGUAGGUCACGUAGGUACG", sehingga

- *G-fragments* = { UAG, G, UACG, AAACCUACG, UUG, G, UAG, G, UCACG } dan
- (U, C)-fragments* = { GU, AGGU, AC, G, AAAC, C, U, AC, GU, U, GGU, AGGU, C, AC }
- *G-fragments* (disubfragmentasi dengan *(U,C)-enzyme*) = { { U - AG }, {G}, { U - AC - G }, { AAAC - C - U - AC - G }, { U - U - G }, {G}, { U - AG }, {G}, { U - C - AC - G } }
- *(U,C)-fragments* (disubfragmentasi dengan *G-enzyme*) = { { G - U }, { AG - G - U }, {AC}, {G}, { AAAC}, {C}, {U}, {AC}, { G - U }, {U}, { G - G - U }, { AG - G - U }, {C}, {AC} }
- Fragmen Abnormal = {G}
- Interior extended bases = { {AC}, {C}, {U}, {AC}, {U}, {C}, {AC}, {G}, {G}, {G} }
- Unsplittable fragmen = { {G}, {G}, {G}, {AC}, {G}, {AAAC}, {C}, {U}, {AC}, {U}, {C}, {AC} }. Diketahui {AAAC} merupakan awal rantai RNA.

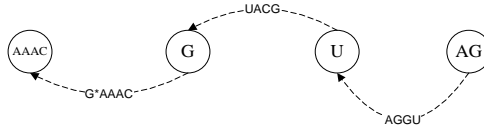
• Graf berarah :



Gambar 42 : Graf Berarah RNA Ke-8 Organisme Human Herpesvirus 5

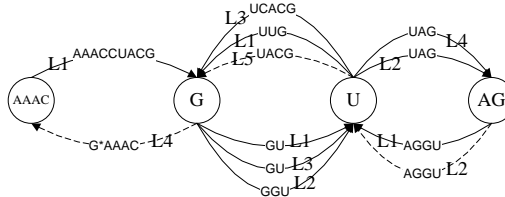
• Pencarian sirkuit Euler (algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn) :

Spanning arborescence yang berakar di titik AG, yaitu :



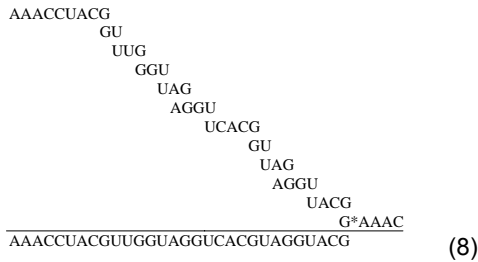
Gambar 43 : Spanning Arborescence untuk graf berarah RNA Gambar 42

Melabeli sisi-sisi berarah yang keluar dari titik-titik pada Gambar 42, yaitu :



Gambar 44 : Pelabelan pada sisi berarah untuk graf berarah RNA Gambar 42

Mencari sirkuit Euler, yaitu dari Gambar 44 dapat dilihat sirkuit Euler yang terbentuk dengan memperhatikan tumpang tindih antar fragmen yaitu :

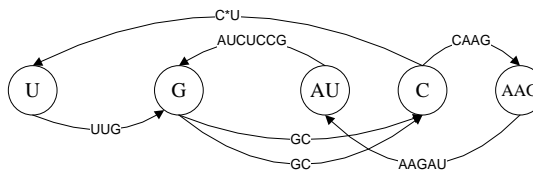


Gambar 45 : Hasil Rekonstruksi Rantai RNA Ke-8 Organisme Human Herpesvirus 5

Potongan rantai RNA ke-9 organisme Human Herpesvirus 5 yang akan direkonstruksi panjangnya adalah 15 yaitu "UUGCAAGAUCUCCGC", sehingga

- G -fragments = { AUCUCCG, C, UUG, CAAG } dan (U, C) -fragments = { AAGAU, C, U, C, C, GC, U, U, GC }
- G -fragments (disubfragmentasi dengan (U, C) -enzyme) = { { AU - C - U - C - C - G }, { C }, { U - U - G }, { C - AAG } }
- (U, C) -fragments (disubfragmentasi dengan G -enzyme) = { { AAG - AU }, { C }, { U }, { C }, { C }, { G - C }, { U }, { U }, { G - C } }
- Fragmen Abnormal = { C }
- Interior extended bases = { { C }, { U }, { C }, { C }, { U } }
- Unsplittable fragmen = { { C }, { C }, { U }, { C }, { C }, { U }, { U } }. Diketahui { U } merupakan awal rantai RNA.

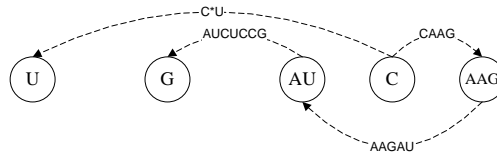
• Graf berarah :



Gambar 46 : Graf Berarah RNA Ke-9 Organisme Human Herpesvirus 5

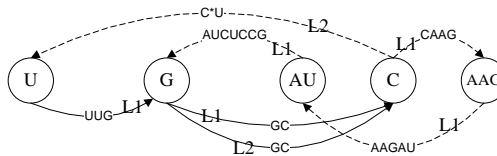
• Pencarian sirkuit Euler (algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn) :

Spanning arborescence yang berakar di titik C, yaitu :



Gambar 47 : Spanning Arborescence untuk graf berarah RNA Gambar 46

Melabeli sisi-sisi berarah yang keluar dari titik-titik pada Gambar 46, yaitu :



Gambar 48 : Pelabelan pada sisi berarah untuk graf berarah RNA Gambar 46

Mencari sirkuit Euler, yaitu dari Gambar 48 dapat dilihat sirkuit Euler yang terbentuk dengan memperhatikan tumpang tindih antar fragmen yaitu :

$$\begin{array}{r}
 \text{UUG} \\
 \text{GC} \\
 \text{CAAG} \\
 \text{AAGAU} \\
 \text{AUCUCCG} \\
 \text{GC} \\
 \text{C*U} \\
 \hline
 \text{UUGCAAGAUCUCCGC} \quad (9)
 \end{array}$$

Gambar 49 : Hasil Rekonstruksi Rantai RNA Ke-9 Organisme Human Herpesvirus 5

Dari keseluruhan proses, diperoleh hasil rekonstruksi potongan-potongan rantai RNA organisme Human Herpesvirus 5 yang sama dengan rantai aslinya yaitu pada persamaan (1), (2), (3), (4), (5), (6), (7), (8), dan (9) dengan mencari sirkuit Euler pada graf berarah RNA yang terbentuk menggunakan algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn. Dari persamaan potongan-potongan rantai RNA organisme Human Herpesvirus 5 tersebut jika disatukan kembali menjadi rantai RNA organisme Human Herpesvirus 5 yang utuh akan menjadisebagai berikut:

AUG CUG UCG GUG AUG GUC UCU UCC UCU CUG GUC CUG AUC GUC UUU CUU CUA GGC	(1)
CUA GGC GCU UCC GAG GAG GCG AAG CCG GCG ACG ACG AUA	(3)
ACG AUA AAG AAU ACA AAG CCG CAG UGU CGU CCA GAG GAU UAC GCG	(2)
GAU UAC GCG ACC AGA UUG CAA	(7)
UUG CAA GAU CUC CGC	(9)
CUC CGC GUC ACC UUU CAU CGA GUA AAA CCU	(4)
AAA CCU ACG UUG GUA GGU CAC GUA GGU ACG	(8)
GGU ACG GUU UAU UGC GAC GGU CUU UCU	(6)
CUU UCU UUU CCG CGU GUC GGC UAG	(5)
AUG CUG UCG GUG AUG GUC UCU UCC UCU CUG GUC CUG AUC GUC UUU CUU CUA GGC GCU UCC GAG GAG GCG AAG CCG GCG ACG ACG AUA AAG AAU ACA AAG CCG CAG UGU CGU CCA GAG GAU UAC GCG ACC AGA UUG CAA GAU CUC CGC GUC ACC UUU CAU CGA GUA AAA CCU ACG UUG GUA GGU CAC GUA GGU ACG GGU UAU UGC GAC GGU CUU UCU UUU CCG CGU GUC GGC UAG	

Gambar 50 : Penyatuan Kembali Potongan-Potongan Rantai RNA Organisme Human Herpesvirus 5 Sehingga menjadi Rantai RNA Organisme Human Herpesvirus 5 yang Utuh.

3.4. Algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn dalam Mencari Sirkuit Euler pada Graf Berarah untuk Merekonstruksi Rantai *RNA* dari *G-fragments* dan *(U, C)-fragments*

Berdasarkan Subbab 3.2. dan 3.3. maka merekonstruksi rantai *RNA* dari *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* menggunakan algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn dalam mencari sirkuit Euler pada graf berarah sehingga memperoleh urutan susunan barisan rantai *RNA* yang sama dengan rantai *RNA* asli, yaitu:

1. Mulai
2. Input panjang barisan rantai *RNA* asli.
3. Input *G-fragments* dan *(U, C)-fragments*.
4. Subfragmentasikan *G-fragments* dan subfragmentasikan *(U, C)-fragments*, sehingga diperoleh *extended bases*.
5. Tentukan fragmen abnormal, pada tahap ini diperoleh fragmen yang merupakan akhir dari rantai *RNA*.
6. Dari *extended bases*, tentukan *interior extended bases*.
7. Dari *extended bases*, tentukan *unsplittable fragments* serta bandingkan dengan *interior extended bases*; pada tahap ini diperoleh fragmen yang merupakan awal dari rantai *RNA*.
8. Bangun graf berarah *RNA*.
9. Pencarian sirkuit Euler pada graf berarah *RNA*, yaitu :
 - Bentuk *spanning arborescence* berakar disatu titik yang berkorespondensi dengan urutan susunan fragmen-fragmen rantai *RNA* asli.
 - Beri label pada sisi-sisi berarah yang keluar dari tiap titik-titik graf berarah *RNA* yang berkorespondensi dengan urutan susunan fragmen-fragmen rantai *RNA* asli.
 - Cari sirkuit Euler dimulai dari titik dan sisi berarah yang merupakan fragmen awal rantai *RNA* asli serta berakhir pada titik awal dan sisi berarah yang merupakan fragmen akhir atau fragmen abnormal sehingga hasil akhir sirkuit Euler memperoleh urutan susunan fragmen-fragmen rantai *RNA* asli.
 - Jika hasil akhir sirkuit Euler tidak memperoleh urutan susunan fragmen-fragmen rantai *RNA* asli maka tahap pembentukan *spanning arborescence* diulang kembali sampai memperoleh hasil akhir sirkuit Euler. Dan saat hasil akhir sirkuit Euler masih tidak memperoleh urutan susunan fragmen-fragmen rantai *RNA* asli, maka antara urutan susunan fragmen-fragmen rantai *RNA* asli dengan *spanning arborescence* yang dibentuk serta memberi label pada sisi-sisi berarah tidak saling berkorespondensi. Untuk itu maka panjang dari barisan rantai *RNA* asli perlu dipotong kembali.
 - Setelah memperoleh hasil akhir sirkuit Euler yaitu urutan susunan fragmen-fragmen rantai *RNA* asli maka selanjutnya dari fragmen-fragmen tersebut

disatukan dengan memperhatikan tumpang tindih antar fragmen-fragmen yang bertetangga sehingga memperoleh urutan susunan rantai *RNA* asli. Selesai.

IV. KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian, dapat disimpulkan bahwa merekonstruksi rantai *RNA* dari *G-fragments* dan *(U,C)-fragments* dengan menggunakan algoritma van Aardenne-Ehrenfest dan de Bruijn dalam mencari sirkuit Euler pada graf berarah dapat memperoleh urutan susunan barisan rantai *RNA* yang sama dengan rantai *RNA* asli.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Agustina, Dwi dkk., *Peranan RNA interference pada Embryonic Stem Cell*, 2011, CDK, 186,38, No 5.
- [2] Chartrand, G. Lesniak, L., *Graphs & Digraphs, Second Edition*, Wadsworth & Brooks/Cole, 1986, California.
- [3] Eiselt, HA. Gendreau, M. Laporte, G., *Arc routing problem, Part 1: The Chinese postman problem*, 1995, Operat Res 43(2): 231-242.
- [4] Gen Bank, NCBI (<http://www.NCBI.com>), Diakses: 19 September 2016.
- [5] Noorzaman, G., *Studi Implementasi Teori Graf dalam Rekonstruksi Rantai RNA dari Intisari Enzim Lengkapnya*, ITB, 2007, Bandung.