

# PROGRAM PENDETEKSIAN DISTRIBUSI PEWARISAN GENOTIP SUATU POPULASI UNTUK TIPE PEWARISAN AUTOSOMAL DENGAN METODE QR

Ernawati<sup>(1)</sup>, Joko Purwadi<sup>(2)</sup>

## Abstrak:

In Linear Algebra, finding eigenvalues of a big size matrix is not easy to do manually. Many problems in numerical applications need this eigenvalues. One of them is related with Genetics Science in detecting genotype inheritance distribution of a population. New ideas of computerized breeding program are being developed. This system only can be use by researchers who at the minimum requirement knows about genotype inheritance in Genetics Basis.

This research tried to design a program to plan the exact breeding by considering the genotypes of the parents that is breed, to get future genotypes of the offspring distribution that is suitable with the user's prospects. QR Method as one of the Numerical Method is implemented to find the eigenvalues needed in this case.

The result of this research is a program that implemented QR Method in detecting genotype inheritance distribution of a population for Autosomal inheritance type. The program output are table and graph percentage comparison between genotype distribution of the early population with the predicted generation.

**Kata Kunci :** *eigenvalues, genotype inheritance, QR Method, Autosomal inheritance, X-linked inheritance*

## 1. Pendahuluan

Persoalan memprediksi distribusi pewarisan genotip dari generasi ke generasi merupakan salah satu aplikasi aljabar linier yang berhubungan dengan Ilmu Genetika. Salah satu proses penyelesaian masalah ini melibatkan pencarian nilai eigen pada matriks berukuran besar. Pencarian nilai eigen dalam aljabar linier cukup sulit dilakukan, apalagi untuk matriks yang berukuran besar dan dikerjakan secara manual.

Untuk mengatasi persoalan di atas, maka pencarian nilai eigen akan dicoba dengan menggunakan komputer sebagai alat bantu, sehingga masalah kecepatan hitung dan ketelitian dapat diabaikan. Metode QR sebagai salah satu metode numerik akan dipakai untuk mencari nilai eigen suatu matriks.

Pendeteksi distribusi pewarisan genotip dalam karya ilmiah ini menggunakan metode QR karena selain keakuratan nilai eigen yang diperoleh, metode ini juga cocok untuk matriks berukuran besar dan dapat mencari semua nilai eigen yang ada. Metode ini diharapkan mampu menyelesaikan salah satu masalah dalam mendeteksi distribusi pewarisan genotip suatu populasi.

## 2. Landasan Teori

### 2.1 Metode Numerik

Metode numerik adalah teknik untuk menyelesaikan permasalahan-permasalahan yang diformulasikan secara sistematis dengan cara operasi hitungan (*arithmetic*). Metode numerik telah berkembang dengan pesat dan mampu menyelesaikan permasalahan dalam berbagai bidang. Berbagai masalah yang ada digambarkan dalam bentuk matematik dari berbagai fenomena yang berpengaruh. Biasanya, fenomena tersebut disederhanakan, namun permasalahan tersebut sering tidak bisa diselesaikan secara analitis. Oleh karena itu, diperlukan metode numerik untuk menyelesaikannya.

---

<sup>1(1)</sup> Ernawati, Mahasiswa Program Studi Teknik Informatika Fakultas Teknik Universitas Kristen Duta Wacana.

<sup>2(2)</sup> Joko Purwadi, S.Kom., M.Kom., Dosen Teknik Informatika, Fakultas Teknik, Universitas Kristen Duta Wacana

## 2.2 Metode QR

Metode QR merupakan salah satu metode numerik untuk mencari semua nilai eigen yang ada dalam sebuah matriks kuadrat. Jika A adalah matriks yang akan dicari nilai eigen-nya, maka pencarian eigen menggunakan metode QR dapat dilakukan dengan 4 langkah. Pertama, melakukan *QR-decomposition*  $A=QR$ . Kedua, mengalikan matriks R dan Q. Ketiga, menemukan nilai eigen aproksimasi dari entri-entri dari diagonal utamanya. Keempat, menghitung kesalahan relatif nilai eigen aproksimasi. Jika kesalahan relatif aproksimasi semua nilai eigen kurang dari *error* (galat) tertentu atau telah mencapai jumlah iterasi yang ditentukan, maka nilai eigen aproksimasi tersebutlah yang akan menjadi nilai eigennya. Jika tidak, maka ulangi langkah pertama dan seterusnya.

## 2.3 Tipe-Tipe Pewarisan Sifat Autosomal

Tipe pewarisan *Autosomal* ialah tipe pewarisan sifat keturunan yang ditentukan oleh gen pada *Autosom*, sehingga dapat dijumpai pada jantan maupun betina karena keduanya mempunyai *Autosom* yang sama. Tata cara pewarisan genotip tipe ini adalah bahwa satu individu mewariskan satu gen dari tiap induknya untuk membentuk pasangan gen tersendiri. Jika induk yang satu memiliki 2 gen yang berbeda, maka keturunan akan menerima salah satu dari kedua gen itu dengan probabilitas yang sama. Macam keturunan yang dihasilkan pada suatu persilangan dapat dijelaskan menggunakan kuadrat *punnet*. Penentuan fenotip untuk ketiga tipe Autosomal berbeda seperti yang tampak pada Tabel berikut:

Tabel 1. Tipe Pewarisan Sifat Autosomal

Tipe Pewarisan	AA	Aa	aa
Autosomal Dominan Lethal	Lethal	Tak Normal	Normal
Autosomal Dominan Tak Lethal	Normal	Normal	Tak Normal
Autosomal Resesif Lethal	Normal	Tak Normal	Lethal

## 2.4 Penerapan Metode QR dalam Predikasi Distribusi Pewarisan Genotip

Proses penerapan metode QR dalam memprediksi distribusi pewarisan genotip tipe Autosomal secara garis besar dilakukan dengan urutan langkah sebagai berikut.

- Langkah 1 : Temukan semua genotip individu yang mungkin.
- Langkah 2 : Temukan semua pasangan genotipe induk yang mungkin disilangkan.
- Langkah 3 : Hitung probabilitas dari semua genotipe keturunan untuk semua pasangan genotipe induk yang mungkin, sehingga membentuk sebuah tabel probabilitas.
- Langkah 4 : Cari matriks M, yakni matriks yang entri-entrinya berisi probabilitas semua genotipe keturunan untuk genotipe induk yang diteliti.
- Langkah 5 : Cari nilai eigen dari matriks M dengan menggunakan Metode QR
- Langkah 6 : Cari vektor eigen untuk tiap nilai eigen yang bersesuaian
- Langkah 7 : Lakukan diagonalisasi terhadap matriks  $M = PDP^{-1}$ .
- Langkah 8 : Hitung matriks  $x^{(n)} = PD^n P^{-1} x^{(0)}$  yang merupakan formula pendeteksian distribusi genotipe keturunan untuk generasi ke-n.
- Langkah 9 : Transformasi distribusi genotip populasi awal dan hasil prediksi dalam satuan persen dan hitung naik/turun hasil perbandingannya.

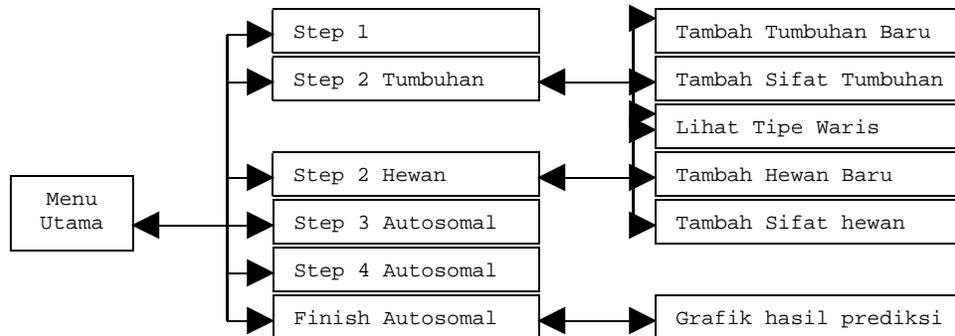
## 3. Analisis dan Perancangan Sistem

### 3.1 Pemilihan Bahasa Pemrograman

Sistem yang akan dibuat dalam penelitian ini menggunakan bahasa pemrograman Visual Basic 6.0. Lingkungan pemrograman Visual Basic mengandung semua sarana yang dibutuhkan sistem, seperti bekerja dengan *array* (larik), mengelola *database Access*, berbagai fungsi numerik, pembuatan antarmuka dengan banyak pilihan *tools* yang tersedia, dan sebagainya.

### 3.2 Perancangan Form

Form yang akan dirancang dalam sistem ini berjumlah 13 buah. Secara garis besar ada 3 bagian perancangan *form*, yaitu perancangan Form 'Menu', Form 'Input', dan Form 'Output'. Berikut rancangan arsitektur sistem untuk semua *form* yang ada.



Gambar 1. Arsitektur Sistem

### 3.3 Algoritma Program

Rancangan proses dalam penelitian ini akan dituangkan dalam algoritma-algoritma program. Inti program yang akan dirancang terdapat pada Form 'Menu' di Tombol 'Step 3' dan 'Finish'. Berikut pembahasannya.

#### a) Algoritma Tombol 'Step 3'

1. *Setting format* judul Tabel Genotip Populasi di Form 'Step 3 Autosomal'
2. Cari jumlah genotip individu sementara yang mungkin
3. Cari genotip dan fenotip individu sementara yang mungkin
4. Ubah genotip sementara ke genotip individu yang sesungguhnya
5. Tampilkan genotip dan fenotip *real* pada Tabel Genotip Individu yang Mungkin di Form 'Step 3 Autosomal'
6. Jalankan dan tampilkan Form 'Step 3 Autosomal'

#### b) Algoritma Tombol 'Finish'

1. Hitung jumlah dan cari pasangan genotip induk yang mungkin
2. Cari semua probabilitas genotip induk terhadap genotip keturunan
3. Cari matriks M
4. Cari nilai eigen dari matriks M dengan menggunakan Metode QR
5. Cari vektor eigen untuk tiap nilai eigen yang bersesuaian
6. Lakukan diagonalisasi terhadap matriks M
7. Hitung matriks  $x^{(n)} = PD^n P^{-1} x^{(0)}$
8. *Setting format* judul Tabel Hasil Prediksi di Form 'Finish Autosomal'
9. Tampilkan genotip dan fenotip individu yang mungkin pada Tabel Hasil Prediksi di Form 'Finish Autosomal'
10. Tampilkan hasil prediksi di *grid* Form 'Finish Autosomal'
11. Jalankan dan tampilkan Form 'Finish Autosomal'

## 4. Implementasi Dan Analisis Sistem

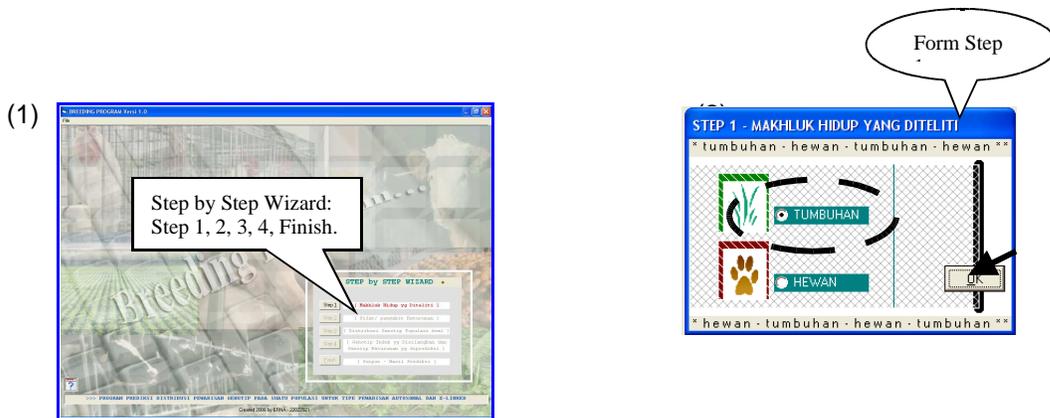
### 4.1 Pengujian Sistem

Kasus pengujian tipe pewarisan *Autosomal* yang akan diuji adalah sifat warna bunga pada tanaman Perdu untuk 2 generasi yang akan datang dan persilangan yang terjadi adalah antar bunga-bunga yang bergenotip sama. Berikut adalah langkah-langkah pengujian dalam implementasi *form*.

Langkah 0: Tampilan awal program (1).

Langkah 1: Tekan Tombol 'Step 1' untuk menuju ke Form 'Step 1'.

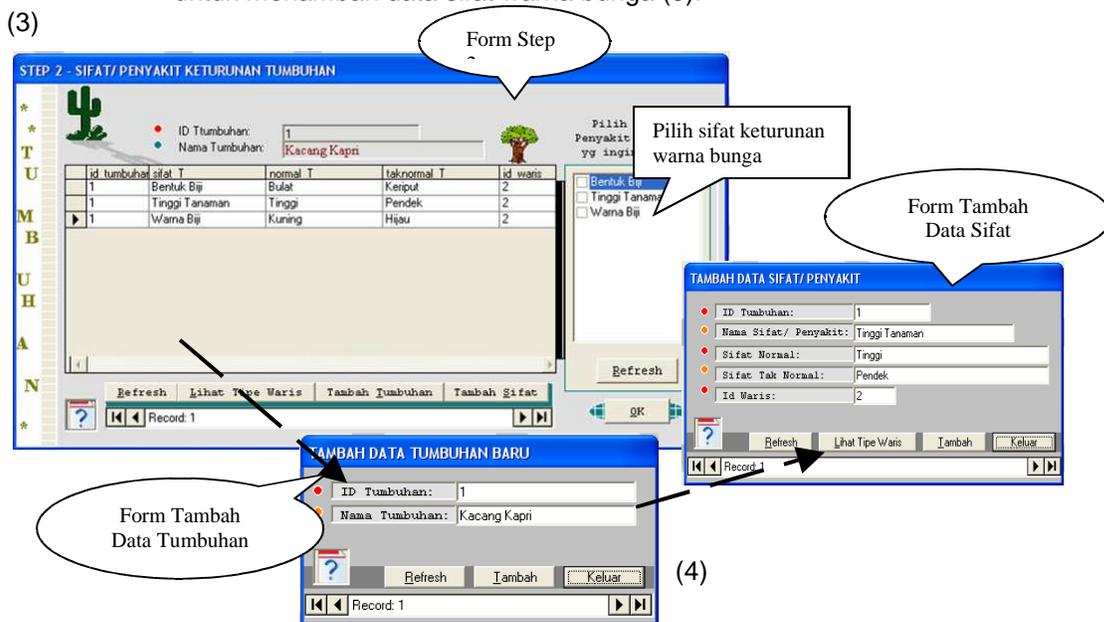
Langkah 2: Pilih makluk hidup tumbuhan, lalu tekan Tombol 'OK' (2).



Gambar 2. Langkah 1 dan 2

Langkah 3: Tekan Tombol 'Step 2' untuk menuju ke Form 'Step 2 Tumbuhan'.

Langkah 4: Pilih tanaman Perdu dengan sifat warna bunga, lalu tekan Tombol 'OK' (3). Jika tidak ada data tanaman Perdu dalam tabel, maka tekan Tombol 'Tambah Tumbuhan' untuk menambah data tumbuhan Perdu (4). Lalu, tekan Tombol 'Tambah Sifat' untuk menambah data sifat warna bunga (5).



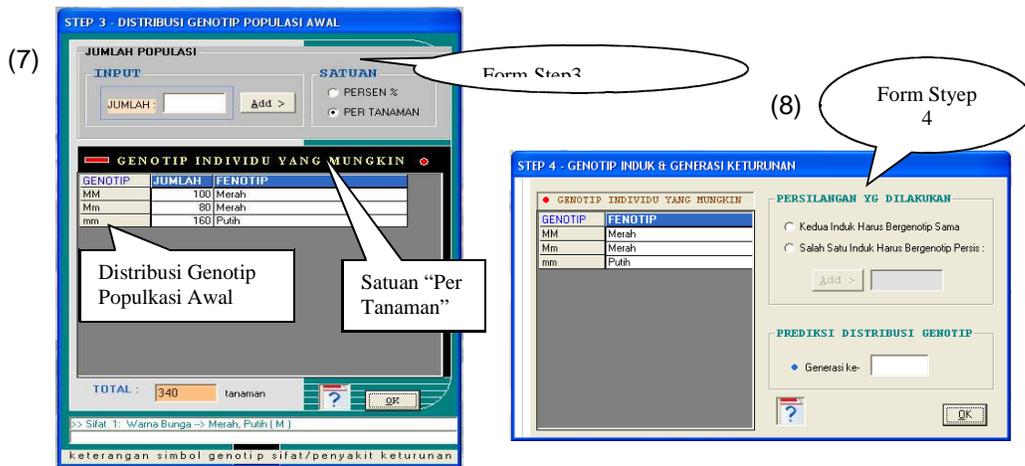
Gambar 3. Langkah 3 dan 4

Langkah 5: Tekan Tombol 'Step 3' menuju ke Form 'Step 3'.

Langkah 6: Pilih satuan populasi, yakni per tanaman. Lalu, masukkan (misal) distribusi genotip populasi awal 100 **MM**, 80 **Mm**, 160 **mm**. Tekan Tombol 'OK'. (7)

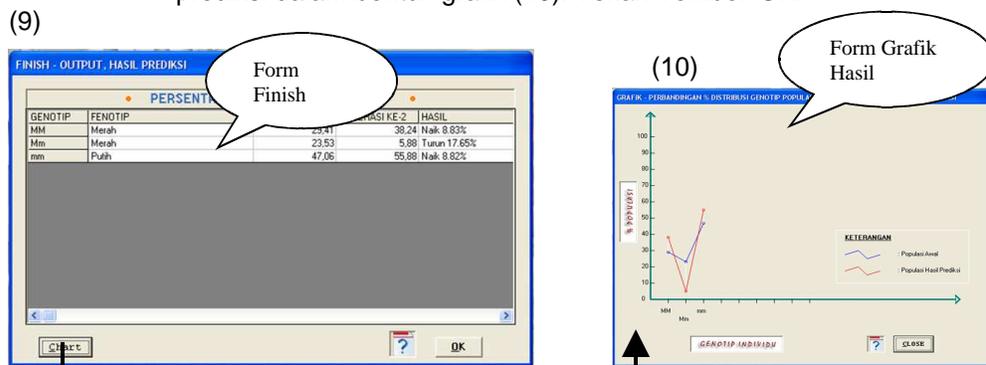
Langkah 7: Tekan Tombol 'Step 4' untuk menuju ke Form 'Step 4'.

Langkah 8: Pilih genotip induk silang, yakni kedua induk harus bergenotip sama. Kemudian, masukkan generasi keturunan ke-2. Tekan 'OK'. (8)



Gambar 4. Langkah 7 dan 8

Langkah 9: Tekan Tombol 'Finish' untuk menuju ke Form 'Finish'.  
 Langkah 10: Hasil prediksi diperoleh di Form 'Finish' (9). Tombol 'Chart' untuk melihat hasil prediksi dalam bentuk grafik (10). Tekan Tombol 'OK'



Gambar 5. Langkah 9 dan 10

#### 4.2 Analisa Sistem

Pengujian kasus di atas menunjukkan bahwa hasil distribusi genotip pada generasi ke-2 yaitu **MM** 38%, **Mm** 6% dan **mm** 56%. Jika pada kasus yang sama dilakukan prediksi genotip keturunan untuk generasi yang lebih jauh, misalnya generasi ke-4, 6, 8, 10, maka akan diperoleh persentase genotip **MM** yang makin bertambah hingga mencapai 41%, **Mm** berkurang hingga 0%, dan **mm** bertambah hingga 59%. Naik turunnya persentase distribusi genotip populasi hasil prediksi berlangsung secara monoton naik atau turun hingga mencapai nilai yang stabil. Hasil detail dari distribusi genotip ini tampak pada tabel berikut:

Tabel 2. Distribusi genotip

Genotip Keturunan	% Keturunan Generasi Ke-				
	Awal	4	6	8	10
MM	29.41	40.44	40.99	41.13	41.16
Mm	23.53	1.47	0.37	0.09	0.02
mm	47.06	47.06	58.64	58.78	58.81

Jika distribusi genotip populasi awal pada kasus pengujian 1 diubah menjadi **MM** sebanyak 50%, **Mm** sebanyak 50% dan **mm** sebanyak 0%, maka akan diperoleh genotip **MM** makin bertambah hingga mencapai 75%, **Mm** berkurang hingga mencapai 0%, **mm** bertambah hingga mencapai 25%. Hasil detail tampak pada tabel berikut:

Tabel 3. Hasil detail distribusi genotip

Genotip Keturunan	% Keturunan Generasi Ke-					
	Awal	2	4	6	8	10
MM	50	68.75	73.44	74.61	74.9	74.98
Mm	50	12.5	3.12	0.78	0.2	0.05
mm	0	18.75	23.44	24.61	24.9	24.98

Dengan distribusi genotip populasi awal yang berbeda pada kedua penujian kasus di atas, hasil distribusi genotip yang diperoleh memiliki suatu keunikan, yakni genotip **Mm** akan selalu turun hingga mencapai 0%. Hal ini menunjukkan bahwa untuk tipe pewarisan *Autosomal* dominan tak *lethal* dengan 1 beda sifat, jika genotip induk yang disilangkan adalah kedua induk bergenotip sama, maka persentase genotip **Mm** sedikit sekali/tidak akan muncul pada generasi yang akan datang, walaupun distribusi populasi awal berbeda untuk setiap kasus.

Jika dilakukan persilangan induk yang salah satunya bergenotip **Mm** pada kasus ini, maka distribusi pewarisan genotip tidak dapat diprediksi. Hal ini dikarenakan pencarian matriks invers  $P^{-1}$  dalam mendiagonalisasi matriks awal, yang merupakan salah satu proses dalam penyelesaian kasus tersebut tidak dapat dilakukan. Jadi, tidak semua kasus tipe pewarisan *Autosomal* yang ada dapat diprediksi oleh sistem ini.

## 5. Kesimpulan dan Saran

### 5.1 Kesimpulan

- Secara umum pada tipe pewarisan *Autosomal*, naik turunnya persentase distribusi genotip populasi hasil prediksi dari generasi ke generasi berlangsung secara monoton naik atau turun hingga mencapai nilai yang stabil.
- Makin jauh generasi keturunan yang diprediksi, maka hasil prediksi tipe pewarisan *Autosomal* akan makin mendekati distribusi genotip secara teoritis.
- Kasus tipe pewarisan *Autosomal* dengan salah satu induk silang bergenotip **Aa**, **AaBB**, **AaBb**, **Aabb**, dan **aaBb** tidak dapat diprediksi.

### 5.2 Saran

Adapun saran yang diajukan untuk pengembangan sistem ini, yakni membuat sistem pendeteksian untuk kasus tipe pewarisan keturunan yang lain dari sistem ini. Misalnya, tipe pewarisan yang disebabkan oleh kromosom Y, interaksi gen, poligen, kodominasi, dan x-linked, dan sebagainya. Diharapkan dengan tipe pewarisan yang lebih banyak, dapat dilakukan prediksi berbagai kasus pewarisan sifat/penyakit keturunan.

## 6. Daftar Pustaka

- Allen III, Myron B. dan Eli L. Isaacson. *Numerical Analysis For Applied Science*. Canada: John Willwy& Sons, Inc., 1998.
- Anton, Howard dan Chris Rorres. *Elementary Linear Aljabra: Applications version, Eighth Edition*. Canada: John Wiley & Son, Inc., 2000.
- Anton, Howard dan Chris Rorres, *Elementary Linear Aljabra, third edition*. Terj. Pantur Silaban, Ph.D, Erlangga, Jakarta, 1991.
- Nurhadi, Bambang. *Genetika Dasar*. Bandung: CV Armico, 1984.
- Pai, Anna C. *Foundations of Genetics*. Terj. Dr. Muchidin Apandi, M.Sc.. Jakarta: Erlangga, 1992.
- Stansfield, Ph.D., William D. *Theory and Problems of Genetics, Second Edition*. Terj. Dr. Machidin Apandi dan Dra. Lanny T. Hardy. Jakarta: Erlangga, 1991.
- Suryo. *Genetika Manusia, cet4*. Yogyakarta: Gajah Mada University Express, 1994.