APLIKASI LOGIKA MATEMATIKA PADA ALJABAR UNTAIAN DNA DALAM PROSES HIBRIDISASI

APPLICATION OF MATHEMATICAL LOGIC ON DNA STRAND ALGEBRA IN HYBRIDIZATION PROCESS

Isah Aisah, Fujia Nur Fadilah, Moch. Suyudi
Departemen Matematika FMIPA UNPAD
isah.aisah@unpad.ac.id

ABSTRAK

Logika matematika adalah sebuah cabang matematika yang merupakan gabungan dari ilmu logika dan ilmu matematika. Logika matematika memberikan landasan bagaimana cara menyimpulkan. Hal yang paling penting dalam mempelajari logika matematika adalah kemampuan dalam mengambil dan menentukan kesimpulan yang benar atau salah. Materi logika matematika yang dipakai di antaranya disjungsi, konjungsi, tautologi, modus ponen. Sementara itu, DNA adalah makromolekul yang menyimpan segala informasi biologis yang sangat berperan dalam kehidupan organisme hidup. DNA tersusun atas tiga macam molekul, yaitu gula pentosa (*deoksiribosa*), asam fosfat, dan basa nitrogen. Dalam pembentukan DNA, terdapat berbagai proses yang terjadi di antaranya sintesis protein, replikasi DNA, dan proses hibridisasi yang diperlukan untuk membentuk ikatan antara DNA dengan DNA. Dengan logika matematika dan metode perluasan modus ponen pada proses hibridisasi, proses tersebut dapat disederhanakan. Pada artikel ini, dibahas aplikasi logika matematika dalam untai DNA pada proses hibridisasi.

Kata kunci: DNA, logika matematika, hibridisasi, modus ponen

ABSTRACT

Mathematical logic is a branch of mathematics which is a combination of the science of logic and mathematics. Mathematical logic is to provide a basis on how to draw conclusions. The most important thing in studying mathematical logic is the ability to take and determine which conclusions are right or wrong. Mathematical logic materials used to include, disjunction, conjunction, tautology, modus ponens. DNA is a macro molecule that stores all biological information that plays a role in the life of living organisms. DNA is composed of kind molecules, namely pentose sugar (deoxyribose), phosphoric acid, and nitrogen base. In the formation of DNA there are various processes that occur such as protein synthesis, DNA replication and hybridization process to form a bond between DNA and DNA. Using mathematical logic and modus ponens expansion methods in the hybridization process makes it easy to simplify the hybridization process. In this paper will be discussed application of mathematical logic on DNA strands in hybridization process.

Keywords*:* *DNA, mathematical logic, hybridization, ponen modus*

PENDAHULUAN

Deoxyribonucleic acid atau DNA adalah makromolekul yang sangat berperan dalam kehidupan semua jenis organisme hidup. DNA merupakan suatu asam nukleat yang menyimpan segala informasi biologis yang unik dari setiap makhluk hidup dan beberapa virus. Struktur kimianya berupa makromolekul kompleks yang terdiri atas tiga macam molekul, yaitu gula pentosa

(deoksiribosa), asam fosfat, dan basa nitrogen (Sasrawan, 2013). Dalam pembentukan DNA, terdapat berbagai proses yaitu sintesis protein, replikasi DNA, dan proses hibridisasi. Untuk membentuk suatu ikatan antara DNA dengan DNA, diperlukan proses hibridisasi. Proses hibridisasi adalah pembentukan ikatan dupleks stabil antara dua rangkaian nukleotida yang saling komplementer melalui perpasangan basa nitrogen (Oliver SG & Ward JM, 1985).

Melalui proses hibridisasi DNA, banyak peneliti yang telah mengembangkan penemuan DNA yang dapat diaplikasikan di bidang lain selain ilmu biologi, seperti pada 1994, Leonard M. Adleman merumuskan komputasi DNA untuk menyelesaikan masalah matematika komputasi yaitu *Hamiltonian path problem*. Cardelli (2009) memperkenalkan bentuk aljabar (logika matematika) untuk merepresentasikan proses hibridisasi pada komputasi DNA. Pada artikel ini, diaplikasikan logika matematika pada aljabar untaian DNA dalam proses hibridisasi.

Genetika

Dalam genetika, dikenal beberapa istilah seperti DNA, RNA, dan sintesis protein. Asam deoksiribonukleat (*deoxyribonucleic acid*, DNA) merupakan persenyawaan kimia yang sangat penting bagi makhluk hidup. DNA membawa keterangan genetik dari sel khususnya atau makhluk hidup dalam keseluruhannya (Suryo, 2001 : 57). Masih menurut Suryo (2001:59), DNA terdiri atas tiga macam molekul, yaitu

1. gula pentosa, yang dikenal dengan deoksiribosa,
2. asam pospat,
3. basa nitrogen, dibedakan atas primidin yang terdiri atas *cytosine* (C) dan *thymine* (T) serta purin yang terdiri atas *adenine* (A) dan *guanine* (G).

Sebuah kompleks basa-gula disebut sebagai sebuah nukleosida. Sebuah nukleosida dan pospat disebut sebagai nukleotida (Elrod dan Stansfield, 2007 : 53). DNA hanya ditemukan di dalam nukleus. Struktur DNA adalah semacam pita yang berpilin ganda yang kemudian disebut heliks ganda. Heliks ganda merupakan struktur berdimensi tiga DNA yang ditemukan oleh Watson dan Crick. “Basa-basa bernitrogen pada heliks ganda dipasangkan dalam kombinasi yang spesifik :*adenine* (A) dengan *thymine* (T), dan *guanine* (G) dengan *cytosine* (C)” (Campbell *et al.*, 2008 : 335).

Selain DNA, terdapat asam nukleat lain yang juga sangat penting, yakni asam ribonukleat (*ribonucleic acid*, RNA). Seperti halnya DNA, RNA terdiri atas tiga macam molekul, yakni gula pentosa, asam pospat, dan basa nitrogen. Perbedaan DNA dan RNA salah satunya terletak pada basa primidinnya. Basa pirimidin pada DNA terdiri atas sitosin dan timin sedangkan basa pirimidin pada RNA terdiri atas sitosin dan urasil (U)(Suryo, 2001 : 78).

Berdasarkan lokasi dan fungsinya, RNA dibedakan dalam tiga kategori. Ketiga kategori tersebut diuraikan sebagai berikut (Suryo, 2001 : 80 dan Marks, *et al.*, 2005 : 249).

1. RNA duta (RNA-d).
   RNA duta atau RNA-d terletak di dalam nukleus dan dibuat (dicetak) oleh DNA dalam suatu proses yang dinamakan transkripsi. RNA-d berfungsi membawa keterangan genetik yang diterimanya dari DNA, yakni sebuah informasi untuk membentuk protein
2. RNA transfer (RNA-t).
   RNA transfer atau RNA-t dicetak di dalam nukleus dan sebelum menempatkan diri di dalam sitoplasma. RNA-t mempunyai tugas mengikat asam amino di dalam sitoplasma.
3. RNA ribosom (RNA-r).

RNA-r dibuat dalam nukleus dan berlokasi di dalam ribosom. RNA-r merupakan tempat pertemuan antara RNA-d dan RNA-t pada saat sintesis protein

Sintesis Protein

Protein berfungsi dalam banyak aspek kehidupan selular dan terdapat ribuan atau bahkan puluhan ribu protein berbeda dalam sebuah sel tunggal. Enzim yang mempercepat banyak reaksi kimia dalam sel terbuat dari rantai-rantai protein. Sejumlah hormon, misalnya insulin, juga terbuat dari protein (Elrod dan Stansfield, 2002: 55 - 56).

Terdapat dua tahapan dalam pembentukan protein yang secara keseluruhan disebut sintesis protein (Elrod dan Stansfield, 2002 : 61- 62).

1. Transkripsi.
   Tahap pertama pembentukan protein adalah transkripsi DNA menjadi molekul RNA-d. Proses tersebut dilaksanakan oleh enzim RNA polimerase. Enzim ini melekat ke DNA pada sekuens nukleotida spesifik yang disebut promotor. Promotor merupakan tanda awal dimulainya proses transkripsi
2. Translasi.
   Dalam tahap ini, terjadi penerjemahan sekuens nukleotida menjadi sekuens asam amino protein.

Hibridisasi

Hibridisasi adalah pembentukan ikatan dupleks stabil antara dua rangkaian nukleotida yang saling komplementer melalui perpasangan basa nitrogen. Hibridisasi dapat menunjukkan suatu keseragaman sekuens. Pasangan DNA–DNA, DNA–RNA atau RNA–RNA dapat terbentuk melalui proses ini (Oliver and Ward, 1985).

Hibridisasi DNA terbagi dalam dua kategori, yaitu

1. **Hibridisasi *Southern*.**
   Hibridisasi *Southern* adalah proses perpasangan antara DNA yang menjadi sasaran dan DNA pelacak. Hibridisasi *southern* biasa digunakan untuk melacak adanya DNA yang sesuai dengan pelacak,misalnya untuk mengetahui integrasi transgen di dalam organisme transgenik. Menurut Suharsono dan Widyastuti (2006). berdasarkan prinsipnya, hibridisasi *southern* dibagi ke dalam empat tahap, yaitu (1) fiksasi DNA di membran (nitroselulosa ataunilon); (2) pelabelan pelacak; (3) prehibridisasi dan hibridisasi; dan (4) deteksi hasil hibridisasi.
2. **Hibridisasi *Nothern Blot*.**
   Hibridisasi *Nothern* atau RNA *Blot* secara umum sama seperti *Suothern Blot* yang membedakan adalah sampel yang digunakan yaitu RNA.

Strategi Hibridisasi

Prinsip strategi hibridisasi adalah terjadinya pasangan secara tepat antara dua untai DNA yang komplemen. Menurut Suharsono dan Widyastuti (2006), terdapat tiga komponan utama strategi hibridisasi yaitu DNA pelacak, DNA target, dan deteksi signal.

Tahapan strategi hibridisasi adalah terjadinya pasangan secara tepat antara dua untai DNA yang komplemen ; penambahan DNA pelacak untai tunggal yang telah berlabel pada kondisi tertentu (suhu dan konsentrasi ion) supaya terjadi pasangan antara DNA target dan pelacak; pencucian untuk menghilangkan kelebihan pelacak yang tidak menempel pada DNA target yang spesifik; deteksi adanya hibrid antara DNA target dan pelacak.

Logika Inferensi

Definisi 1. Proposisi adalah kalimat deklaratif yang hanya memiliki satu nilai kebenaran yaitu benar saja atau salah saja, tetapi tidak keduanya. Proposisi dapat pula

dituliskan secara simbolik untuk memudahkan proses manipulasi atau kalkulasi. Pada penulisan simbolik dari proposisi, digunakan huruf kecil seperti *p,q,r,s* dst. Proposisi yang bukan hasil kombinasi dari proposisi-proposisi disebut **atom**.

Definisi 2. (Rachmat, 2004: 33). Pada saat memanipulasi atau mengombinasikan atom, digunakan operator logika atau operator sambung (*connective operator*) yang dilambangkan dengan symbol-simbol berikut. $\sim$ **: '***not*', 'tidak' atau 'negasi'; $\wedge$: '*and*' , 'dan' atau ' konjungsi'; $\vee$: '*or*' , 'atau', atau 'disjungsi'; $\oplus$: '*exclusive or'* ; $\rightarrow$: *'implies'* , 'maka', atau implikasi kondisional ; $\leftrightarrow$: *'if only if (iff),* 'jika dan hanya jika' atau bikondisional.

Definisi 3. (Munir, 2012 : 26 -29). Inferensi adalah proses penarikan kesimpulan dari beberapa proposisi. Dalam kalkulus proposisi, terdapat sejumlah kaidah inferensi yang diuraikan sebagai berikut.

Modus Ponen. Kaidah modus ponen didasarkan tautologi $(p \wedge (p \rightarrow q)) \rightarrow q$, dalam hal ini p dan $p \rightarrow q$ adalah hipotesis, sedangkan q adalah konklusi atau simpulan. Kaidah modus ponen dapat ditulis sebagai

$$\begin{array}{l} p \rightarrow q \\ p \\ \hline \therefore q \end{array}$$

Modus ponen menyatakan bahwa jika hipotesis p dan implikasi $p \rightarrow q$ bernilai benar, konklusi *q* benar

Modus Tollen. Kaidah modus tollen berdasarkan tautologi $[\sim q \wedge (p \rightarrow q)] \rightarrow \sim p$ yang ditulis sebagai

$$\begin{array}{l} p \rightarrow q \\ \sim q \\ \hline \therefore \sim p \end{array}$$

Silogisme Hipotesis. Kaidah Silogisme hipotesis didasarkan tautologi $[(p \rightarrow q) \wedge (q \rightarrow r)] \rightarrow (p \rightarrow r)$ yang ditulis sebagai

$$\begin{array}{l} p \rightarrow q \\ q \rightarrow r \\ \hline \therefore p \rightarrow r \end{array}$$

HASIL DAN PEMBAHASAN

Aljabar DNA

Aljabar DNA dapat didefinisikan sebagai cabang dari aljabar dengan komponen utamanya adalah DNA, *gates* DNA, dan interaksi keduanya (Ray, 2015: 3). Masih mmenurut Ray (2015 : 3), struktur dasar aljabar DNA terdiri atas kode-kode basa nitrogen yaitu C, T, A, G yang berperan sebagai *signal-signal* dan *gates*, dan dua pengombinasi yaitu komposisi paralel $\mathbf{P}||Q$ dan populasi P*. Populasi tak hingga P* memiliki sifat $P^* = P||P^*$. Setiap P terdiri atas banyak himpunan solusi. Hal ini memungkinkan lebih dari satu P yang dibutuhkan dari suatu populasi. *Signal-signal* terdiri atas DNA tunggal oligonukleotida (untai pendek). Misalnya sebut *x* dan *y*. *Signalx, y* diambil dari himpunan terhitung

Definisi 4. Sintaks kombinatorial untai Aljabar (Cardelli, 2009 : 3)

$P ::= x \parallel [x_1,\ldots,x_n].[y_1,\ldots,y_m] \parallel 0 \parallel P_1 \parallel P_2 \parallel P * n \geq 1, m \geq 0$

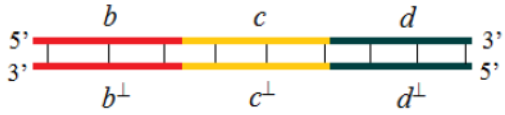
Penjelasan sintaks pada untai aljabar DNA menurut Cardelli (2009 : 3) diuraikan sebagai berikut.

X	:	*Signal*
0	:	*inert*
$P_1 \parallel P_2$	:	Komposisi Pararel
P*	:	Populasi Tak terbatas
$x_1.x_2 = [x_1].[x_2]$	:	*Transducer gate*
$x.[x_1,\ldots,x_m]=$ $[x].[x_1,\ldots,x_n]$	:	*Fork Gate*
$[x_1,\ldots,x_n].x = [x_1,\ldots,x_n].[x]$	:	*Join gate*

Pada aljabar untaian DNA, bagian *input* dari *gate* adalah komplemen Watson-Crick dengan untai *signal* yang bermiripan atau berhubungan (Ray, 2015 : 3).

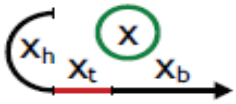
Struktur Aljabar DNA

Menurut Ray (2015 : 3), aljabar DNA memiliki tiga segmen yang dinotasikan dengan huruf b,c,d yang merupakan kode-kode genetik basa nitrogen. Komplemen Watson-Crick untuk untai ini adalah $(b, c, d)^{\perp} = d^{\perp}, c^{\perp}, b^{\perp}$. Ikatan DNA dengan komplemennya disebut sekuens DNA ganda. Gambar 1 menunjukkan sekuens DNA ganda yang dimaksudkan.



Gambar 1. Sekuens DNA Ganda

Secara umum, *signal* x dalam aljabar DNA memiliki tiga segmen yaitu x_h, x_t, dan x_b. Segmen x_h adalah *signal history* yang berfungsi mengakumulasi sekuens DNA pada proses hibridisasi sebelumnya. Segmen x_h bukan merupakan bagian dari *signal* identitas. Segmen x_b adalah *signal binding*, berfungsi untuk mengikat *gate* dan segmen pijakan x_t adalah signal *toehold*, berfungsi sebagai tumpuan untuk melakukan hibridisasi dan dapat melakukan reaksi reversibel dengan *gate* (Ray, 2015 : 4). Untai *signal* yang dimaksudkan, menurut Cardelli (2009 : 4) ditunjukkan pada Gambar 2.



Gambar 2. Untai Signal

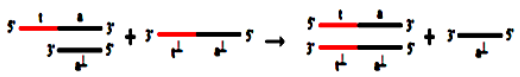
Proses Perpindahan Untai DNA

Perpindahan untai DNA adalah proses satu atau lebih DNA prahibridisasi melengkapi sebagian atau seluruh DNA dengan berhibridisasi satu sama lain. Migrasi cabang adalah proses sebagian sekuens DNA dipasangkan untuk melengkapi DNA dupleks. DNA dupleks adalah DNA heliks ganda atau DNA untai ganda (Ray, 2015: 4).

Menurut Ray (2015:4), perpindahan DNA dapat diawali dengan melengkapi segmen tunggal yang disebut sebagai tumpuan (*toehold)* dan selanjutnya berlangsung proses migrasi cabang. Pada proses perpindahan DNA, setiap huruf t, a, b, c merepresentasikan DNA oligonukleotida dan sekuens komplemennya adalah $t^{\perp}, a^{\perp}, b^{\perp}, c^{\perp}$. Sekuens DNA pendek berhibridisasi reversibel (ikatan yang dapat dibalik) dengan sekuens DNA komplemennya. Sekuens DNA panjang berhibridisasi ireversibel (tidak dapat dibalik). Panjang sebuah sekuens DNA yang tepat bergantung pada kondisi fisik untai DNA tersebut. Huruf yang berbeda menunjukkan oligonukleotida yang tidak berhibridisasi satu sama lain.

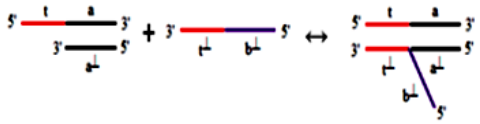
Menurut Ray (2015:5), dalam proses perpindahan DNA, terjadi berbagai bentuk hibridisasi berikut.

1. **Proses Hibridisasi Pertama**.
   Proses pertama menunjukan sekuens DNA ganda dicampur dengan sekuens DNA tunggal. Segmen oligonukleotida *t* merupakan segmen x_t yang memulai pengikatan antara bagian sekuens DNA ganda dengan *input* sekuens DNA tunggal. Setelah mengikat segmen $t^{\perp}$, segmen $a^{\perp}$ bagian dari sekuens DNA tunggal secara bertahap menggantikan segmen $a^{\perp}$ dari bagian sekuens DNA ganda melalui proses migrasi cabang. Setelah ikatan sekuens DNA ganda terbentuk sepenuhnya, segmen $a^{\perp}$ dilepaskan. Hibridisasi ini bersifat ireversibel karena tidak terdapat segmen *toehold* (x_t) untuk ikatan balik. Representasi proses hibridisasi pertama ditunjukkan pada Gambar 3.



Gambar 3. Representasi Proses Hibridisasi Pertama

2. **Proses Hibridisasi Kedua**.
   Proses kedua menunjukkan *input* sekuens DNA tunggal ($t^{\perp}$,$b^{\perp}$) yang merupakan komplemen dari sebagian sekuens DNA ganda. Dengan demikian, tanpa mengganti untai lain, sebagian sekuens *input* berhibridisasi reversibel dengan rangkaian untai ganda). Representasi proses hibridisasi kedua ditunjukkan pada Gambar 4.

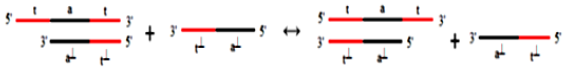


Gambar 4. Representasi Proses Hibridisasi Kedua

3. **Proses Hibridisasi Ketiga**.
   Proses ketiga menunjukkan *input* sekuens DNA tunggal dapat berhibridisasi dengan sebagian sekuens DNA ganda sampai titik tertentu kemudian beralih kembali ke segmen *toehold*. Dengan demikian, tidak ada perpindahan untai yang terjadi dalam proses ini. Representasi proses hibridisasi ketiga ditunjukkan pada Gambar 5.

Gambar 5. Representasi Proses Hibridisasi Ketiga

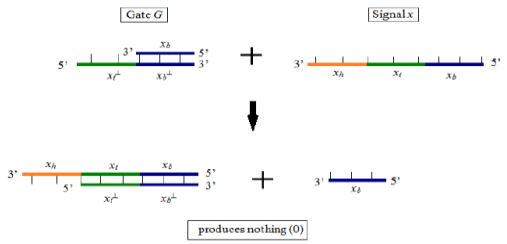
4. **Proses Hibridisasi Keempat.**
   Proses keempat menunjukkan pertukaran *input* segmen *toehold*, sekuens DNA tunggal $t^{\perp}$ dan $a^{\perp}$ menggantikan untai $a^{\perp}$ dan $t^{\perp}$ dari sebagian sekuens DNA ganda melalui proses migrasi cabang. Hibridisasi ini bersifat reversibel karena mengikat segmen *toehold* yang dapat dibalik melalui proses migrasi cabang. Representasi proses hibridisasi keempat ditunjukkan pada Gambar 6.



Gambar 6. Representasi Proses Hibridisasi Keempat

Mekanisme *Anihilator* (pengenol)

Dalam kasus *Anihilator*, *gate* G mengikat sekuens untai signal *x* melalui proses migrasi cabang dengan segmen *toehold* berada di bagian tengah untai DNA tunggal. Reaksi ini tidak menghasilkan apapun (0). *Gate* tersebut dapat disebut "x_h *generic*" yang artinya kinerja *gate* tidak bergantung pada segmen x_h. Mekanisme ini dapat direpresentasikan dengan $x|x.[h] \rightarrow 0$ (Ray K.S, 2015 : 6). Representasi mekanisme anihilator ditunjukkan pada Gambar 7.

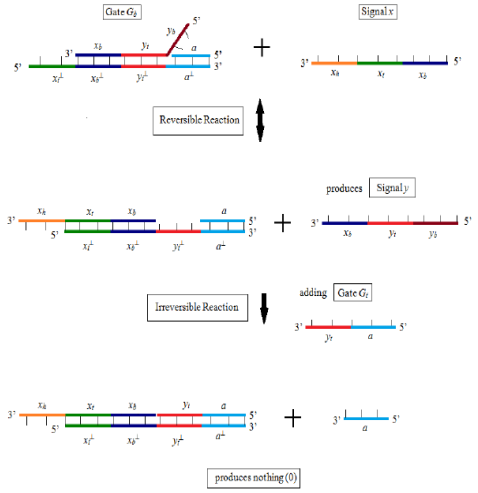


Gambar 7. Mekanisme Anihilator

Mekanisme Perubahan Untai Aljabar DNA

Mekanisme perubahan untai DNA adalah *gate x.y* yang mengubah signal *x* menjadi signal *y*. *Gate* tersebut bekerja dengan dua proses hibridisasi, yaitu proses hibridisasi reversibel dan ireversibel. Untuk melakukan proses hibridisasi ini, terdapat dua struktur *gate* terpisah yaitu *gate backbone* (G_b) dan *gate trigger* (G_t). Pada

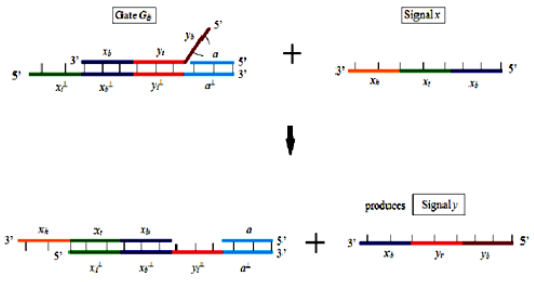
proses selanjutnya, yaitu proses hibridisasi reversibel, *signal x* berhibridisasi dengan G_b dan menggantikan *signal y* melalui mekanisme perpindahan untai DNA. Reaksi kedua yaitu reaksi $G_t$bersifat ireversibel karena *gate* "terkunci" di untai mana pun dengan menyerap *signal x* dan menghasilkan *signal y*. Reaksi ini tidak menghasilkan *signal* baru (0). Mekanisme ini dapat direpresentasikan dengan $x|x.y \rightarrow y$ (Ray, 2015: 6) dan Gambar 8 menunjukkan mekanisme tersebut.



Gambar 8. Mekanisme Perubahan Untai DNA

Berikut diuraikan representasi logika inferensi pada mekanisme perubahan untai DNA (Ray, 2015:7).

1. Proses hibridisasi pertama yang terjadi ditunjukkan pada Gambar 9.



Gambar 9. Proses Hibridisasi Pertama Perubahan Untai DNA

Berdasarkan proses hibridisasi tersebut, dapat ditentukan suatu formula yaitu $p \wedge (p \rightarrow q)) \rightarrow q$ dengan premis *p* adalah *input signal x* (*domain x*) dan premis $p \rightarrow q$ adalah jika *domain x* terbentuk, maka dihasilkan *signal y*. Berikut dibuktikan bahwa berlaku $(p \wedge (p \rightarrow q)) \rightarrow q$, dengan membuktikan tautologinya.

$(p \wedge (p \rightarrow q)) \rightarrow q$

$\Leftrightarrow (p \wedge (\sim p \vee q)) \rightarrow q$ implikasi

$\Leftrightarrow ((p \wedge \sim p) \vee (p \wedge q)) \rightarrow q$ hukum mmmmmmmmmmmmmmmdistributif

$\Leftrightarrow (0 \vee (p \wedge q)) \rightarrow q$

$\Leftrightarrow (p \wedge q) \rightarrow q$ identitas

$\Leftrightarrow \sim (p \wedge q) \vee q$ implikasi

$\Leftrightarrow (\sim p \vee \sim q) \vee q$ De Morgan

$\Leftrightarrow \sim p \vee (\sim q \vee q)$ Asosiatif

$\Leftrightarrow \sim p \vee 1$ Identitas

$\Leftrightarrow \sim (p \wedge 0)$ De Morgan

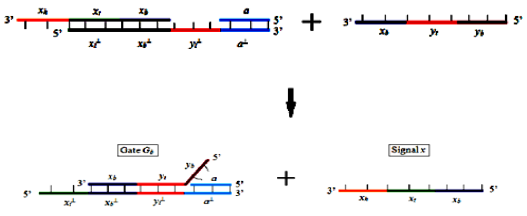
$\Leftrightarrow \sim (0)$

$\Leftrightarrow 1$ Tautologi

Terbukti bahwa berlaku $(p \wedge (p \rightarrow q)) \rightarrow q$. Berdasarkan proses hibridisasi pertama dalam penulisan modus ponen, diperoleh

$$\begin{array}{l} p \rightarrow q \\ p \\ \hline \therefore \boldsymbol{q} \end{array}$$

2. Proses hibridisasi kedua dari mekanisme perubahan untai DNA ditunjukkan Gambar 10.



Gambar 10. Proses Hibridisasi Kedua Perubahan Untai DNA

Berdasarkan proses hibridisasi tersebut, dapat ditentukan suatu formula yaitu $(q \wedge (q \rightarrow p)) \rightarrow p$ dengan premis *q* adalah *input signal y* (*domain y*) dan premis $q \rightarrow p$ adalah Jika *domain y* terbentuk, maka

dihasilkan signal *x*. Dibuktikan bahwa formula $(q \wedge (q \to p)) \to p$ adalah valid dengan membuktikan bahwa formula tersebut tautologi secara logika.

$(q \wedge (q \to p)) \to p$
$\Leftrightarrow (q \wedge (\sim q \vee p)) \to p$ implikasi
$\Leftrightarrow ((q \wedge \sim q) \vee (q \wedge p)) \to p$ hukum distributif
$\Leftrightarrow (0 \vee (q \wedge p)) \to p$
$\Leftrightarrow (q \wedge p) \to p$ identitas
$\Leftrightarrow \sim (q \wedge p) \vee p$ implikasi
$\Leftrightarrow (\sim q \vee \sim p) \vee p$ De Morgan
$\Leftrightarrow \sim q \vee (\sim p \vee p)$ Asosiatif
$\Leftrightarrow \sim q \vee 1$ Identitas
$\Leftrightarrow \sim (q \wedge 0)$ De Morgan
$\Leftrightarrow \sim (0)$
$\Leftrightarrow 1$ Tautology

Terbukti berlaku bahwa $(q \wedge (q \to p)) \to p$.
Berdasarkan proses hibridisasi kedua dalam penulisan modus ponen, diperoleh

$q \to p$
q

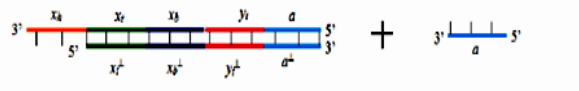
$\therefore p$

Berdasarkan proses hibridisasi pertama dan kedua, diperoleh

q
p

$\therefore q \wedge p$
$\Leftrightarrow p \wedge q$
$\therefore p \wedge q$

Dengan demikian, hasil hibridisasi pada untai DNA dapat ditunjukkan Gambar 11.



Gambar 11. Hasil Proses Hibridisasi Perubahan Untai DNA

SIMPULAN

Proses hibridisasi pada perubahan untai aljabar DNA dapat disederhanakan dengan logika inferensi. Secara logika matematika, telah dapat dibuktikan secara valid dan dengan pembacaan yang lebih mudah.

SARAN

Pada penelitian ini Aplikasi Logika Matematika masih bersifat pembuktian konsep-konsep Aljabar. Untuk penelitian selanjutnya, disarankan untuk diaplikasikan pada kajian tertentu misalnya pada bidang kesehatan yaitu dalam mendiagnosis suatu penyakit, mengukur status gizi seseorang, atau sistem pakar di bidang Komputer.

DAFTAR PUSTAKA

Baeten .J.M. 2004. *A Brief History of Process Algebra*. Division of Computer Science, Technische Universiteit Eindhoven: The Netherlands.

Campbell N.A., Reece, J.B., Urry, L.A., Cain, M.L., Wasserman, S.A., Minorsky, P.V., Jackson, R.B. 2008. *Biologi Edisi Kedelapan Jilid I.* Terjemahan oleh Damaring

Cardelli, Luca. 2009 . *Strand Algebra for DNA Computing* . Microsoft Research: Cambridge UK.

Chavez A, Munos de Chavez. 2003. "Nutrigenomics in Public Health Nutrition", *European Journal of Clinical Nutrition*. Vol . 57. (suppl.1) 97-100.

Elrod, S. dan Stansfield, W. 2007. *Schaum's Outlines: Genetika*. Terjemahan oleh Damaring Tyas W. Jakarta: Erlangga.

Marks, A.D., Smith, C., dan Liebermann, M. 2005. *Basic Medical Biochemistry : A Clinical Approach.* Lippinoott Williams and Wilkins.

Oliver S.G. dan Ward J.M. 1985. *A Dictionary of Genetic Engineering*. Cambridge University Press.

Ray, K.S. 2015. *Logical Inference by DNA Strand Algebra*. Indian Statistical Institute: India.