

INTISARI

PEMODELAN LINTASAN SINYAL RESEPTOR SEL T MENGGUNAKAN METODE CONTINUOUS TIME MARKOV CHAIN

Oleh

La Ode Sahlan Zulfadlih
12/336661/PPA/03843

Pemodelan komputasional merupakan salah satu cara yang efektif untuk memperoleh sebuah informasi dari suatu sistem biologis yang kompleks. Namun, terkadang model itu sendiri tidak bisa memberikan begitu saja informasi yang ada karena adanya semacam penghalang yang menghalangi untuk mendapatkannya. Misalkan, model dengan dinamika stokastik akan sulit untuk diinterpretasikan karena pada dasarnya model tersebut bersifat non-deterministik. Dengan adanya perilaku non-deterministik ini, model-model tersebut menjadi tidak mudah untuk menentukan untuk apakah suatu perilaku yang diamati berada dalam simulasi yang khas atau bersifat anomali.

Dalam penelitian ini kasus yang dihadapi adalah bagaimana cara untuk memodelkan sistem biologis pada salah satu reseptor yang ada pada sel imun, yaitu reseptor sel T. Metode yang dapat digunakan untuk memodelkan sistem tersebut adalah dengan menggunakan metode Continuous-time Markov Chain (CTMC). Metode ini sudah banyak digunakan oleh para peneliti untuk memodelkan suatu sistem biologis. Pemodelan dilakukan dengan menggunakan bantuan tool yang bernama PRISM.

Penelitian ini menunjukkan bahwa lintasan sinyal reseptor sel T selalu berawal dari sel yang tidak aktif dan untuk memulai dari sel yang aktif nilai probabilitasnya sangat kecil yaitu sebesar 0,00013%. Model yang dibangun pada penelitian ini menunjukkan nilai probabilitas sebesar 98% yang bermakna bahwa lintasan sinyal reseptor sel T dapat dilalui hingga sel aktif.

Kata kunci— Continuous-time Markov Chain, reseptor sel T, PRISM

ABSTRACT

MODELING T CELL RECEPTOR SIGNALING PATHWAY USING CONTINUOUS TIME MARKOV CHAIN METHOD

By

La Ode Sahlan Zulfadlih
12/336661/PPA/03843

Computational modeling is an effective way to gain information from a complex biological system. However, sometimes the model itself can not simply provide information that exists because of some kind of barrier that prevents it from getting it. For example, a model with stochastic dynamics would be difficult to interpret because the model is essentially non-deterministic. Given these non-deterministic behaviors, they are not easy to determine whether an observed behavior is in a typical or anomalous simulation.

In this study, the case is how to modeling the biological system on one of the receptors present in the immune cell, the T-cell receptor. The method can be used to model the system is by using the Continuous-time Markov Chain (CTMC) method. This method has been widely used by reseacrchers to model a abiological system. Modeling is done by using the help tool called PRISM.

This study shows that the signaling pathway of T cell receptor always starts from inactive cells and to start from active cell the probability value is very small that is 0,00013%. The model built in this study shows a probability value of 98% which means that the path of the T cell receptor signal can be traversed until the cell is active.

Keywords— Continuous-time Markov Chain, modeling, T-Cell Receptor.