

Implementasi dan Analisis Sistem Persamaan Linear Pada Halpotipe Genetik Terkait Meme ”Pak, Mak, Mengapa Aku Berbeda?”

Jonathan Alveraldo Bangun 13524120

Program Studi Teknik Informatika

Sekolah Teknik Elektro dan Informatika

Institut Teknologi Bandung, Jl. Ganesha 10 Bandung 40132, Indonesia

13524120@std.stei.ac.id, alveraldo.jonathan@gmail.com

Abstract—Halpotipe merupakan kelompok alel yang diwariskan secara bersamaan dari orang tua kepada keturunannya. Dalam makalah ini, data genetik diolah menggunakan operasi matriks untuk mengidentifikasi kombinasi alel yang menyebabkan variasi sifat. Analisis ini menunjukkan bahwa pendekatan aljabar linear dapat menjelaskan secara matematis alasan terjadinya perbedaan genetik antara anak dan orang tua sebagaimana diangkat dalam tema makalah ini.

Keywords—Sistem Persamaan Linear, Genetik, Halpotipe, SNP, Gauss-Jordan

I. PENDAHULUAN

Perbedaan sifat antara orang tua dan anak sering menimbulkan pertanyaan sederhana: mengapa hasilnya bisa berbeda? Pertanyaan ini bahkan sering muncul dalam bentuk meme “Pak, Mak, mengapa aku berbeda?”. Fenomena tersebut sebenarnya dapat dijelaskan secara ilmiah melalui konsep haplotipe, yaitu susunan gen pada satu kromosom yang diwariskan secara terpisah dari ayah dan ibu.

Saat ini, data genetik banyak diperoleh melalui layanan *consumer DNA testing* yang menyajikan informasi *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP). Data ini biasanya dituliskan dalam bentuk angka {0, 1, 2}. Nilai 0 dan 1 relatif mudah dipahami, tetapi nilai 2 (heterozigot) menimbulkan kebingungan karena tidak menjelaskan alel mana yang berasal dari ayah dan mana dari ibu. Inilah yang dikenal sebagai masalah rekonstruksi haplotipe.

Masalah tersebut ternyata dapat dimodelkan menggunakan sistem persamaan linear yang dipelajari dalam aljabar linear. Genotipe yang teramati dapat ditulis sebagai penjumlahan dua haplotipe parental, yaitu

$$A = H_1 + H_2$$

Dengan menerapkan metode eliminasi Gauss-Jordan, sistem ini dapat diselesaikan untuk memisahkan kontribusi

gen dari masing-masing orang tua secara matematis.

Dalam makalah ini, metode eliminasi Gauss-Jordan diterapkan pada dataset simulasi keluarga yang terinspirasi dari meme tersebut. Penyelesaian dilakukan secara manual dan kemudian dicek kembali menggunakan Python (NumPy).

Hasilnya menunjukkan bahwa konsep sistem persamaan linear tidak hanya relevan secara teoritis, tetapi juga dapat digunakan untuk memahami perbedaan genetik dalam keluarga dengan cara yang sederhana dan terstruktur.

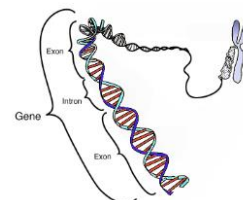
II. DASAR TEORI

A. Gen

Gen merupakan unit dasar pewarisan sifat yang tersusun dari rangkaian asam deoksiribonukleat (DNA) dan berfungsi sebagai penyimpan informasi genetik pada makhluk hidup.

Informasi yang terkandung di dalam gen mengendalikan pembentukan protein yang berperan dalam berbagai proses biologis, sehingga gen secara langsung maupun tidak langsung menentukan karakteristik fisik, fisiologis, dan bahkan potensi kemampuan individu.

Contoh sifat yang dipengaruhi oleh gen antara lain tinggi badan, struktur wajah, serta kecenderungan kemampuan kognitif, yang dalam makalah ini direpresentasikan secara numerik untuk keperluan pemodelan matematis.



Gambar 2.1 Gen

Setiap individu mewarisi gen dari kedua orang tuanya melalui proses reproduksi, di mana setengah informasi genetik berasal dari ayah dan setengah lainnya dari ibu. Proses pewarisan ini melibatkan kombinasi dan

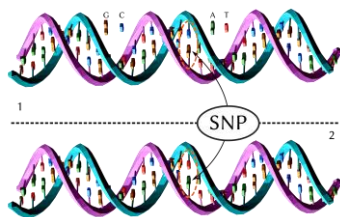
rekombinasi gen yang menyebabkan susunan genetik setiap individu bersifat unik, meskipun berasal dari keluarga yang sama.

Oleh karena itu, perbedaan sifat antara anak dan orang tuanya merupakan fenomena biologis yang wajar dan tidak selalu menunjukkan dominasi mutlak salah satu pihak, melainkan hasil interaksi kompleks antara berbagai gen yang diwariskan lintas generasi.

B. Haplotipe & Single Nucleotide Polymorphism (SNP)

Haplotipe merupakan sekumpulan alel atau varian genetik yang diturunkan secara bersamaan dari satu orang tua. Dalam pewarisan genetik manusia, setiap individu memiliki dua haplotipe untuk setiap kromosom, yaitu satu haplotipe yang diwariskan oleh ayah dan satu haplotipe yang diwariskan oleh ibu.

Haplotipe ini membawa informasi genetik yang relatif utuh dan terstruktur, sehingga keberadaannya penting dalam memahami pola pewarisan sifat. Namun, dalam banyak pengamatan genetik, data yang tersedia bukanlah haplotipe secara terpisah, melainkan gabungan dari kedua haplotipe tersebut, sehingga informasi asal-usul alel tidak dapat langsung diidentifikasi.



Gambar 2.2 Haplotipe dan SNP

Untuk merepresentasikan variasi genetik secara sederhana dan terukur, digunakan konsep Single Nucleotide Polymorphism (SNP), yaitu variasi satu basa nukleotida pada posisi tertentu dalam DNA. SNP umumnya direpresentasikan secara numerik menggunakan nilai $\{0, 1, 2\}$, yang menyatakan jumlah alel minor yang dimiliki oleh individu pada lokasi gen tertentu.

Nilai 0 menunjukkan kondisi homozigot mayor, nilai 2 menunjukkan homozigot minor, sedangkan nilai 1 merepresentasikan kondisi heterozigot. Representasi numerik ini mempermudah pemodelan matematis dan komputasional, namun menyederhanakan informasi biologis yang sebenarnya lebih kompleks.

Permasalahan muncul pada kondisi heterozigot (nilai 1), karena representasi numerik tersebut tidak menjelaskan alel mana yang berasal dari ayah dan mana yang berasal dari ibu. Ambiguitas ini menyebabkan informasi haplotipe asal tidak dapat ditentukan secara langsung dari data SNP.

Oleh karena itu, diperlukan proses rekonstruksi haplotipe, yaitu upaya untuk memisahkan kembali data genotipe gabungan menjadi dua urutan haplotipe yang merepresentasikan kontribusi masing-masing orang tua.

Dalam makalah ini, rekonstruksi tersebut dianalisis

menggunakan pendekatan sistem persamaan linear, sehingga permasalahan biologis pewarisan gen dapat dikaji secara matematis dan terstruktur.

C. Sistem Persamaan Linear (SPL)

Sistem Persamaan Linear (SPL) merupakan kumpulan dua atau lebih persamaan linear yang melibatkan satu atau lebih variabel yang sama. Setiap persamaan dalam SPL merepresentasikan hubungan linear antarvariabel, sehingga sistem tersebut dapat digunakan untuk memodelkan keterkaitan antar komponen dalam suatu fenomena.

SPL banyak digunakan dalam berbagai bidang ilmu, seperti matematika, teknik, ekonomi, dan ilmu komputer, karena kemampuannya dalam menggambarkan hubungan antarvariabel secara terstruktur dan logis. Secara umum, suatu SPL dapat dinyatakan dalam bentuk matriks koefisien, vektor variabel, dan vektor konstanta, sehingga permasalahan dapat dianalisis menggunakan pendekatan aljabar linear.

$$[A | \mathbf{b}] = \left[\begin{array}{cccc|c} a_{11} & a_{12} & \cdots & a_{1n} & b_1 \\ a_{21} & a_{22} & \cdots & a_{2n} & b_2 \\ \vdots & \vdots & & \vdots & \vdots \\ a_{m1} & a_{m2} & \cdots & a_{mn} & b_m \end{array} \right]$$

Gambar 2.3 Sistem Persamaan Linear

Representasi SPL dalam bentuk matriks memungkinkan pemanfaatan berbagai konsep dan metode aljabar linear, seperti operasi baris elementer, eliminasi Gauss, dan eliminasi Gauss–Jordan. Metode-metode tersebut digunakan untuk menyederhanakan sistem persamaan hingga diperoleh solusi, baik berupa solusi tunggal, banyak solusi, maupun tidak memiliki solusi sama sekali.

Dengan menggunakan bentuk matriks augmentasi, proses penyelesaian SPL dapat dilakukan secara sistematis dan efisien, serta memberikan informasi yang jelas mengenai konsistensi sistem dan karakteristik solusi yang dihasilkan. Ilustrasi umum dari bentuk SPL ditunjukkan pada Gambar 2.3.

Dengan pemodelan tersebut, permasalahan genetika yang bersifat kompleks dapat diterjemahkan ke dalam bentuk matematis yang lebih terstruktur, sehingga memungkinkan penerapan metode aljabar linear untuk menganalisis data, menentukan solusi yang konsisten, serta memperoleh pemahaman yang lebih mendalam terhadap struktur genetik yang diteliti.

D. Metode Eliminasi Gauss–Jordan

Metode eliminasi Gauss–Jordan merupakan salah satu teknik dalam aljabar linear yang digunakan untuk menyelesaikan Sistem Persamaan Linear dengan cara melakukan serangkaian transformasi baris elementer pada matriks yang merepresentasikan sistem tersebut.

Transformasi ini dilakukan secara bertahap hingga

matriks mencapai bentuk eselon baris tereduksi (*reduced row echelon form*), di mana setiap variabel utama memiliki koefisien satu dan nol pada baris lainnya.

$$\left| \begin{array}{cccc|c} 1 & 0 & 0 & \dots & 0 & x_1 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & & x_2 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & \dots & 1 & x_n \end{array} \right| = \left| \begin{array}{c} b_1^{m'} \\ b_2^{m'} \\ \vdots \\ b_n^{m'} \end{array} \right|$$

Gambar 2.4 Metode Eliminasi Gauss-Jordan

Dengan diperolehnya bentuk eselon baris tereduksi, nilai setiap variabel dalam sistem dapat ditentukan secara langsung tanpa memerlukan substitusi lanjutan.

Metode ini dipilih karena prosedurnya yang sistematis dan terstruktur, sehingga mudah dipahami serta diimplementasikan.

Selain itu, eliminasi Gauss-Jordan dapat diterapkan baik secara manual untuk analisis konseptual maupun dengan bantuan komputer untuk pengolahan data berskala besar.

Oleh karena itu, metode ini sangat sesuai digunakan dalam memvalidasi hasil rekonstruksi haplotipe, karena mampu memberikan solusi yang jelas dan konsisten terhadap model matematis yang dibangun dari data genetika.

III. IMPLEMENTASI

1. Representasi Data Genetik

Pada makalah ini, karakteristik genetik setiap individu direpresentasikan dalam bentuk vektor numerik berdasarkan empat sifat fenotip, yaitu:

1. Ganteng
2. Cantik
3. Tinggi
4. Pintar

Setiap sifat dikodekan menggunakan skala diskrit tiga tingkat, yaitu 0, 1, dan 2, dengan interpretasi sebagai berikut:

- 0 : sifat tidak muncul atau sangat lemah
- 1 : sifat muncul secara sedang
- 2 : sifat muncul secara dominan

```
# DATASET GENETIK HALPOTIPE
# Urutan sifat: [Ganteng, Cantik, Tinggi, Pintar]
sifat = ["Ganteng", "Cantik", "Tinggi", "Pintar"]
bapak = [2, 0, 1, 2]
mamak = [0, 2, 2, 1]
kakek = [1, 0, 2, 1]
nenek = [0, 1, 1, 2]
anak = [1, 0, 1, 1]
```

Penggunaan skala ini bertujuan untuk menyederhanakan fenomena genetik yang kompleks ke dalam bentuk numerik sehingga dapat dianalisis menggunakan metode aljabar linear. Skala tersebut tidak dimaksudkan sebagai ukuran biologis absolut, melainkan sebagai abstraksi

matematis.

2. Penyusunan Dataset Haplotipe

Dataset terdiri dari lima individu, yaitu Pak, Mak, Kakek, Nenek, dan Anak, yang masing-masing direpresentasikan sebagai vektor berdimensi empat sesuai urutan sifat yang telah ditentukan.

Dataset ini ditampilkan terlebih dahulu untuk menunjukkan nilai observasi awal yang akan dianalisis.

```
# TAMPILKAN DATASET
print("DATASET HAPLOTIPE GENETIK")
print(f"Individu:<8> | {' '.join([f'{s:<8>}' for s in sifat])}")
data = {
    "Pak": bapak,
    "Mak": mamak,
    "Kakek": kakek,
    "Nenek": nenek,
    "Anak": anak
}
for k, v in data.items():
    print(f"{k:<8}> | {' '.join([f'{x:<8>}' for x in v])}")
```

Langkah ini penting untuk memastikan transparansi data dan memudahkan proses interpretasi hasil.

3. Pembentukan Sistem Persamaan Linear (SPL)

Untuk menganalisis kontribusi genetik terhadap sifat anak, dibentuk sebuah sistem persamaan linear dengan struktur sebagai berikut:

$$Ax = b$$

dengan:

- Matriks A (4×4) berisi vektor sifat dari Pak, Mak, Kakek, dan Nenek,
- Vektor b (4×1) berisi vektor sifat Anak,
- Vektor x (4×1) merepresentasikan koefisien kontribusi genetik masing-masing individu.

```
# PEMBENTUKAN MATRIKS SPL
A = np.array([bapak, mamak, kakek, nenek], dtype=float)
b = np.array(anak, dtype=float).reshape(-1, 1)
aug = np.hstack((A, b))
n = len(b)
```

Secara konseptual, sistem ini menyatakan bahwa sifat anak diasumsikan sebagai kombinasi linear dari sifat orang tua dan kakek-neneknya.

4. Penyelesaian SPL dengan Metode Gauss-Jordan

Sistem persamaan linear diselesaikan menggunakan metode eliminasi Gauss-Jordan. Metode ini dipilih karena mampu menghasilkan bentuk matriks Reduced Row Echelon Form (RREF), sehingga solusi SPL dapat diperoleh secara langsung tanpa substitusi balik.

Langkah-langkah yang dilakukan adalah:

1. Menggabungkan matriks koefisien dan vektor konstanta menjadi matriks augmentasi,
2. Melakukan normalisasi baris berdasarkan elemen

- pivot,
3. Mengeliminasi elemen lain pada kolom pivot hingga diperoleh bentuk RREF.
 - 4.

```
# GAUSS-JORDAN
for i in range(n):
    if aug[i][i] == 0:
        for k in range(i + 1, n):
            if aug[k][i] != 0:
                aug[[i, k]] = aug[[k, i]]
                break
    aug[i] = aug[i] / aug[i][i]
    for j in range(n):
        if j != i:
            aug[j] = aug[j] - aug[j][i] * aug[i]
print("\n")
print("HASIL GAUSS-JORDAN (RREF)")
print(np.round(aug, 3))
```

Hasil akhir dari proses ini adalah koefisien kontribusi genetik dalam bentuk vektor solusi.

5. Koefisien SPL (Persen Mentah)

Koefisien yang diperoleh dari hasil Gauss-Jordan kemudian dikonversi ke dalam bentuk persentase mentah dengan mengalikan nilai solusi dengan 100%.

Persentase mentah ini merupakan hasil aljabar murni, sehingga:

- Nilainya dapat bernilai negatif,
- Jumlah totalnya tidak harus sama dengan 100%.

```
# KOEFISIEN SPL (PERSEN MENTAH)
x = aug[:, -1]
label = ["Pak", "Mak", "Kakek", "Nenek"]
print("\n")
print("KOEFISIEN HASIL SPL (PERSEN MENTAH)")
for l, v in zip(label, x):
    print(f"{l:<7}: {v*100:6.2f}%")
```

Nilai negatif menunjukkan adanya kontribusi korektif atau kompensasi dalam pembentukan sifat anak, bukan berarti individu tersebut tidak berperan.

6. Normalisasi Kontribusi Genetik

Agar hasil lebih mudah diinterpretasikan secara proporsional, dilakukan proses normalisasi menggunakan nilai absolut dari setiap koefisien:

$$x_i^{norm} = \frac{|x_i|}{\sum |x|}$$

Proses ini menghasilkan distribusi kontribusi yang:

- Bernilai non-negatif,
- Memiliki total sebesar 100%.

```
# NORMALISASI
total = np.sum(np.abs(x))
x_norm = np.abs(x) / total
print("\n")
print("KONTRIBUSI SETELAH NORMALISASI (%)")
for l, v in zip(label, x_norm):
    print(f"{l:<7}: {v*100:6.2f}%")
```

Normalisasi tidak mengubah solusi SPL, melainkan hanya mengubah cara penyajian hasil agar lebih intuitif.

IV. ANALISIS

Hasil eliminasi Gauss-Jordan menunjukkan bahwa matriks augmentasi berhasil direduksi ke dalam bentuk Reduced Row Echelon Form (RREF). Pada bentuk ini, setiap baris memiliki satu elemen pivot bernilai satu, dan seluruh elemen lain pada kolom pivot bernilai nol.

Tidak ditemukannya baris nol maupun konflik persamaan mengindikasikan bahwa sistem persamaan linear yang dibentuk bersifat konsisten dan memiliki solusi tunggal.

Kondisi ini menegaskan bahwa vektor sifat Anak dapat direpresentasikan secara matematis sebagai kombinasi linear dari vektor haplotipe generasi sebelumnya dalam kerangka model yang digunakan.

Bentuk matriks identitas yang muncul pada empat kolom pertama RREF menunjukkan bahwa setiap variabel bebas dalam sistem memiliki satu nilai solusi yang terdefinisi dengan baik. Dengan kata lain, tidak terdapat variabel bebas yang tidak terikat ataupun redundansi persamaan.

Hal ini memperkuat validitas struktur dataset dan memastikan bahwa penyusunan matriks koefisien telah dilakukan secara tepat untuk memungkinkan analisis aljabar linear.

Koefisien yang diperoleh dari solusi sistem persamaan linear kemudian dinyatakan dalam bentuk persen mentah, yang merepresentasikan hasil aljabar murni dari sistem tanpa modifikasi skala.

Munculnya nilai negatif pada koefisien Pak dan Mak menunjukkan bahwa kontribusi kedua individu tersebut bersifat korektif atau kompensatoris terhadap pembentukan vektor sifat Anak.

Dalam konteks model linear multivariat, nilai negatif tidak merepresentasikan ketiadaan kontribusi, melainkan arah kontribusi yang berlawanan relatif terhadap basis vektor yang digunakan. Fenomena ini umum dijumpai pada pendekatan matematis seperti regresi linear dan analisis komponen utama.

Perlu ditekankan bahwa koefisien persen mentah tersebut belum dapat diinterpretasikan sebagai proporsi kontribusi genetik secara langsung.

Hal ini disebabkan oleh sifat solusi SPL yang masih berada dalam ruang aljabar, di mana jumlah total koefisien tidak dibatasi dan tanda negatif masih dipertahankan.

Oleh karena itu, interpretasi biologis atau konseptual terhadap nilai-nilai tersebut memerlukan tahap pemrosesan lanjutan.

Untuk memperoleh interpretasi yang lebih intuitif dan proporsional, dilakukan proses normalisasi terhadap nilai absolut koefisien SPL.

Normalisasi ini menghasilkan distribusi kontribusi relatif dengan total sebesar 100%, sehingga memungkinkan perbandingan kontribusi antarindividu secara langsung.

Hasil normalisasi menunjukkan bahwa Mak dan Nenek memberikan kontribusi relatif terbesar terhadap pembentukan sifat Anak, masing-masing sebesar 33.33%, sedangkan Pak dan Kakek memiliki kontribusi relatif yang lebih kecil.

Proses normalisasi ini dilakukan semata-mata untuk keperluan interpretasi dan tidak memengaruhi solusi matematis dari sistem persamaan linear yang telah diperoleh.

Dengan demikian, solusi SPL tetap valid secara aljabar, sementara hasil normalisasi berfungsi sebagai alat bantu untuk memahami pola kontribusi genetik dalam konteks makalah ini.

V. KESIMPULAN

Berdasarkan implementasi dan analisis sistem persamaan linear yang telah dilakukan, dapat disimpulkan bahwa pendekatan aljabar linear mampu digunakan sebagai kerangka konseptual untuk memodelkan hubungan haplotipe genetik secara sederhana dan terstruktur.

Melalui penyusunan dataset diskrit dan penyelesaian sistem persamaan linear menggunakan metode eliminasi Gauss-Jordan, diperoleh solusi yang konsisten dan memiliki interpretasi matematis yang jelas.

Hasil analisis menunjukkan bahwa vektor sifat Anak tidak dapat dijelaskan oleh satu individu saja, melainkan merupakan kombinasi linear dari kontribusi genetik Pak, Mak, Kakek, dan Nenek.

Hal ini sejalan dengan gagasan yang diangkat dalam meme "*Pak, Mak, Mengapa Aku Berbeda?*", di mana perbedaan sifat dipahami sebagai konsekuensi dari interaksi dan kombinasi berbagai sumber genetik, bukan penyimpangan dari salah satu pihak secara tunggal.

Koefisien hasil sistem persamaan linear memberikan gambaran arah dan besarnya kontribusi secara aljabar, termasuk kemungkinan kontribusi korektif yang ditunjukkan oleh nilai negatif.

Selanjutnya, proses normalisasi memungkinkan interpretasi kontribusi relatif dalam bentuk proporsi yang lebih intuitif tanpa mengubah solusi matematis yang diperoleh.

Dengan demikian, makalah ini menegaskan bahwa sistem persamaan linear tidak hanya relevan dalam konteks matematis murni, tetapi juga dapat dimanfaatkan sebagai alat bantu analisis konseptual dalam bidang genetika kuantitatif berbasis data diskrit.

Pendekatan ini juga menunjukkan bagaimana fenomena populer yang bersifat naratif, seperti meme, dapat dijadikan pintu masuk edukatif untuk menjelaskan konsep matematika dan komputasi secara lebih kontekstual.

Sebagai pengembangan lebih lanjut, model ini dapat diperluas dengan menambahkan lebih banyak atribut, menerapkan metode regresi atau pendekatan non-linear, serta mempertimbangkan faktor lingkungan untuk memperoleh representasi pewarisan sifat yang lebih mendekati kondisi biologis nyata.

VI. LAMPIRAN

Link Github:

<https://github.com/jonvernal/SPLHalpotipeGen>

Link Youtube:

<https://youtu.be/Hm3hyCWnFc4>

VII. UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada:

1. Tuhan Yang Maha Esa
2. Pak Arrival Dwi Sentosa, S.Kom., M.T. selaku dosen pengampu mata kuliah Aljabar Linear dan Geometri
3. Keluarga Bangun
4. Keluarga Sapiipa2
5. Keluarga KMP Pencemooh
6. Keluarga Barudak Coding
7. Keluarga PRD
8. Keluarga Medik KAT ITB "Nithvara Padyaseva"
9. Keluarga Cakru LFM ITB 2025/2026

REFERENCES

- [1] R. Munir, "Algeo-03: Sistem persamaan linier (SPL) - Bagian 1," slide mata kuliah IF2123 Aljabar Linier dan Geometri, Program Studi Teknik Informatika, Institut Teknologi Bandung, 2024. [Online]. <https://informatika.stei.itb.ac.id/~rinaldi.munir/AljabarGeometri/2025-2026/Algeo-03-Sistem-Persamaan-Linier-2025.pdf> [Diakses: 23 Desember 2025]
- [2] R. Munir, "Algeo-04: Tiga kemungkinan solusi SPL," slide mata kuliah IF2123 Aljabar Linier dan Geometri, Program Studi Teknik Informatika, Institut Teknologi Bandung, 2024. [Online]. <https://informatika.stei.itb.ac.id/~rinaldi.munir/AljabarGeometri/2025-2026/Algeo-04-Tiga-Kemungkinan-Solusi-SPL-2025.pdf> [Diakses: 23 Desember 2025]
- [3] R. Munir, "Algeo-04: Tiga kemungkinan solusi SPL," slide mata kuliah IF2123 Aljabar Linier dan Geometri, Program Studi Teknik Informatika, Institut Teknologi Bandung, 2024. [Online]. <https://informatika.stei.itb.ac.id/~rinaldi.munir/AljabarGeometri/2025-2026/Algeo-05-Sistem-Persamaan-Linier-2-2025.pdf> [Diakses: 23 Desember 2025]
- [4] Spada LMS Indonesia "Aljabar Linear Modul 1" [Online]. https://lmspada.kemdiktisaintek.go.id/pluginfile.php/762268/mod_resource/content/3/Modul%201%20%28SPL%20-%2000BE%29.pdf [Diakses: 24 Desember 2025]

- [5] Spada LMS Indonesia “Komputasi Numerik” [Online]
<https://lmsspada.kemdiktisaintek.go.id/mod/page/view.php?id=136952> [Diakses: 24 Desember 2025]
- [6] Anton, H. (2010). *Elementary Linear Algebra* (10th ed.). Wiley.
- [7] Kaabar, M. K. A. (2018). *A First Course in Linear Algebra: Study Guide for the Undergraduate Linear Algebra Course*.

PERNYATAAN

Dengan ini saya menyatakan bahwa makalah yang saya tulis ini adalah tulisan saya sendiri, bukan saduran, atau terjemahan dari makalah orang lain, dan bukan plagiasi.

Bandung, 24 Desember 2025



Jonathan Alveraldo Bangun 13524120