

Grup Dihedral D_4 dari Kode Genetik Purba

I. AISAH, E. DJAUHARI, A. SINGGIH

Departemen Matematika, Fakultas MIPA, Universitas Padjadjaran, Jl. Raya Bandung Sumedang KM 21 Jatinangor Sumedang 45363, isahaisah@unpad.ac.id

Abstrak

Kode genetik standar terdiri empat basa nukleotida yang mengodekan gen untuk menghasilkan asam-asam amino yang diperlukan makhluk hidup. Penambahan suatu basa baru D (*Dummy*) menyebabkan urutan basa menjadi lima basa nukleotida yang disebut sebagai kode genetik purba. Himpunan lima basa tersebut dinotasikan dengan $B = \{D, A, C, G, U\}$, dengan mengkonstruksi korespondensi 1-1 dengan Z_5 , maka Kode genetik purba dapat ditinjau struktur aljabarnya sebagai grup simetri. Pada artikel ini dibahas sifat-sifat grup simetri dari kode genetik purba yang akan menghasilkan grup dihedral. Kajian dimulai dengan mengonstruksi isomorfisme basa nukleotida yang diperluas dengan (S_4, \circ) . Keberadaan basa D yang merupakan Dummy menyebabkan B mempunyai kardinalitas 4, yang menghasilkan grup yang isomorfik dengan (S_4, \circ) yang kemudian dinotasikan (GC, \circ) . Grup (GC, \circ) mempunyai tiga kelas partisi berdasarkan basa kuat-lemah, jenis basa purin-pirimidin, dan gugus amino-keto nukleotida yang masing-masing dinotasikan sebagai (SW, \circ) , (RY, \circ) , dan (MK, \circ) . Ketiga kelas tersebut merupakan subgrup dari (GC, \circ) . Dengan menggunakan aturan rotasi dan refleksi pada bidang empat sisi, akan dicari subgroup mana yang membentuk grup dihedral D_4 .

Kata kunci: Kode Genetik Purba, Grup, Subgrup, Permutasi, Grup Simetri S_4 , Grup Dihedral.

Abstract

The standard genetic code consist of four nucleotide bases which encode genes to produce amino acids needed by living things. The addition of new base D (*Dummy*) causes a sequence of bases to become five nucleotide bases called ancient genetic codes. The set of the five bases denoted by $B = \{D, A, C, G, U\}$, with correspondence 1-1 with Z_5 . the ancient genetic code can be reviewed as structure of algebra symmetry group and also as a vector spaces. In this article, discussed the properties of symmetry groups from ancient genetic codes that will produce dihedral groups. The study began by constructing an expanded nucleotide base isomorphism with (S_4, \circ) . which is denoted by (GC, \circ) . Group GC had three classes of partitions based on strong-weak, purin-pyrimidin types, and amino-keto nucleotide groups which are denoted as (SW, \circ) , (RY, \circ) , and (MK, \circ) . All three classes are subgroups of (GC, \circ) . By using the rules of rotation and reflection in the four-side plane, will be sought which form a subgroup of dihedral group D_4 .

Keywords: Ancient Genetic Code, Group, Subgroup, Permutation, Symmetry Group S_4 , Dihedral Group.

2000 Mathematics Subject Classification: 11E57

Submitted: 2020-04-08, Revision: 2020-04-27 , Accepted: 2020-06-08.

1. PENDAHULUAN

Kode genetik berperan dalam pewarisan sifat dari suatu organisme kepada keturunannya. Komponen utama dalam kode genetik adalah asam *deoksiribosa nukleat* atau biasa disebut DNA, yang menyimpan informasi genetik, dimana setiap polinukleotida terdiri dari basa nitrogen, gula pentosa dan gugus fosfat. Basa nitrogen tersebut adalah Adenin (A), Guanin (G), Sitosin (C), dan Timin (T). Dalam metabolisme sel, DNA mengalami proses transkripsi yang menghasilkan RNA (*Ribonucleic acid*). RNA adalah polinukleotida beruntai tunggal yang mengandung gula-gula deoksiribosa sama seperti DNA, hanya basa Pirimidin pada RNA adalah Urasil (U) yang menggantikan Timin (T). Basa Nukleotida juga diklasifikasikan berdasarkan sifat kimia nukleotidanya menjadi 24 representasi urutan basa yang terbagi dalam tiga kelas partisi, dimana setiap kelas masing-masing memiliki delapan elemen. Urutan basa terebut juga dapat direpresentasikan secara aljabar sebagai kubus (*multicube*) di ruang dimensi tiga [4]. Selanjutnya, R. Sanchez dan R. Grau pada tahun 2009 mengemukakan gagasan tentang kode genetik purba yang merupakan perluasan dari kode genetik standar. Kode genetik purba diperoleh dari penambahan basa baru D (*dummy*) yang mengakibatkan himpunan basa nukleotida memiliki lima basa, dinotasikan sebagai $B = \{D, A, C, G, U\}$. Kode genetik purba memiliki struktur sebagai ruang vektor di \mathbb{R}^3 [8]. Kode genetik purba juga dapat ditinjau struktur lainnya sebagai grup simetri. Keberadaan basa D sebagai *dummy* mengakibatkan kardinalitas B menjadi 4 elemen, dan grup simetri yang terbentuk mempunyai 24 elemen [7].

2. METODE PENELITIAN

Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah studi literatur, yaitu dengan mengumpulkan pustaka yang bersumber dari beberapa buku dan jurnal yang mengacu pada artikel yang dipublikasikan oleh Robersy Sanchez pada tahun 2018. Penelitian dimulai dengan mengonstruksi pemetaan isomorfisma dengan grup simetri S_4 . Dari pemetaan tersebut diperoleh 24 elemen yang dinotasikan sebagai (GC, \circ) , selanjutnya (GC, \circ) dipartisi berdasarkan sifat kimia nukleotidanya menjadi tiga kelas [7]. Kemudian ketiga kelas tersebut ditinjau struktur aljabarnya dan diselidiki sifat-sifat khusus yang ada pada masing-masing kelas.

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

Sebelum membahas materi lebih jauh, terdapat beberapa definisi yang akan digunakan pada penelitian ini.

Grup permutasi dari A adalah himpunan semua permutasi di A yang membentuk grup di bawah operasi komposisi fungsi [2].

Misal A himpunan hingga $\{1, 2, \dots, n\}$. Grup semua permutasi dari A adalah grup simetri berderajat n , dinotasikan oleh S_n . Jumlah elemen dari S_n adalah $n!$ elemen, dimana $n! = n(n-1)(n-2) \cdots (3)(2)(1)$ [1].

Grup dihedral ke n yang dinotasikan dengan D_n adalah grup yang terdiri dari simetri-simetri n -segibanyak (n -poligon) yang teratur. Banyaknya elemen dari D_n adalah $2n$ [5].

Misalkan G dan G' adalah grup dan φ adalah pemetaan dari G ke G' . φ dikatakan homomorfisma jika : $\varphi(a * b) = \varphi(a) *' \varphi(b)$ untuk setiap $a, b \in G$ [1].

Suatu pemetaan ϕ dari grup G ke G' disebut isomorfisma jika pemetaan ϕ bersifat satu-satu pada, dan memenuhi $\phi(ab) = \phi(a)\phi(b)$, $a, b \in G$. Jika terdapat isomorfisma dari G ke G' , maka G dan G' dikatakan isomorfik dinotasikan dengan $G \cong G'$ [3].

Definisikan himpunan terurut dari lima unsur, yaitu $B = \{D, A, C, G, U\}$ yang merupakan basa RNA purba. Masing-masing unsur melambangkan basa Dummy, Adenin, Sitosin, Guanin, dan Urasil. $Z_5 = \{\bar{0}, \bar{1}, \bar{2}, \bar{3}, \bar{4}\}$ adalah himpunan bilangan modulo 5 yang mempunyai strukur lapangan [4].

Kemudian dikonstruksi korespondensi satu-satu antara $B = \{D, A, C, G, U\}$ dengan elemen-elemen $Z_5 = \{\bar{0}, \bar{1}, \bar{2}, \bar{3}, \bar{4}\}$, sebagai berikut :

$$\varphi : (\mathbb{Z}_5, \oplus) \rightarrow (B, +)$$

$$\begin{aligned} \bar{0} &\mapsto D \\ \bar{1} &\mapsto A \\ \bar{2} &\mapsto C \\ \bar{3} &\mapsto G \\ \bar{4} &\mapsto U \end{aligned}$$

Dari pengaitan tersebut, dapat dilihat bahwa fungsi bersifat satu-satu dan fungsi pada Struktur himpunan B dapat dilihat dengan menggunakan tabel Cayley berikut :

TABEL 1. Tabel Cayley B terhadap operasi penjumlahan

+	D	A	C	G	U
D	D	A	C	G	U
A	A	C	G	U	D
C	C	G	U	D	A
G	G	U	D	A	C
U	U	D	A	C	G

Berdasarkan tabel di atas, terlihat bahwa B tertutup terhadap operasi jumlah, asosiatif, mempunyai unsur identitas yaitu D , dan masing-masing unsur di B memiliki invers terhadap operasi penjumlahan, yaitu $D^{-1} = D, A^{-1} = U, C^{-1} = G, G^{-1} = C$, dan $U^{-1} = A$. Dengan demikian, B mempunyai struktur grup terhadap operasi penjumlahan.

Selanjutnya dapat ditunjukkan bahwa pengaitan φ bersifat homomorfisme. Karena φ adalah fungsi bijektif dan φ homomorfisma, perdefinisi φ merupakan isomorfisma akibatnya $B \cong \mathbb{Z}_5$.

Di sisi lain basa nukleotida $\{G, U, A, C\}$ dicocokkan dengan suatu lapangan yang mempunyai empat elemen ($GF(4)$), yaitu $(\mathbb{Z}_2)^2$ karena masing-masingnya memiliki empat anggota [5]. Berdasarkan hal tersebut, maka basa nukleotida yang diperluas akan dicocokkan dengan \mathbb{Z}_5 yang memiliki struktur lapangan beranggotakan lima elemen. Telah dijelaskan sebelumnya bahwa B isomorfik dengan \mathbb{Z}_5 , akibatnya definisi operasi jumlah pada $B = \{D, A, C, G, U\}$ ekivalen dengan definisi operasi jumlah pada $\mathbb{Z}_5 = \bar{0}, \bar{1}, \bar{2}, \bar{3}, \bar{4}$. Berdasarkan hipotesis yang dijelaskan sebelumnya, bahwa basa D merupakan basa atau variabel *dummy* yang bersifat invarian, artinya tidak berubah terhadap suatu transformasi tertentu. Ini menyebabkan keberadaan basa D dianggap sebagai identitas atau diabaikan, sehingga kardinalitas dari himpunan B adalah 4 elemen. Selanjutnya berdasarkan korespondensi satu-satu yang telah dikonstruksi, akan terbentuk 24 permutasi yaitu pemetaan satu-satu pada dirinya sendiri yang juga membentuk sebuah grup yang dikenal dengan grup Simetri S_4 , dengan domain yang digunakan yaitu $(1234) = (ACGU)$.

Selanjutnya 24 representasi urutan basa nukleotida ditulis sebagai grup terhadap operasi komposisi yang dinotasikan dengan (GC, \circ) . Hal ini berdasarkan teorema bahwa Setiap grup dengan order hingga isomorfik dengan suatu grup permutasi yaitu S_4 [6].

Untuk memudahkan penulisan, selanjutnya permutasi tersebut ditulis dalam bentuk permutasi yang ditulis dalam satu baris dan yang ditulis hanya kodomain nya saja, seperti contoh berikut:

$$\begin{pmatrix} 1234 \\ 1234 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} ACGU \\ ACGU \end{pmatrix} = (ACGU) \quad \begin{pmatrix} 1234 \\ 3412 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} ACGU \\ CUAG \end{pmatrix} = (CUAG)$$

Berdasarkan sifat kimia nukleotida, terdapat tiga kelas partisi dari himpunan basa nukleotida, yaitu berdasarkan klasifikasi basa kuat nukleotida yang membentuk tiga ikatan hidrogen $S = \{C, G\}$ dan basa lemah nukleotida yang membentuk dua ikatan hidrogen $W = \{A, U\}$. Kemudian berdasarkan klasifikasi kimia nukleotida yaitu amino nukleotida $M = \{A, C\}$ dan keto nukleotida $K = \{G, U\}$, dan klasifikasi berdasarkan jenis basa nukleotida yaitu purin $R = \{C, U\}$ dan pirimidin $Y = \{A, G\}$ [4].

Urutan yang disajikan pada setiap kelas mengikuti aturan tertentu, yaitu diurutkan berdasarkan tingkat kebutuhan mutasi posisi basa [7]. Kelas partisi tersebut masing-masing memiliki delapan elemen yang berbeda satu dengan yang lainnya. Ketiga kelas partisi tersebut, yaitu :

- $SW = \{\{A, C, G, U\}, \{A, G, C, U\}, \{U, C, G, A\}, \{U, G, C, A\}, \{C, A, U, G\}, \{C, U, A, G\}, \{G, A, U, C\}, \{G, U, A, C\}\}$,
- $RY = \{\{A, C, U, G\}, \{A, U, C, G\}, \{G, U, C, A\}, \{G, C, U, A\}, \{C, A, G, U\}, \{U, A, G, C\}, \{U, G, A, C\}, \{C, G, A, U\}\}$
- $MK = \{\{A, C, U, G\}, \{A, U, G, C\}, \{C, U, G, A\}, \{C, G, U, A\}, \{G, C, A, U\}, \{G, A, C, U\}, \{U, A, C, G\}, \{U, C, A, G\}\}$

Selanjutnya akan diselidiki struktur dari ketiga kelas tersebut, diawali dengan kelas (SW, \circ) . Terlihat bahwa $(SW, \circ) \neq \emptyset$, dan $(SW, \circ) \subset GC$. Dengan menggunakan operasi komposisi, seperti contoh berikut :

$$\begin{pmatrix} ACGU \\ ACGU \end{pmatrix} \begin{pmatrix} ACGU \\ CUAG \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} ACGU \\ CUAG \end{pmatrix} = (CUAG)$$

Maka untuk hasil perkalian yang lainnya dapat dilihat seperti tabel berikut:

TABEL 2. Tabel Cayley operasi komposisi pada (SW, \circ)

\circ	ACGU	AGCU	UCGA	UGCA	CAUG	CUAG	GAUC	GUAC
ACGU	ACGU	AGCU	UCGA	UGCA	CAUG	CUAG	GAUC	GUAC
AGCU	AGCU	ACGU	UGCA	UCGA	GAUC	GUAC	CAUG	CUAG
UCGA	UCGA	UGCA	ACGU	AGCU	CUAG	CAUG	GUAC	GAUC
UGCA	UGCA	UCGA	AGCU	ACGU	GUAC	GAUC	CUAG	CAUG
CAUG	CAUG	CUAG	GAUC	GUAC	ACGU	AGCU	UCGA	UGCA
CUAG	CUAG	CAUG	GUAC	GAUC	UCGA	UGCA	ACGU	AGCU
GAUC	GAUC	GUAC	CAUG	CUAG	AGCU	ACGU	UGCA	UCGA
GUAC	GUAC	GAUC	CUAG	CAUG	UGCA	UCGA	AGCU	ACGU

Dengan memperhatikan tabel di atas dapat dibuktikan bahwa (SW, \circ) mempunyai struktur sebagai Grup. Akibatnya (SW, \circ) merupakan subgrup dari (GC, \circ) .

Setiap elemen dari SW terdiri dari empat unsur. Dalam aljabar dikenal bidang simetri berderajat empat yaitu S_4 , dimana bidang simetri tersebut mempunyai subgrup yaitu D_4 yang mempunyai dua jenis pergerakan berupa rotasi dan refleksi yang masing-masingnya memiliki empat macam perubahan. Empat macam dari rotasi yaitu R_0° (rotasi sejauh 0°), R_{90}° (rotasi sejauh 90° berlawanan arah jarum jam), R_{180}° (rotasi sejauh 180°) dan R_{270}° (rotasi sejauh 270°). Sedangkan empat macam dari refleksi, yaitu H (refleksi secara horizontal), V (refleksi secara vertikal), D (refleksi secara diagonal di diagonal utama), dan D' , (refleksi secara diagonal di diagonal kedua).

Selanjutnya akan diselidiki elemen-elemen di (SW, \circ) menggunakan kriteria rotasi dan refleksi. Berikut dipaparkan hasil yang diperoleh, yaitu :

$$\begin{aligned} (ACGU) &= \begin{pmatrix} ACGU \\ ACGU \end{pmatrix} = R_0^\circ & (CAUG) &= \begin{pmatrix} ACGU \\ CAUG \end{pmatrix} = V \\ (UGCA) &= \begin{pmatrix} ACGU \\ UGCA \end{pmatrix} = H & (GUAC) &= \begin{pmatrix} ACGU \\ GUAC \end{pmatrix} = R_{180}^\circ \end{aligned} \quad (1)$$

Dengan demikian, terlihat bahwa hanya terdapat empat macam perubahan pada (SW, \circ) .

Dari penyelidikan seperti yang dilakukan di atas, akan ditinjau perubahan yang terjadi pada subgrup (RY, \circ) dan (MK, \circ) menggunakan rotasi dan refleksi. Berikut adalah perubahan yang terjadi dari masing-masing subgrup tersebut :

- Subgrup (RY, \circ) dengan domain $(AUCG)$

$$\begin{aligned} (AUCG) &= \begin{pmatrix} AUCG \\ AUCG \end{pmatrix} = R_0^\circ & (CAGU) &= \begin{pmatrix} AUCG \\ CAGU \end{pmatrix} = R_{90}^\circ \\ (ACUG) &= \begin{pmatrix} AUCG \\ ACUG \end{pmatrix} = D' & (UAGC) &= \begin{pmatrix} AUCG \\ UAGC \end{pmatrix} = H \\ (GUCA) &= \begin{pmatrix} AUCG \\ GUCA \end{pmatrix} = D & (UGAC) &= \begin{pmatrix} AUCG \\ UGAC \end{pmatrix} = R_{270}^\circ \\ (GCUA) &= \begin{pmatrix} AUCG \\ GCUA \end{pmatrix} = R_{180}^\circ & (CGAU) &= \begin{pmatrix} AUCG \\ CGAU \end{pmatrix} = V \end{aligned}$$

- Subgrup (MK, \circ) dengan domain $(AGUC)$

$$\begin{aligned} (AGUC) &= \begin{pmatrix} AGUC \\ AGUC \end{pmatrix} = R_0^\circ & (GACU) &= \begin{pmatrix} AGUC \\ GACU \end{pmatrix} = R_{180}^\circ \\ (CUGA) &= \begin{pmatrix} AGUC \\ CUGA \end{pmatrix} = V & (UCAG) &= \begin{pmatrix} AGUC \\ UCAG \end{pmatrix} = H \end{aligned}$$

Berdasarkan hasil kajian di atas, terlihat bahwa pada subgrup (SW, \circ) dan (MK, \circ) hanya terdapat dua rotasi dan dua refleksi sehingga keduanya bukan merupakan grup dihedral. Sedangkan subgrup (RY, \circ) yang merupakan subgrup dari (GC, \circ) yang isomorfik dengan S_4 , dan mempunyai empat rotasi dan empat refleksi, membentuk grup dihedral D_4 .

4. SIMPULAN

Berdasarkan hasil pembahasan diperoleh kesimpulan bahwa pengonstruksian kode genetik purba sebagai grup simetri dimulai dengan menentukan kardinalitas dari himpunan B dilanjutkan dengan mengkonstruksi korespondensi satu-satu dengan \mathbb{Z}_5 , $D = \bar{0}$, $A = \bar{1}$, $C = \bar{2}$, $G = \bar{3}$, $U = \bar{4}$ dan dengan menganggap sebuah basa nitrogen D sebagai *Dummy*, maka B isomorfik dengan grup simetri S_4 . Kode genetik purba sebagai grup simetri memiliki subgrup-subgrup yang berasal dari tiga kelas klasifikasi basa nitrogen. Dari ketiga subgrup tersebut yang memenuhi kriteria rotasi dan refleksi adalah jenis basa nukleotida yaitu purin $R = \{C, U\}$ dan pirimidin $Y = \{A, G\}$ yang dinotasikan dengan (RY, \circ) , sehingga (RY, \circ) merupakan grup dihedral D_4 .

DAFTAR PUSTAKA

- [1] John B Fraleigh. *A first course in abstract algebra*. Pearson Education India, 2003.
- [2] Joseph A Gallian. *Contemporary Abstract Algebra: Student Solutions Manual*. Brooks/Cole, Cengage Learning, 2010.
- [3] IN Herstein. *Abstract algebra*. 1996.
- [4] Marco V José, Eberto R Morgado, Robersy Sánchez, and Tzipe Govezensky. The 24 possible algebraic representations of the standard genetic code in six or in three dimensions. *Adv. Stud. Biol.*, 4:119–152, 2012.
- [5] TW Judson. *Abstract algebra: Theory and applications*. 1997. *Virginia: PWS Publishing Company*.
- [6] Gregory T Lee. *Abstract Algebra*. Springer, 2018.
- [7] Robersy Sanchez. Symmetric group of the genetic-code cubes. effect of the genetic-code architecture on the evolutionary process. *Match-Communication in Mathematical and in Computer Chemistry*, 79(3):527–560, 2018.
- [8] Robersy Sánchez and Ricardo Grau. An algebraic hypothesis about the primeval genetic code architecture. *Mathematical biosciences*, 221(1):60–76, 2009.

