

Analisis Pewarisan Hemofilia Menggunakan Model Directed Acyclic Graph pada Struktur Silsilah

Nashiruddin Akram - 13524090¹

Program Studi Teknik Informatika

Sekolah Teknik Elektro dan Informatika

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

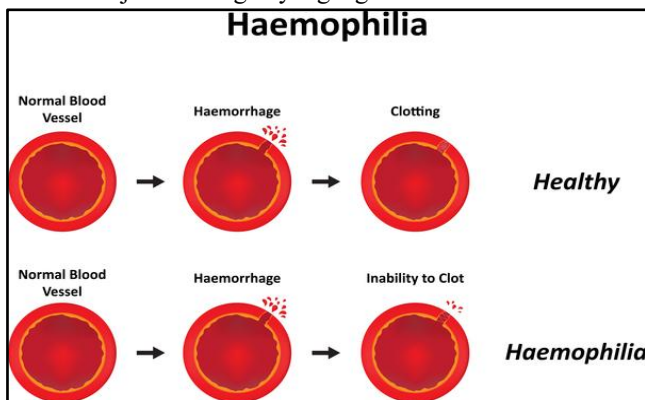
¹akrambaasir@gmail.com, 13524090@std.stei.itb.ac.id

Abstrak—Hemofilia, penyakit genetik X-linked resesif, menimbulkan tantangan dalam pelacakan pewarisan pada silsilah keluarga yang kompleks. Makalah ini mengusulkan pendekatan berbasis Directed Acyclic Graph (DAG) untuk merepresentasikan hubungan orang tua-anak, dipadukan dengan algoritma Depth-First Search (DFS) untuk mempropagasikan status genetik (normal, carrier, atau penderita) secara otomatis. Simulasi dilakukan pada silsilah fiktif dengan data berformat CSV, menggunakan library Python seperti graphviz untuk visualisasi dan library random untuk menangani probabilitas pewarisan. Hasil menunjukkan bahwa model ini mampu mengidentifikasi status genetik individu dengan akurat, sesuai aturan X-linked resesif. Visualisasi graf memberikan representasi hubungan kekerabatan yang jelas, sementara DFS memastikan efisiensi dalam menelusuri silsilah berskala besar. Pendekatan ini menawarkan solusi komputasional yang andal untuk analisis pewarisan genetik, dengan potensi aplikasi dalam konseling genetik dan penilaian risiko.

Kata Kunci— Hemofilia, Directed Acyclic Graph, Depth-First Search, Pewarisan Genetik, Silsilah

I. PENDAHULUAN

Hemofilia merupakan salah satu contoh penyakit genetik langka yang diwariskan secara X-linked resesif, dengan karakteristik pewarisan yang spesifik dan pola kemunculan yang cenderung lebih sering terjadi pada laki-laki. Dalam keluarga besar, terutama yang memiliki riwayat genetik serupa atau hubungan kekerabatan erat, pelacakan risiko pewarisan hemofilia menjadi tantangan yang signifikan.



Gambar 1. Hemofilia

Sumber : <https://medlineplus.gov/genetics/condition/hemophilia/>

Masalah utama dalam analisis pewarisan seperti ini terletak pada kompleksitas struktur silsilah keluarga dan kesulitan dalam

mengidentifikasi jalur genetik secara manual. Ketika jumlah individu dalam silsilah bertambah dan terjadi percabangan atau perkawinan antar cabang, pendekatan manual menjadi sangat tidak efisien dan rentan terhadap kesalahan.

Metode konvensional yang menggunakan struktur pohon atau graf tak berarah masih terbatas dalam menangani relasi biologis yang kompleks. Hal ini mendorong kebutuhan akan model representasi yang lebih fleksibel dan tepat secara topologis. Directed Acyclic Graph (DAG) menawarkan solusi dengan merepresentasikan hubungan orang tua-anak sebagai sisi terarah dan menjamin tidak adanya siklus—sesuai dengan sifat alami pewarisan genetik yang selalu bergerak dari generasi sebelumnya ke generasi berikutnya.

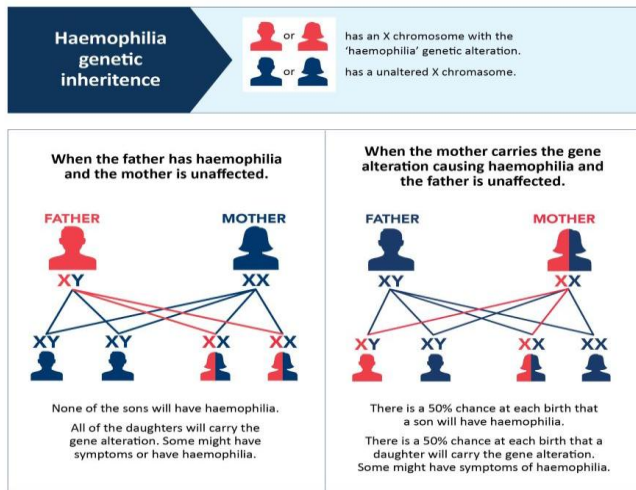
Makalah ini mengusulkan pendekatan berbasis pemodelan DAG yang dipadukan dengan algoritma traversal graf seperti Depth-First Search (DFS) untuk mendeteksi dan melacak pewarisan gen pembawa hemofilia secara otomatis. Dengan menandai status genetik tiap individu dan melakukan propagasi berdasarkan aturan pewarisan X-linked, sistem ini diharapkan mampu mengidentifikasi carrier dan penderita dengan akurasi tinggi dalam waktu yang efisien, bahkan untuk struktur silsilah berskala besar.

II. LANDASAN TEORI

A. Definisi dan Pewarisan Hemofilia

Hemofilia merupakan gangguan pembekuan darah yang diwariskan secara genetik dan ditandai oleh ketidakmampuan tubuh untuk memproduksi cukup faktor pembekuan, seperti faktor VIII (Hemofilia A) atau faktor IX (Hemofilia B). Akibatnya, luka kecil sekalipun dapat menyebabkan perdarahan yang sulit berhenti, dan dalam kasus parah, dapat terjadi perdarahan spontan pada sendi atau otot yang dapat menimbulkan kerusakan permanen.

Penyakit ini tergolong langka, namun dapat sangat berdampak pada kualitas hidup penderitanya, terutama karena gangguan pembekuan darah yang dapat menyebabkan perdarahan berkepanjangan. Hemofilia diturunkan sebagai penyakit X-linked resesif, artinya gen penyebabnya terletak pada kromosom X dan bersifat resesif. Karena sistem penentuan jenis kelamin pada manusia menggunakan kromosom XY untuk laki-laki dan XX untuk perempuan, pola pewarisan ini menghasilkan distribusi risiko yang tidak merata antar jenis kelamin. Laki-laki yang mewarisi kromosom X pembawa gen hemofilia akan langsung menjadi penderita, sementara perempuan cenderung menjadi carrier jika hanya membawa satu salinan gen tersebut.



Gambar 2. Diagram Pewarisan Hemofilia, diambil dari [1]

Karakteristik pewarisan X-linked resesif:

- Laki-laki (XY): hanya memiliki satu kromosom X. Jika X yang dimilikinya membawa gen hemofilia, ia akan menderita hemofilia.
- Perempuan (XX): memiliki dua kromosom X. Jika hanya satu yang membawa gen hemofilia, ia menjadi carrier (pembawa sifat) tanpa gejala klinis. Perempuan hanya akan menderita hemofilia jika kedua kromosom X membawa gen tersebut, yang sangat jarang terjadi.

Ayah	Ibu	Anak Laki-laki	Anak Perempuan
Normal (XY)	Normal (XX)	100% Normal	100% Normal
Normal (XY)	Carrier (X*X)	50% Normal, 50% Hemofilia	50% Normal, 50% Carrier
Hemofilia (X*Y)	Normal (XX)	100% Normal	100% Carrier
Hemofilia (X*Y)	Carrier (X*X)	50% Normal, 50% Hemofilia	50% Carrier, 50% Hemofilia (langka)

Tabel 1. Pewarisan Hemofilia Berdasarkan Genotipe Orang Tua

Sumber : <https://www.haemophilia.org.au/bleeding-disorders/haemophilia/haemophilia-inheritance/>

Beberapa prinsip dasar yang penting untuk dipahami dalam konteks pewarisan hemofilia:

1. Pada penyakit X-linked resesif, laki-laki (XY) butuh hanya satu alel X* untuk mengekspresikan penyakit (karena mereka hanya memiliki satu kromosom X). Perempuan (XX) butuh dua alel resesif (sangat jarang) untuk menunjukkan gejala.
2. Ayah yang menderita tidak akan menurunkan penyakit ke anak laki-lakinya (karena memberikan Y), tetapi semua anak perempuannya otomatis menjadi carrier.
3. Ibu carrier memiliki probabilitas 50% meneruskan alel X* ke anak-anaknya, dengan efek berbeda tergantung jenis kelamin anak

B. Graf

Dalam matematika diskrit, graf merupakan struktur dasar yang digunakan untuk merepresentasikan objek-objek diskrit dan hubungan antar objek tersebut. Sebuah graf didefinisikan

sebagai pasangan terurut,

$$G = (V, E)$$

Dengan V adalah himpunan tidak-kosong dari simpul-simpul (vertices), dan E adalah himpunan sisi (edges) yang menghubungkan sepasang simpul.

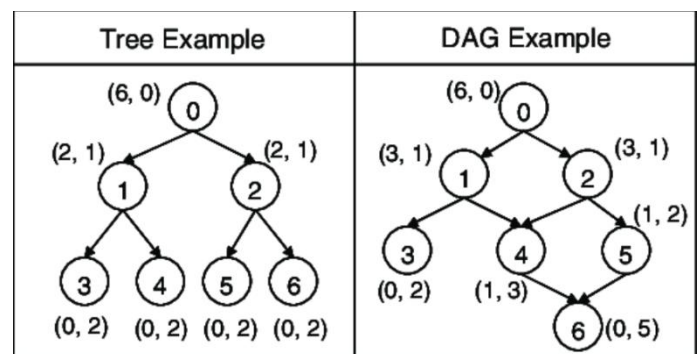
Dalam konteks silsilah keluarga, simpul pada graf merepresentasikan individu, sedangkan sisi menunjukkan hubungan orang tua-anak. Karena hubungan kekerabatan selalu bersifat satu arah—dari orang tua ke anak—dan tidak mungkin terjadi siklus (anak tidak mungkin menjadi leluhur dirinya sendiri), maka struktur yang digunakan harus berupa graf berarah tanpa siklus, atau Directed Acyclic Graph (DAG).

C. Directed Acyclic Graph (DAG)

Dalam matematika diskrit dan ilmu komputer, Directed Acyclic Graph (DAG) adalah struktur graf yang terdiri atas simpul-simpul yang saling terhubung oleh sisi berarah, dan yang paling penting—tidak memiliki siklus. Secara formal DAG adalah graf $G = (V, E)$, Dengan simpul V , dimana tidak terdapat urutan

$$v_1 \rightarrow v_2 \rightarrow \dots \rightarrow v_n \rightarrow v_1$$

Directed Acyclic Graph (DAG) memiliki sifat berarah dan tanpa siklus, sehingga ideal untuk merepresentasikan hubungan orang tua-anak dalam silsilah keluarga. Urutan topologisnya memungkinkan penyusunan generasi secara sistematis dan mendukung propagasi status genetik. Selain itu, DAG memudahkan pelacakan jalur pewarisan melalui analisis keterhubungan, dan dapat disederhanakan lewat transitive reduction tanpa kehilangan informasi penting.



Gambar 3. Perbedaan Tree (Pohon) dan Direct Acyclic Graph

Sumber : <https://tarunjain07.medium.com/dag-tree-5cc71c2c0c85>

Pemodelan silsilah keluarga sering kali dilakukan menggunakan struktur pohon (tree). Namun, pendekatan ini memiliki banyak keterbatasan yang dapat diatasi dengan menggunakan Directed Acyclic Graph (DAG). Berikut beberapa keunggulan DAG dibanding tree:

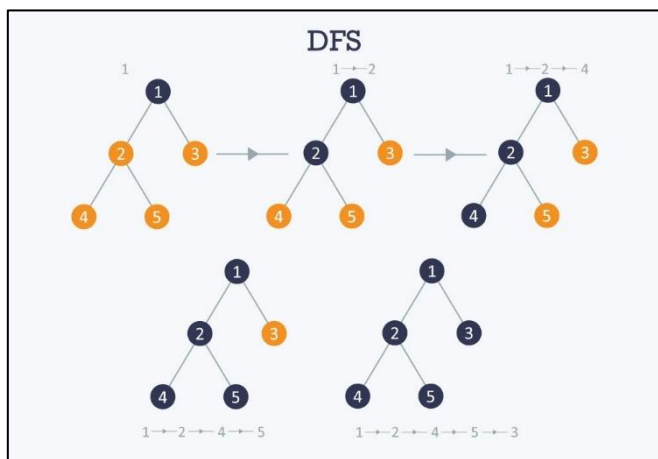
1. Mendukung dua parent biologis
Pada struktur pohon, setiap simpul hanya memiliki satu parent. Hal ini tidak realistis untuk silsilah manusia, di mana setiap anak memiliki dua orang tua. DAG memungkinkan satu simpul memiliki dua sisi masuk (dari ayah dan ibu).
2. Mendukung perkawinan silang antar cabang
Dalam silsilah nyata, pasangan bisa berasal dari dua cabang berbeda. Tree tidak bisa merepresentasikan hubungan silang ini tanpa menyebabkan struktur menjadi invalid, sementara DAG bisa menangani dengan benar.

3. Tidak terbatas pada satu root
Tree memiliki satu akar (root) sebagai asal struktur, tetapi dalam silsilah besar sering kali terdapat banyak pasangan leluhur yang tidak saling terhubung secara langsung. DAG dapat mengakomodasi multi-root secara alami.

D. Algoritma DFS (Depth-First Search) pada DAG

Depth-First Search (DFS) adalah algoritma traversal graf yang menelusuri setiap simpul dengan menjelajahi satu jalur sedalam mungkin sebelum kembali (backtrack) untuk menjelajahi jalur lain. DFS merupakan algoritma dasar dalam teori graf yang dapat digunakan pada graf berarah, tidak berarah, maupun graf berbobot dan tak berbobot.

Secara umum, proses DFS dimulai dari suatu simpul sumber, lalu menelusuri simpul anak pertama yang belum dikunjungi, kemudian anak dari simpul tersebut, dan seterusnya hingga mencapai simpul terminal atau simpul yang telah dikunjungi. Setelah itu, traversal mundur ke simpul sebelumnya untuk menjelajahi simpul anak lainnya.



Gambar 4. Langkah – Langkah Algoritma DFS

Sumber: <https://www.hackerearth.com/practice/algorithms/graphs/depth-first-search/tutorial/>

Langkah-langkah Umum Algoritma DFS :

1. Tentukan simpul awal sebagai sumber traversal, biasanya simpul individu yang telah diketahui status genetiknya (misalnya carrier atau penderita). Tandai simpul ini sebagai telah dikunjungi.
2. Telusuri setiap simpul anak yang terhubung langsung dan belum dikunjungi. Pilih salah satu anak untuk dilanjutkan terlebih dahulu.
3. Lanjutkan penelusuran secara mendalam ke simpul anak berikutnya, lalu ulangi proses yang sama secara rekursif.
4. Jika tidak ada simpul anak yang tersisa, lakukan backtracking ke simpul sebelumnya dan lanjutkan ke anak lainnya yang belum dikunjungi.
5. Traversal berakhir jika semua simpul yang terhubung dari sumber telah dikunjungi. Informasi dari simpul sumber dapat dipropagasikan sepanjang traversal ini, misalnya status pewarisan genetik.

Dalam pemodelan silsilah berbasis DAG, simpul merepresentasikan individu, sedangkan sisi berarah menunjukkan hubungan orang tua-anak. Algoritma DFS dapat dimanfaatkan untuk menelusuri seluruh keturunan dari individu tertentu, melacak jalur pewarisan genetik dari leluhur ke keturunan, serta melakukan propagasi status genetik

berdasarkan aturan pewarisan X-linked. Dengan demikian, DFS memungkinkan identifikasi siapa saja yang berpotensi menjadi carrier atau penderita dalam struktur silsilah secara sistematis.

III. METODOLOGI

Penelitian ini diawali dengan studi literatur mengenai pewarisan hemofilia, struktur silsilah keluarga, serta pemodelan menggunakan Directed Acyclic Graph (DAG). Kajian dilakukan untuk memahami bagaimana hubungan orang tua-anak dapat direpresentasikan dalam graf berarah tanpa siklus, dan bagaimana algoritma Depth-First Search (DFS) digunakan untuk menelusuri dan mempropagasikan status genetik dalam struktur tersebut.

A. Persiapan Data

Data yang digunakan berupa silsilah fiktif yang disusun untuk mensimulasikan berbagai pola pewarisan hemofilia. Setiap individu direpresentasikan sebagai simpul dengan atribut jenis kelamin dan status genetik, sementara relasi orang tua-anak sebagai sisi berarah.

Setiap individu dalam silsilah dimodelkan sebagai simpul (vertex) dalam graf, dengan atribut utama berupa identitas, jenis kelamin, status genetik awal (jika tersedia), dan relasi orang tua. Relasi orang tua-anak direpresentasikan sebagai sisi berarah (directed edge) dari orang tua ke anak. Silsilah dibangun secara bertingkat, mencakup tiga hingga lima generasi, dan disusun agar mencerminkan beragam skenario pewarisan, seperti pasangan dari cabang keluarga berbeda, individu dengan satu orang tua yang diketahui, serta percabangan keturunan multigenerasi.

Data disimpan dalam format CSV (Comma-Separated Values) dengan 7 kolom:

Kolom	Deskripsi
<i>ID</i>	Identitas unik individu
<i>Name</i>	Nama individu (untuk tampilan di graf)
<i>Gender</i>	Jenis kelamin: M (laki-laki), F (perempuan)
<i>FatherID</i>	ID dari ayah individu ini (boleh kosong jika tidak diketahui)
<i>MotherID</i>	ID dari ibu individu ini (boleh kosong jika tidak diketahui)
<i>Pasangan</i>	ID pasangan hidup (boleh kosong jika belum/tdk menikah)
<i>InitialStatus</i>	Status genetik awal: normal, carrier, penderita, atau kosong

Tabel 2. Pewarisan Hemofilia Berdasarkan Genotipe Orang Tua
Sumber : Dokumen Pribadi

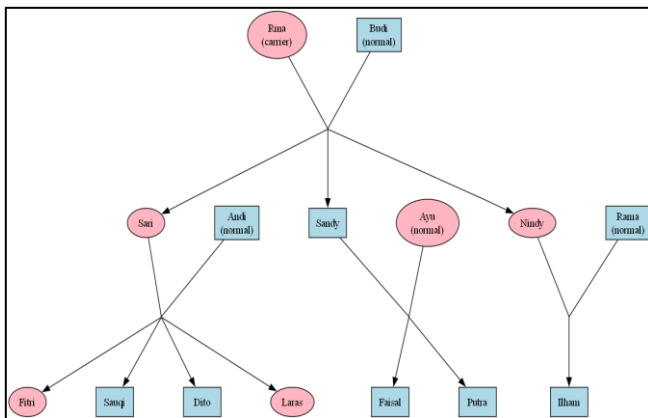
Untuk keperluan simulasi, satu individu perempuan ditetapkan sebagai carrier dan satu individu laki-laki sebagai normal pada generasi awal. Status genetik seluruh individu lainnya akan ditentukan melalui proses propagasi berbasis traversal graf.

B. Visualisasi Graf Dengan Python

Visualisasi ini berfungsi untuk memperjelas representasi relasi antarindividu serta jalur pewarisan status genetik secara visual, sehingga mempermudah pemahaman terhadap pola hubungan keluarga dan alur penyebaran hemofilia dalam silsilah.

Data silsilah dibaca dan disimpan ke dalam struktur data dictionary, yang memungkinkan akses dan pemetaan hubungan antarindividu dilakukan secara efisien, baik untuk keperluan visualisasi maupun proses analisis lanjutan.

Dalam graf yang dihasilkan, setiap individu divisualisasikan sebagai simpul (node) dengan bentuk dan warna berbeda berdasarkan jenis kelamin: simpul berbentuk persegi dan berwarna biru muda digunakan untuk laki-laki, sedangkan simpul berbentuk elips dan berwarna merah muda digunakan untuk perempuan. Label pada setiap simpul mencantumkan nama individu, serta status genetik apabila tersedia, seperti (normal), (carrier), atau (hemofilia).



Gambar 5. Visualisasi Awal Silsilah
Sumber : Dokumen Pribadi

C. Propagasi Status Genetik dalam Traversal DAG

Setelah struktur silsilah direpresentasikan sebagai graf berarah tanpa siklus (DAG), langkah selanjutnya adalah melakukan propagasi status genetik dari individu awal (misalnya carrier atau penderita) ke seluruh keturunan menggunakan algoritma Depth-First Search (DFS). Pemilihan DFS didasarkan pada kemampuannya untuk menelusuri jalur keturunan secara menyeluruh dari satu titik asal hingga ke generasi terbawah, mengikuti arah relasi biologis dari orang tua ke anak.

Dalam pemodelan ini, setiap simpul pada graf merepresentasikan seorang individu yang memiliki atribut biologis seperti jenis kelamin dan status genetik. Proses propagasi dilakukan dengan menjelajahi relasi orang tua-anak dalam graf, di mana setiap kali simpul anak dikunjungi, status genetiknya dihitung berdasarkan kombinasi status genetik kedua orang tuanya dan jenis kelamin anak tersebut.

Penentuan ini mengikuti prinsip pewarisan hemofilia yang bersifat X-linked recessive (dapat dilihat kembali pada Tabel 1), yaitu pola pewarisan di mana gen pembawa sifat penyakit terletak pada kromosom X. Oleh karena itu, kemungkinan seorang anak menjadi carrier atau penderita sangat bergantung pada bagaimana alel X diturunkan dari masing-masing orang tua. Dengan pendekatan ini, status seluruh

individu dalam silsilah dapat diturunkan secara sistematis dan konsisten, memungkinkan analisis pewarisan dilakukan secara menyeluruh pada struktur graf yang kompleks.

IV. IMPLEMENTASI

A. Library

```
1 import os
2 import random
3 from graphviz import Digraph
```

Gambar 6. Library yang Digunakan
Sumber : Dokumen Pribadi

Implementasi ini memanfaatkan beberapa pustaka yang sangat penting untuk mendukung pemodelan, propagasi status genetik, dan visualisasi silsilah keluarga dalam analisis pewarisan hemofilia. Library graphviz berperan sentral dalam menghasilkan visualisasi graf berarah tanpa siklus (Directed Acyclic Graph) yang merepresentasikan struktur silsilah keluarga, memungkinkan penyajian hubungan kekerabatan secara jelas dan terstruktur. Library os digunakan untuk mengatur jalur eksekusi Graphviz pada sistem operasi tertentu, seperti Windows, memastikan kompatibilitas dan kelancaran proses visualisasi. Terakhir, library random berfungsi untuk mensimulasikan probabilitas pewarisan genetik sesuai dengan aturan X-linked resesif, seperti menentukan peluang 50% bagi anak laki-laki dari ibu carrier untuk menjadi normal atau penderita hemofilia. Kombinasi library ini memungkinkan pembangunan struktur graf, propagasi status genetik secara akurat, dan visualisasi silsilah dengan efisiensi tinggi.

B. Mapping berdasarkan Pasangan & Anak

```
# Mapping pasangan → anak
marriages = {}
for id_, info in individuals.items():
    pasangan = info['pasangan']
    if pasangan:
        key = tuple(sorted((id_, pasangan)))
        marriages[key] = []

for id_, info in individuals.items():
    ayah = info['father_id']
    ibu = info['mother_id']
    if ayah and ibu:
        key = tuple(sorted((ayah, ibu)))
        if key in marriages:
            marriages[key].append(id_)
```

Gambar 7. Mapping Pernikahan
Sumber : Dokumen Pribadi

Proses pemetaan hubungan kekerabatan berperan sentral dalam membangun struktur Directed Acyclic Graph (DAG) yang merepresentasikan silsilah keluarga untuk analisis pewarisan hemofilia. Implementasi ini menggunakan struktur data dictionary berbasis Python untuk memetakan pasangan orang tua (marriage) ke daftar anak-anak mereka, memastikan representasi hubungan orang tua-anak yang akurat dan efisien. Proses ini dilakukan dalam dua tahap utama untuk

mengelompokkan relasi kekerabatan dengan tepat.

Pada tahap pertama, setiap individu dalam silsilah diperiksa untuk mengidentifikasi pasangan hidupnya berdasarkan atribut 'Pasangan' dalam data. Pasangan orang tua direpresentasikan sebagai tuple terurut dari ID kedua individu, yang memastikan konsistensi identifikasi pasangan tanpa memandang urutan input data. Tuple ini digunakan sebagai kunci dalam dictionary 'marriages', dengan nilai awal berupa daftar kosong untuk menyimpan ID anak-anak. Pendekatan ini meminimalkan duplikasi dan mendukung efisiensi dalam pengelolaan hubungan kekerabatan.

Pada tahap kedua, setiap individu dengan informasi ayah ('FatherID') dan ibu ('MotherID') yang valid dianalisis untuk menentukan pasangan orang tua mereka. Tuple terurut dari ID ayah dan ibu dibuat, dan jika tuple ini sesuai dengan pasangan yang telah terdaftar di dictionary 'marriages', ID individu tersebut ditambahkan ke daftar anak-anak pasangan tersebut. Proses ini memastikan bahwa semua anak dari suatu pasangan dikelompokkan secara sistematis, mendukung propagasi status genetik melalui algoritma Depth-First Search (DFS) dan visualisasi silsilah menggunakan pustaka 'graphviz'.

Struktur data ini memungkinkan representasi hubungan orang tua-anak sebagai sisi berarah dalam DAG, dengan simpul tambahan (marriage node) yang menghubungkan pasangan orang tua ke anak-anak mereka. Pendekatan ini tidak hanya memfasilitasi pelacakan jalur pewarisan genetik secara akurat, tetapi juga mendukung visualisasi yang jelas dan terstruktur, di mana hubungan kekerabatan disajikan dengan efisiensi tinggi sesuai dengan kebutuhan analisis silsilah berskala besar.

C. Determine_status (Fungsi Pewarisan Hemofilia)

```
# Fungsi probabilistik pewarisan hemofilia
def determine_status(mom_status, dad_status, gender):
    if gender == 'M':
        # Anak laki-laki -> X dari ibu, Y dari ayah
        if mom_status == 'carrier':
            return random.choice(['normal', 'penderita'])
        elif mom_status == 'penderita':
            return 'penderita'
        else:
            return 'normal'
    else:
        # Anak perempuan -> X dari ibu, X dari ayah
        if mom_status == 'carrier' and dad_status == 'penderita':
            return random.choice(['carrier', 'penderita'])
        elif mom_status == 'carrier' and dad_status == 'normal':
            return random.choice(['carrier', 'normal'])
        elif mom_status == 'penderita' and dad_status == 'normal':
            return 'carrier'
        elif mom_status == 'penderita' and dad_status == 'penderita':
            return 'penderita'
        else:
            return 'normal'
```

Gambar 8. Determine_status (Fungsi Pewarisan Hemofilia)
Sumber : Dokumen Pribadi

Fungsi `determine_status()` adalah fungsi untuk memastikan penentuan status genetik anak yang akurat dan sesuai dengan prinsip biologis. Fungsi ini dirancang untuk menghitung status genetik individu (normal, carrier, atau penderita) berdasarkan status genetik ibu, status genetik ayah, dan jenis kelamin anak, dengan memanfaatkan pustaka `random` untuk menangani probabilitas pewarisan dalam skenario tertentu. Implementasi ini mendukung propagasi status genetik dalam struktur Directed Acyclic Graph (DAG) dengan efisiensi tinggi, memungkinkan analisis silsilah keluarga yang kompleks secara sistematis.

Fungsi ini memproses dua kasus utama berdasarkan jenis kelamin anak. Untuk anak laki-laki (XY), status genetik

ditentukan oleh kromosom X yang diwarisi dari ibu, karena ayah hanya menyumbangkan kromosom Y. Jika ibu adalah carrier (XHXh), fungsi menggunakan `random.choice` untuk memilih antara status normal (XH) atau penderita (Xh) dengan probabilitas 50%, mencerminkan kemungkinan pewarisan alel hemofilia. Jika ibu adalah penderita (XhXh), anak laki-laki selalu menjadi penderita (XhY), sedangkan jika ibu normal (XHXH), anak laki-laki juga normal (XHY). Untuk anak perempuan (XX), status genetik ditentukan oleh kombinasi kromosom X dari ibu dan ayah. Fungsi ini mengevaluasi berbagai kombinasi, seperti ibu carrier dan ayah penderita (XHXh × XhY), yang menghasilkan peluang 50% untuk anak perempuan menjadi carrier (XHXh) atau penderita (XhXh), serta kasus lain seperti ibu penderita dan ayah normal (XhXh × XY) yang selalu menghasilkan anak perempuan carrier (XHXh).

D. Propagasi Status dengan DFS

```
# Propagasi status (DFS)
def propagate_status(current_id):
    for child_id, child in individuals.items():
        if child['status'] is None and child['father_id'] and child['mother_id']:
            if current_id in (child['father_id'], child['mother_id']):
                dad = child['father_id']
                mom = child['mother_id']
                if individuals[dad]['status'] and individuals[mom]['status']:
                    child['status'] = determine_status(
                        individuals[mom]['status'],
                        individuals[dad]['status'],
                        child['gender']
                    )
                propagate_status(child_id)
```

Gambar 9. Propagate_status (Propagasi dengan DFS)
Sumber : Dokumen Pribadi

Dengan memanfaatkan pendekatan rekursif berbasis algoritma Depth-First Search (DFS), fungsi `propagate_status()` memungkinkan penyebaran status genetik dari individu yang statusnya telah diketahui (seperti carrier atau penderita) ke seluruh keturunan sesuai arah pewarisan biologis, yaitu dari orang tua ke anak.

Logika utama fungsi ini dimulai dengan menelusuri anak-anak dari individu yang sedang diproses (`current_id`). Untuk setiap anak, sistem memverifikasi apakah kedua orang tuanya telah memiliki status genetik yang diketahui. Jika ya, maka status anak akan dihitung menggunakan fungsi `determine_status()`, yang mengacu pada aturan biologis pewarisan X-linked recessive berdasarkan jenis kelamin anak serta status genetik ayah dan ibu. Setelah status anak ditentukan, fungsi `propagate_status()` dipanggil kembali secara rekursif dengan anak tersebut sebagai simpul awal, sehingga proses propagasi dapat berlanjut ke generasi berikutnya.

Karena struktur silsilah dimodelkan sebagai Directed Acyclic Graph (DAG), propagasi ini dapat dilakukan tanpa risiko siklus atau pengulangan simpul. Hal ini memastikan bahwa setiap individu hanya diproses sekali, menjadikan algoritma ini efisien bahkan untuk struktur silsilah yang besar dan kompleks. Pendekatan ini tidak hanya sesuai dengan prinsip biologis pewarisan genetik, tetapi juga memungkinkan analisis risiko hemofilia secara komputasional dalam skala yang luas dan akurat.

E. Draw_graph (Fungsi Visualisasi Graf)

```
# Fungsi visualisasi
def draw_graph(indiv_map, marriages, filename):
    dot = Digraph(comment=filename)
    dot.attr(rankdir='TB', splines='polyline', nodesep='1', ranksep='1.2')

    def node_style(id, info):
        label = info['name']
        shape = 'box' if info['gender'] == 'M' else 'ellipse'
        fill = 'lightblue' if info['gender'] == 'M' else 'lightpink'
        if info['status']:
            if info['status'] == 'normal':
                label += '\n(normal)'
            elif info['status'] == 'carrier':
                label += '\n(carrier)'
            elif info['status'] == 'penderita':
                label += '\n(hemofilia)'
            label += '\n(hemofilia)'
        return {'label': label, 'shape': shape, 'style': 'filled', 'fillcolor': fill}

    for id, info in indiv_map.items():
        dot.node(id, **node_style(id, info))

    for (p1, p2), children in marriages.items():
        if children:
            marriage_id = f"marriage_{p1}_{p2}"
            dot.node(marriage_id, label="", shape="point", width="0.01")
            dot.edge(p1, marriage_id, arrowhead="none")
            dot.edge(p2, marriage_id, arrowhead="none")
            for child in children:
                dot.edge(marriage_id, child)
        else:
            with dot.subgraph() as s:
                s.attr(rank="same")
                s.edge(p1, p2, dir="none", constraint="false")

    dot.render(filename, format="png", cleanup=True)
```

Gambar 10. Draw_graph (Fungsi Visualisasi Graf)
Sumber : Dokumen Pribadi

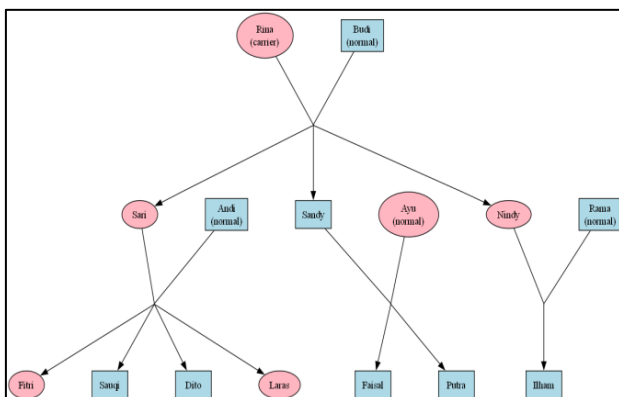
Fungsi `draw_graph()` menghasilkan visualisasi silsilah keluarga sebagai Directed Acyclic Graph (DAG) menggunakan pustaka `graphviz`. Fungsi ini menghasilkan graf yang menampilkan individu sebagai simpul, dengan bentuk persegi (biru muda) untuk laki-laki dan elips (merah muda) untuk perempuan, serta label yang mencakup nama dan status genetik (normal, carrier, atau hemofilia). Hubungan orang tua-anak digambarkan sebagai sisi berarah dari titik pernikahan ke anak, sementara pasangan tanpa anak dihubungkan dengan garis tak berarah. Visualisasi disimpan sebagai file PNG, memungkinkan analisis silsilah sebelum dan sesudah propagasi status genetik dengan representasi yang jelas dan efisien.

V. HASIL DAN PEMBAHASAN

Berdasarkan analisis pewarisan hemofilia menggunakan model Directed Acyclic Graph (DAG) pada silsilah keluarga yang diberikan, berikut adalah hasil dan pembahasan yang mencakup silsilah awal dan silsilah akhir setelah propagasi status genetik.

A. Silsilah Awal

Silsilah awal mencerminkan struktur hubungan keluarga sebelum dilakukan propagasi status genetik.



Gambar 11. Visualisasi Awal Silsilah
Sumber : Dokumen Pribadi

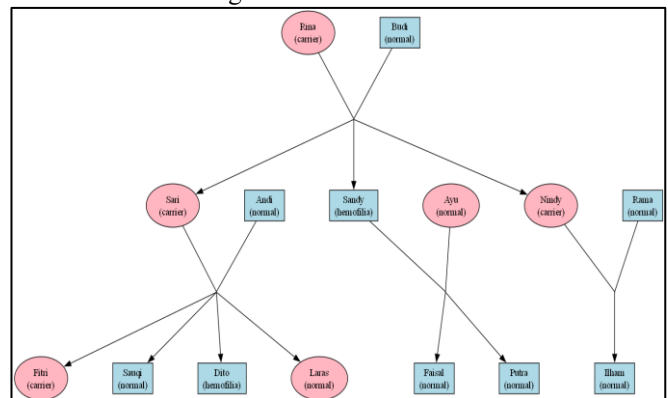
Data awal menunjukkan individu-individu dengan status

genetik yang telah diketahui (jika ada) dan hubungan orang tua-anak yang direpresentasikan dalam bentuk DAG. Dalam kasus ini:

- Individu dengan Status Genetik Terdefinisi (Individu yang Tidak Memiliki Parent atau Orang Tua):
 - Rina: Didefinisikan sebagai *carrier* (pembawa gen hemofilia).
 - Budi, Andi, Ayu, Rama: Didefinisikan sebagai normal (tidak membawa gen hemofilia).
- Individu dengan Status Genetik Tidak Terdefinisi (Individu yang Memiliki Parent atau orang tua):
 - Sari, Sandy, Nindy, Fitri, Sauqi, Dito, Laras, Faisal, Putra, Ilham: Status genetik belum ditentukan dan akan dihitung melalui proses propagasi.

B. Silsilah Akhir

Setelah menerapkan algoritma Depth-First Search (DFS) untuk propagasi status genetik berdasarkan aturan pewarisan X-linked resesif, status genetik seluruh individu dalam silsilah dapat ditentukan. Proses ini mengikuti prinsip pewarisan pada hemofilia sesuai dengan Tabel 1.



Gambar 12. Visualisasi Akhir Silsilah
Sumber : Dokumen Pribadi

Hasil propagasi menunjukkan:

- Sari (carrier), kemungkinan karena mewarisi alel X^* dari Rina.
- Andi (normal), karena tidak mewarisi alel X^* sebagai laki-laki.
- Sandy (hemofilia), sebagai laki-laki yang mewarisi alel X^* dari Rina.
- Ayu (normal), sebagai perempuan yang tidak mewarisi dua alel X^* .
- Nindy (carrier), kemungkinan mewarisi alel X^* dari Rina.
- Rama (normal), tidak mewarisi alel X^* sebagai laki-laki.
- Keturunan lanjutan seperti Fitri (carrier) dari Sari, Dito (hemofilia) dari Sandy, dan lainnya konsisten dengan pola pewarisan X-linked, dengan probabilitas yang dihitung menggunakan fungsi `determine_status()`.

Visualisasi silsilah akhir menunjukkan pembaruan status genetik pada setiap simpul, dengan label seperti (normal), (carrier), atau (hemofilia) yang mencerminkan hasil propagasi. Struktur DAG memastikan tidak ada siklus, dan propagasi DFS berhasil menelusuri seluruh keturunan secara efisien.

VI. KESIMPULAN

Penelitian ini berhasil mengembangkan model berbasis Directed Acyclic Graph (DAG) untuk menganalisis pewarisan hemofilia secara otomatis dalam struktur silsilah keluarga dengan memanfaatkan algoritma Depth-First Search (DFS). Pendekatan ini efektif mengatasi kompleksitas pelacakan risiko pewarisan hemofilia, penyakit genetik X-linked resesif, pada silsilah besar yang melibatkan hubungan biologis rumit seperti perkawinan silang dan multi-root. DAG merepresentasikan hubungan orang tua-anak sebagai sisi berarah tanpa siklus, lebih unggul dibandingkan struktur pohon konvensional karena mampu menangani dua orang tua biologis dan hubungan antar cabang.

Algoritma DFS memungkinkan propagasi status genetik (normal, carrier, atau penderita) secara efisien dan akurat, menelusuri seluruh keturunan berdasarkan aturan pewarisan X-linked resesif. Simulasi pada silsilah fiktif menunjukkan hasil konsisten, seperti Sari dan Nindy sebagai carrier serta Sandy dan Dito sebagai penderita, sesuai prinsip biologis. Visualisasi graf menggunakan pustaka graphviz memberikan representasi jelas dan terstruktur, memudahkan analisis pola pewarisan. Pendekatan ini menegaskan potensi integrasi teori graf dan prinsip genetik sebagai solusi komputasional yang andal untuk analisis pewarisan genetik, dengan aplikasi potensial dalam konseling genetik dan penilaian risiko.

VII. LAMPIRAN

Github : <https://github.com/Akram17t/MakalahMatdis>

VIII. SARAN DAN UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan syukur kepada Allah SWT atas segala rahmat dan kemudahan yang diberikan sehingga makalah ini dapat diselesaikan tanpa kendala berarti. Ucapan terima kasih juga disampaikan kepada kedua orang tua penulis yang senantiasa memberikan dukungan dan doa selama proses penyusunan makalah ini. Penulis juga menyampaikan apresiasi kepada Bapak Arrival Dwi Sentosa, S.Kom., M.T., selaku dosen pengampu mata kuliah IF1220 Matematika Diskrit, atas arahan dan materi perkuliahan yang menjadi dasar penelitian ini. Tidak lupa, penghargaan diberikan kepada rekan-rekan yang telah berkontribusi melalui diskusi dan masukan berharga yang sangat membantu dalam penyelesaian makalah ini.

Untuk pengembangan penelitian lebih lanjut, penulis mengusulkan beberapa langkah berikut :

1. Pengembangan model graf yang lebih canggih, seperti graf berbobot atau graf dengan atribut tambahan, untuk menghasilkan representasi visual yang menyerupai silsilah keluarga asli sehingga lebih mudah dipahami, meskipun implementasi ini belum dapat dilakukan karena keterbatasan waktu.
2. Penerapan model pada dataset silsilah keluarga nyata, bukan fiktif, guna memvalidasi keakuratan dan skalabilitas pendekatan Directed Acyclic Graph (DAG) dalam konteks dunia nyata.

Dengan adanya saran-saran ini, diharapkan penelitian selanjutnya dapat menghasilkan analisis pewarisan genetik yang lebih komprehensif dan alat komputasional yang lebih efektif untuk mendukung aplikasi seperti konseling genetik dan penilaian risiko penyakit.

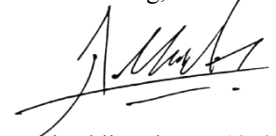
IX. REFERENSI

- [1] Haemophilia Foundation Australia, "Haemophilia Inheritance," [haemophilia.org.au](https://www.haemophilia.org.au/bleeding-disorders/haemophilia/haemophilia-inheritance/). [Online]. Available: <https://www.haemophilia.org.au/bleeding-disorders/haemophilia/haemophilia-inheritance/>. [Accessed: 19 Jun. 2025].
- [2] Centers for Disease Control and Prevention (CDC), "How Hemophilia is Inherited," [cdc.gov](https://www.cdc.gov/hemophilia/testing/how-hemophilia-is-inherited.html). [Online]. Available: <https://www.cdc.gov/hemophilia/testing/how-hemophilia-is-inherited.html>. [Accessed: 20 Jun. 2025].
- [3] R. Munir, "Graf (Bagian 1)," Matematika Diskrit, 2020. [Online]. Available: <https://informatika.stei.itb.ac.id/~rinaldi.munir/Matdis/2020-2021/Graf-2020-Bagian1.pdf>. [Accessed: 18 Jun. 2025].
- [4] GeeksforGeeks, "Introduction to Directed Acyclic Graph," [geeksforgeeks.org](https://www.geeksforgeeks.org/dsa/introduction-to-directed-acyclic-graph/), 08 Nov. 2023. [Online]. Available: <https://www.geeksforgeeks.org/dsa/introduction-to-directed-acyclic-graph/>. [Accessed: 19 Jun. 2025].
- [5] Tutorialspoint, "Depth First Traversal," [tutorialspoint.com](https://www.tutorialspoint.com/data_structures_algorithms/depth_first_traversal.htm). [Online]. Available: https://www.tutorialspoint.com/data_structures_algorithms/depth_first_traversal.htm. [Accessed: 20 Jun. 2025].
- [6] Graphviz Project, "Download," [graphviz.org](https://www.graphviz.org/download/), updated Jun. 2025. [Online]. Available: <https://www.graphviz.org/download/>. [Accessed: 19 Jun. 2025].

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, 8 Januari 2025



Nashiruddin Akram, 13524090