

15

by Mahrus Mahrus

Submission date: 24-Aug-2020 11:31AM (UTC+0700)

Submission ID: 1373244542

File name: 15._Pemanfaatan..Proseding_Nas_Des_2013.pdf (244.42K)

Word count: 2950

Character count: 19957



PEMANFAATAN BIOINFORMATIKA PADA PEMBELAJARAN BIOLOGI DALAM MENYELESAIKAN PERMASALAHAN BIOLOGIS YANG MENDASAR DAN KOMPLEKS

Oleh

Mahrus

Program Studi Pendidikan Biologi

Email: mahrus@unram.ac.id

Abstrak

Bioinformatika sebagai suatu disiplin ilmu yang mempelajari penerapan teknik komputasi-nal untuk mengelola dan menganalisis informasi biologis telah banyak memberikan manfaat di dalam memecahkan permasalahan biologis yang mendasar dan kompleks, namun belum banyak dikenal dan dimanfaatkan oleh mahasiswa dan dosen. Contoh permasalahan biologis yang dapat diselesaikan oleh Bioinformatika adalah bagaimana mekanisme ekspresi gen, dan mengapa satu spesies mahluk hidup mempunyai fenotip berbeda. Makalah ini memberikan tinjauan kritis untuk menganalisis informasi dari beberapa sumber yang diakses melalui beberapa web site yang menyimpan data biologis seluruh dunia. Penyebaran program aplikasi bioinformatika melalui internet saat ini memudahkan mahasiswa, guru, ilmuwan mengakses program-program tersebut dan kemudian memudahkan pengembangannya. Berdasarkan kemudahan dalam mengakses data biologis tersebut, maka pembelajaran Biologi harus menekankan pada aspek pemahaman, penalaran, dan pemecahan masalah ketimbang menghafal fakta, terminologi, dan algoritma masalah. Bioinformatika dapat membantu mahasiswa, guru, dosen dan peneliti dalam memecahkan permasalahan biologis dengan menggunakan berbagai sumber database dan soft ware untuk berbagai kebutuhan, termasuk kebutuhan pembelajaran.

Kata kunci: Bioinformatika, permasalahan biologis, ekspresi gen, DNA.

PENDAHULUAN

Biologi sebagai salah satu disiplin Ilmu Pengetahuan Alam (sains) mengalami perkembangan sangat cepat dibandingkan dengan ilmu-ilmu lain. Perkembangan ini dapat dilihat dan dirasakan baik Biologi sebagai ilmu pengetahuan teoritis maupun sebagai bagian dari ilmu pengetahuan terapan (*applied sciences*) dalam menjawab berbagai permasalahan kemanusiaan. Sementara itu, perkembangan teknologi saat ini memungkinkan pengkajian biologi pada level molekuler penyusun organisme melalui biologi molekuler, banyak didukung oleh perkembangan teknik komputasi melalui bidang Bioinformatika. Awalnya Bioinformatika dikembangkan untuk analisis sekuens biologis, bioinformatika sekarang meliputi berbagai bidang studi termasuk Biologi Struktural, Genomik, dan studi Ekspresi Gen (Luscombe *et al.*, 2001).

Sesungguhnya dalam kurikulum pendidikan Sains:Biologi, Bioinformatika merupakan benang merah yang dapat menghubungkan banyak topik, antara lain: Genetika, Evolusi, Biologi Sel, Botani, Zoologi, Struktur dan Fungsi Protein, Asam Nukleat, Penyakit Genetik, dan lain-lain. Berdasarkan keterkaitan tersebut, maka



Bioinformatika dalam kurikulum pendidikan Biologi di FKIP Universitas Mataram memiliki peranan yang sangat penting di dalam menjawab permasalahan biologis pada makhluk hidup.

Kajian biologi pada bidang Bioinformatika saat ini tidak terlepas dari perkembangan biologi molekuler modern, dengan ditandai oleh kemampuan manusia untuk memahami genom, yaitu cetakbiru informasi genetik yang menentukan sifat setiap makhluk hidup yang disandi dalam bentuk pita molekul DNA (asam deoksiribonukleat). Kemampuan untuk memahami dan memanipulasi kode genetik DNA ini sangat didukung oleh teknologi informasi melalui perangkat-perangkat keras dan lunak.

Perkembangan informasi biologi yang begitu cepat sejak diselesaikannya urutan genomik makhluk hidup mulai dari bakteri pada tahun 1995, cacing dan manusia di tahun 2003, membuat data biologis membutuhkan suatu bentuk penyimpanan yang tertata dengan baik. Database genomik di GenBank mencatat sekitar 40 urutan genomik baru telah ditemukan yang mengandung 450-100.000 gen. Peningkatan jumlah data dan informasi yang harus disimpan, serta kebutuhan penggunaannya untuk berbagai keperluan menjadikan komputer sebagai satu-satunya alat yang ideal untuk menangani data dengan kuantitas melimpah.

Aprijani dan Elfaizi (2004) mengatakan bahwa penetrasi Teknologi Informasi dalam berbagai disiplin ilmu telah melipatgandakan perkembangan ilmu yang bersangkutan. Selanjutnya, aplikasi Teknologi Informasi dalam bidang biologi telah melahirkan bidang Bioinformatika. Kajian baru Bioinformatika ini tidak lepas dari perkembangan Biologi Molekuler Modern, yang ditandai dengan kemampuan manusia untuk memahami genom yang disandi dalam bentuk pita molekul DNA. Selain itu, dengan bantuan *software* atau program tertentu, analisisnya dapat dilakukan dalam waktu singkat. Kemunculan Bioinformatika tentu sangat diharapkan mampu mengorganisasi penyimpanan data biologis sehingga akan lebih memudahkan ilmuwan atau pengguna Bioinformatika lainnya mengakses dan mengunggah data terbaru ke dalam *database*, seperti database di GenBank. Program bioinformatika juga diharapkan dapat digunakan untuk menganalisis data biologi seperti genomik yang terkait urutan DNA organisme, proteomik yang terkait protein dalam sel/jaringan, atau metagenomik terkait genom mikroba, sehingga dapat mengungkap berbagai fenomena Sains Biologi (Councell, 2003). Dalam pembelajaran Sains Biologi, Bioinformatika dapat juga berperan sebagai penunjang, karena Bioinformatika menyediakan peralatan (tools) yang dapat dipakai untuk memahami fenomena biologis secara molekuler (Grisham *et al.*, 2010).

Lulusan program studi Pendidikan Biologi FKIP Universitas Mataram harus memiliki kemampuan penguasaan konsep Biologi Moderen dan memiliki kemampuan *life skill* sehingga mampu bersaing secara global. Konsep Biologi Moderen terfokus pada prinsip dan topik Biologi Kontemporer yang berkontribusi pada pemecahan problem biologi yang kompleks, oleh karena itu pembelajaran Biologi harus menekankan pada pemahaman, penalaran, dan pemecahan masalah ketimbang menghafal fakta, terminologi, dan algoritma masalah.

BEBERAPA PERMASALAHAN DALAM PEMBELAJARAN BIOLOGI

Bidang Bioinformatika yang menggabungkan beberapa disiplin ilmu pada dasarnya mencakup penerapan metode-metode matematika, statistika, dan informatika untuk memecahkan masalah-masalah biologis (Councell, 2003; Azhar, 2008; Alberts *et*



al., 2008; Roy *et al.*, 2010; Gnimpieba *et al.*, 2013). Beberapa permasalahan biologis dalam pembelajaran biologi yang perlu dicarikan jawabannya melalui pemanfaatan Bioinformatika adalah:

1. Bagaimana mekanisme komunikasi sel dalam tubuh makhluk hidup ?
2. Mengapa sel pada makhluk hidup berkembang menjadi sel-sel yang spesifik dan berbeda-beda?
3. Mengapa satu spesies makhluk hidup dari habitat berbeda, memberikan fenotif yang berbeda dan juga nama spesiesnya berbeda padahal memiliki sekuens nucleotide sama?
4. Faktor-faktor apa saja yang mempengaruhi ekspresi gen. dan bagaimana mekanismenya?
5. Bagaimana protein disintesis dan DNA direplikasi ?
6. Bagaimana mendapatkan dan mengetahui penggunaan sekuens DNA dan asam amino dan informasi yang terkait ?
7. Bagaimana membuat prediksi struktur untuk meramalkan bentuk struktur protein maupun struktur sekunder RNA ?

Pertanyaan-pertanyaan tersebut tidak pernah terjawab secara jelas ketika sedang berlangsung proses pembelajaran Melalui pemanfaatan Bioinformatika dengan menggunakan database makhluk hidup yang tersimpan pada GenBank yang diakses melalui internet baik itu berupa sekuens DNA, RNA, protein, referensi, model struktur protein, dan lainnya dapat membantu menjawab pertanyaan tersebut.

SUMBER DATABASE YANG DAPAT DIAKSES MELALUI INTERNET

Berdasarkan macam informasi biologis yang tersimpan, database sekuens biologis dapat berupa database primer untuk menyimpan sekuens primer asam nukleat maupun protein, database sekunder untuk menyimpan motif sekuens protein, dan database struktur untuk menyimpan data struktur protein maupun asam nukleat. Berikut ini beberapa contoh sumber database yang dapat diakses melalui internet sebagai berikut (Roy *et al.*, 2010; Grisham *et al.*, 2010):

1. GenBank

Database utama untuk sekuens asam nukleat saat ini bersumber dari GenBank (Amerika Serikat), EMBL (Eropa), dan DDBJ (Inggris) (*DNA Data Bank of Japan, Jepang*). Ketiga database tersebut bekerja sama dan bertukar data secara harian untuk menjaga keluasan cakupan masing-masing database. Sumber utama data sekuens asam nukleat adalah submisi langsung dari periset individual, proyek sekuensing genom, dan pendaftaran paten. Selain berisi sekuens asam nukleat, entri dalam database sekuens asam nukleat umumnya mengandung informasi tentang jenis asam nukleat (DNA atau RNA), nama organisme sumber asam nukleat tersebut, dan pustaka yang berkaitan dengan sekuens asam nukleat tersebut. Web site Genbank yang dapat digunakan untuk akses database makhluk hidup adalah <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

2. PIR, Swiss-Prot, TrEMBL dan UniProt

Selain GenBank, contoh lain dari beberapa database penting yang menyimpan sekuens primer protein adalah PIR (*Protein Information Resource*, Amerika Serikat), Swiss-Prot (Eropa), dan TrEMBL (Eropa). Ketiga database tersebut telah digabungkan dalam UniProt (yang didanai terutama oleh Amerika Serikat). Entri dalam UniProt mengandung informasi tentang sekuens protein, nama organisme sumber protein,



pustaka yang berkaitan, dan komentar yang umumnya berisi penjelasan mengenai fungsi protein tersebut.

3. PDB (*Protein Data Bank*)

Bank Data Protein adalah database tunggal yang menyimpan model struktural protein tiga dimensi dan asam nukleat hasil penentuan eksperimental yang biasanya didapatkan dengan menggunakan Kristalografi Rintisan-X, Spektroskopi NMR dan Mikroskopi Elektron. PDB menyimpan data struktur sebagai koordinat tiga dimensi yang menggambarkan posisi atom-atom dalam protein ataupun asam nukleat. Melalui pemanfaatan Bioinformatika dengan menggunakan soft ware I-Tasser, perkiraan model struktur protein tiga dimensi dapat dibuat berdasarkan database sekuen asam aminonya yang diakses dari sumber Bank Data Protein maupun GenBank melalui internet.

APLIKASI BIOINFORMATIKA DALAM PEMBELAJARAN BIOLOGI

Pemanfaatan Bioinformatika dalam menyelesaikan permasalahan biologis pada Pembelajaran Biologi, Bioinformatika tidak bisa berdiri sendiri dan harus didukung oleh disiplin ilmu lain yang saling bantu dan saling menunjang sehingga bermanfaat untuk kepentingan manusia. Bidang dan topic yang terkait dengan Bioinformatika diantaranya adalah: Biophysics, Computational Biology, Matematika Biologi, Genetika, Evolusi, Biologi Sel, Botani, Zoologi, Struktur dan Fungsi Protein, Asam Nukleat, Penyakit Genetik, dan lain-lainnya. Dari keterkaitan antara bidang dan topik dalam pembelajaran biologi, sesungguhnya Bioinformatika dalam kurikulum pendidikan Biologi memainkan peran penting di dalam menjawab permasalahan biologis pada makhluk hidup. Berikut ini beberapa bentuk aplikasi dari pembelajaran Bioinformatika pada pembelajaran Biologi, sebagai berikut:

1. Penyejajaran (*alignment*) sekuens DNA

Sekuens DNA dari satu atau dua bahkan lebih dari 3 spesies makhluk hidup dapat dianalisis dengan menggunakan berbagai keperluan. Langkah awal dalam analisis ini adalah penyejajaran sekuens (*sequence alignment*). Metode alignment bebas (*Alignment-free methods*) merupakan metode yang paling banyak digunakan dalam melakukan penyejajaran sekuens.

Boden *et al.* (2013) menyatakan bahwa metode alignment bebas semakin banyak digunakan untuk analisis genom dan rekonstruksi filogenetik, karena metode tersebut dapat menghindari berbagai kesulitan dari pendekatan tradisional yang mengandalkan beberapa keberpihakan sekuens (urutan). Selain itu, metode ini bekerja jauh lebih cepat daripada metode berbasis keselarasan, dan sebagian besar pendekatan keselarasan bebas bekerja dengan menganalisis komposisi sekuens k-mer. Penggunaan simulasi dan data sekuens DNA makhluk hidup di dunia nyata, menunjukkan bahwa pendekatan ini menghasilkan pohon filogenetik yang lebih baik daripada metode alignment bebas yang mengandalkan kedekatan k-mer. karena jarak dihitung dengan spasi k-mer yang secara statistika lebih stabil daripada jarak yang dihitung berdasarkan kedekatan k-mer.

Salah satu kegunaan dari penyejajaran sekuens makhluk hidup adalah untuk mempelajari evolusi sekuens-sekuens dari leluhur yang sama (*common ancestor*). Penyejajaran sekuens adalah proses penyusunan/pengaturan dua atau lebih sekuens sehingga persamaan sekuens-sekuens tersebut tampak nyata. Ketidakcocokan (*mismatch*) dari hasil proses *alignment* diasosiasikan dengan proses mutasi, sedangkan



kesenjangan (*gap*, tanda "-") diasosiasikan dengan proses insersi atau delesi Baris sekuens dalam suatu *alignment* diberi sisipan (umumnya dengan tanda "-") sedemikian rupa sehingga kolom-kolomnya memuat karakter yang identik atau sama di antara sekuens-sekuens tersebut, sedangkan tanda "|" menunjukkan kecocokan atau *match* di antara kedua sekuens. Salah satu contoh *alignment* DNA dari dua sekuens pendek DNA yang berbeda, "ccatcaac" dan "caatgggcaac" disajikan pada Gambar 1

c	c	a	t	-	-	-	c	a	a	c
c	a	a	t	g	g	g	c	a	a	c

Gambar 1. Alignment dua sekuens pendek DNA yang berbeda

Berdasarkan hasil alignment tersebut, kedua sekuens bisa jadi berevolusi dari sekuens yang sama "caatgggcaac". Selain itu juga, hasil alignment tersebut menunjukkan posisi-posisi yang dipertahankan (*conserved*) selama evolusi dalam sekuens-sekuens protein, yang menunjukkan bahwa posisi-posisi tersebut bisa jadi penting bagi struktur atau fungsi protein tersebut.

Selain metode sequence alignment, BLAST adalah salah satu metode *alignment* yang sering digunakan dalam penelusuran database sekuens menggunakan algoritma heuristik, dan algoritma yang mendasari kerja BLAST adalah penyejajaran sekuens. Sebagai salah satu metode analisis database sekuens biologis, penelusuran BLAST (*BLAST search*) pada database sekuens memungkinkan ilmuwan atau pengguna Bioinformatika lainnya dapat mencari sekuens asam nukleat maupun protein yang mirip dengan sekuens tertentu yang dimilikinya. Hasil penelusuran ini sangat bermanfaat dalam menemukan gen sejenis pada beberapa spesies mahluk hidup, dan juga digunakan untuk memeriksa keabsahan hasil sekuensing maupun untuk memeriksa fungsi gen hasil sekuensing. Metode alignment lainnya adalah Clustal, merupakan program bioinformatika untuk *alignment* beberapa sekuens sekaligus, dikenal dengan nama *alignment* multipel (*multiple alignment*).

2. Prediksi Struktur Protein 3 Dimensi (3D)

Bentuk struktur protein secara kimia-fisika sesungguhnya dapat digambarkan dengan kristalografi sinar-X ataupun spektroskopi NMR, namun kedua metode tersebut sangat memakan waktu dan relatif mahal. Sementara itu, metode sekuensing protein relatif lebih mudah mengungkapkan sekuens asam amino protein. Prediksi struktur protein berusaha meramalkan struktur tiga dimensi protein berdasarkan sekuens asam aminonya, atau meramalkan struktur tersier dan struktur sekunder berdasarkan struktur primer protein.

Model prediksi struktur protein 3 dimensi menurut Fogolari *et al.* (2012), penggunaan prosedur algoritma sangat berguna dan lebih cepat di dalam menganalisis struktur protein 3D, karena membatasi pembandingnya hanya pada struktur paling mirip. Struktur 3D berkaitan erat dengan fungsi protein masing-masing seperti yang dilaporkan oleh Kashida *et al.* (2012), struktur molekul protein 3D pada umumnya mengungkapkan fungsi molekul-molekul. Pendekatan desain molekul 3D secara luas diterapkan untuk mengembangkan perangkat baru dalam biologi sintesis, dan sangat jarang digunakan untuk membangun perangkat molekul yang berfungsi efisien dalam sel hidup.



3. Analisis ekspresi gen

Azhar (2008) mengatakan bahwa sesungguhnya mekanisme pengekspresian sebuah gen memiliki banyak prasyarat yang harus dipenuhi, dan tidak sekedar dipengaruhi oleh factor tunggal. Selanjutnya, Ekspresi gen dapat ditentukan dengan mengukur kadar mRNA dengan berbagai macam teknik seperti dengan microarray ataupun Serial Analysis of Gene Expression (Grisham *et al.*, 2010) . Teknik-teknik tersebut umumnya diterapkan pada analisis ekspresi gen skala besar yang mengukur ekspresi banyak gen (bahkan genom) dan menghasilkan data skala besar. Metode-metode penggalian data (*data mining*) diterapkan pada data tersebut untuk memperoleh pola-pola informatif. Sebagai contoh, metode-metode komparasi digunakan untuk membandingkan ekspresi di antara gen-gen, sementara metode-metode kluster (*clustering*) digunakan untuk mempartisi data tersebut berdasarkan kesamaan ekspresi gen.

4. Analisis Hubungan Kekerbatan

Pada dasarnya, konsep spesies dalam klasifikasi yang didasarkan pada bukti morfologi dapat didukung oleh bukti fitokimia (metabolit sekunder). Penggunaan sifat kimia dan sekuens DNA untuk memecahkan masalah taksonomi banyak terbukti, tetapi pada beberapa kasus bukti morfologi dan fitokimia tidak sejalan dengan bukti genetik, sehingga menghasilkan sistematika yang berbeda. Untuk mempelajari spesies dan hubungan kekerabatannya berdasarkan bukti genetik dapat dijelaskan melalui Bioinformatika.

Satu contoh hasil penelitian hubungan kekerabatan dua spesies ikan laut kaya omega-3 seperti yang dilaporkan oleh Mahrus *et al.* (2012) pada Gambar 2, ternyata *Sardinella lemuru* di Selat Lombok berada satu kelompok dengan *Sardinella aurita* di beberapa negara seperti di perairan Tunisia, Australia, Belgia, dan beberapa Negara di Afrika, Amerika, dan Eropa. Hasil penelitian ini mempertegas bahwa hubungan kekerabatan antara *Sardinella lemuru* di selat Lombok sangat dekat sekali dengan *Sardinella lemuru* di beberapa negara. Perbedaan morfologi yang sangat mencolok antara *S. lemuru* di Selat Lombok dengan *S. aurita* adalah terletak pada ukuran tubuhnya yaitu *S. aurita* lebih panjang dari *S.lemuru*. Perbedaan ukuran tubuh kedua spesies ikan ini lebih disebabkan oleh sejumlah faktor lingkungan seperti yang dilaporkan oleh Kinsey *et al.* (1994)

<i>S. aurita</i>	GGAAGCTTGAACCCCTGACACGAAAGTAGCTTTACCTTCTCCTGAACCCACGATAGCTGGGGCACAACCT	140
<i>S. lemuru</i>	GGAAGCTTGAACCCCTGATACGAAAGTAGCTTTATCTTCTCCTGAACCCACGATAGCTGGGGCACAACCT	
<i>S. aurita</i>	TAGGAAGAAATGGGCTACATTATCTGAGACAGATTATTCACGGAGGGTCACCTGAAACGGCGACCCGAAG	490
<i>S. lemuru</i>	TAGGAAGAAATGGGCTACATTATCTGAAACAGATTATTCACGGAGGGTCACCTGAAACGGCGACCCGAAG	

Gambar 2. Homolog gen 12S rRNA antara *S. aurita* dan *S. lemuru*. olimorfisme terjadi hanya dalam 3 pasang basa dari gen sepanjang 575 pasang basa. Penomoran sekuens berdasarkan sekuens *S. aurita* 12S rRNA.



Fenomena lain adalah 2 spesies ikan ekonomis penting *Oncorhynchus masou* dan *Oncorhynchus mykiss* berasal dari habitat berbeda memiliki sekuens nucleotide gen 12S rRNA yang sama memperlihatkan fenotip yang berbeda pula. Berdasarkan sekuens nucleotide tersebut mestinya ikan tersebut adalah satu spesies. Hasil analisis ini menunjukkan bahwa pengaruh gen terhadap fenotip relative stabil, sedangkan pengaruh lingkungan terhadap fenotip selalu berubah (tidak stabil). Karakteristik lain yang membedakan kedua spesies tersebut adalah produk omega-3, masing-masing adalah 4,4% untuk *Oncorhynchus masou* dan 15,7% untuk *Oncorhynchus mykiss* (Ota *et al.*, 1978; Chen *et al.*, 2006).

PENUTUP

Berdasarkan pada permasalahan biologis makhluk hidup yang dapat diselesaikan menggunakan pendekatan Bioinformatika pada pembelajaran Biologi, maka dapat disimpulkan bahwa Bioinformatika dalam kurikulum pendidikan Biologi memainkan peran penting di dalam menjawab permasalahan biologis pada makhluk hidup. Selain itu, Bioinformatika dapat meningkatkan kualitas pembelajaran biologi.

Saran yang bisa disampaikan melalui tulisan ini adalah Bioinformatika perlu diberikan kepada mahasiswa Program Studi Pendidikan Biologi baik secara parsial maupun terintegrasi untuk membantu menyelesaikan permasalahan biologis makhluk hidup.

DAFTAR PUSTAKA

- 6
Alberts, B., A. Johnson, J. Lewis, M. Raff, K. Roberts, P. Walter. 2008. *Molecular Biology of The Cell*. Fifth Edition. Garland Science, USA.
- Aprijani, D.W dan M. A. Elfaizi. 2004. *Bioinformatika: Perkembangan, Disiplin Ilmu dan Penerapannya di Indonesia*. <http://www.gnu.org/copyleft/fdl.html>. Diakses tanggal 23 November 2013
- 9
Azhar, T. N. 2008. *Dasar-Dasar Biologi Molekular: Menelusuri Jejak Hayati dari Asam Nukleat ke Protein dan "Keajaiban" Bioteknologi*. ISBN: 978-602-8323-22-2. Widya Padjadjaran.
- 5
Boden, M., M. Schöneich, S. Horwege, S. Lindner, C. Leimeister, and B. Morgenstern. 2013. *Alignment-free sequence comparison with spaced k-mers*. Paper presented on *German Conference on Bioinformatics 2013 (GCB'13)*, pp. 24–34. Schloss Dagstuhl – Leibniz-Zentrum für Informatik, Dagstuhl Publishing, Germany.
- 3
Chen, Y-C, J. Nguyen, K. Semmens, S. Beamer, J. Jaczynsk. 2006. *Enhancement of Omega-3 Fatty Acid Content in Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*) Fillets*. *Journal of Food Science*, 71(7): 383–389.
- 12
Councill, D. 2003. *A review of bioinformatics education in the UK*. *Briefings in Bioinformatics*, Vol. 4 (1): 7-21.
- 10
Fogolari, F., A. Corazza, P. Viglino, G. Esposito. 2012. *Fast structure similarity searches among protein models: efficient clustering of protein fragments*. Abstract. *Algorithms Mol Biol.*, 7(1): 16 [PMID: 22642815].



- Gnimpieba, E.Z., D. Jennewein, L. Fuhrman, C. M. Lushbough. 2013. Bioinformatics Knowledge Transmission (training, learning, and teaching): overview and flexible comparison of computer based training approaches. *arXiv preprint arXiv:1310.8383*.
- 15 Grisham, W., N.A. Schottler, J. Valli-Marill, L. Beck, and J. Beatty. 2010. Teaching Bioinformatics and Neuroinformatics by Using Free Web-based Tools. *CBE—Life Sciences Education*, Vol. 9(2): 98–107.
- 7 Kashida, S., T. Inoue, and H. Saito. 2012. Three-dimensionally designed protein-responsive RNA devices for cell signaling regulation. Abstract. *Nucleic Acids Res.*, 40(18): 9369-78 [PMID: 22810207].
- 2 Kinsey, S.T., T. Orsoy, T.M. Bert, and B. Mahmoudi. 1994. Population structure of the Spanish sardine *Sardinella aurita*: natural morphological variation in a genetically homogeneous population. *Marine Biology*, 118(2): 309-317.
- 13 Luscombe, N.M., D. Greenbaum, M. Gerstein. 2001. *What is bioinformatics? An introduction and overview*. Paper review. Department of Molecular Biophysics and Biochemistry, Yale University New Haven, USA.
- 8 Mahrus, S. B. Sumitro, D. H. Utomo, A. Sartimbul, A. H. Toha, and N. Widodo. 2012. Genetic relationship of *Sardinella lemuru* from Lombok strait with fish rich in omega-3 fatty acid. *Bioinformation*, 8(25): 1271-1276.
- Ota, T., T. Takagi, and T. Terao. 1978. Changes in Fatty Acid Composition of Masu Salmon, *Oncorhynchus masou*, Reared in Sea Water. *Bull. Fac. Fish. Hokkaido Univ.*, 29(2): 155-163.
- 4 Roy, A., A. Kucukural, Y. Zhang. 2010. I-TASSER: a unified platform for automated protein structure and function prediction. *Nat Protoc.*, 5(4) :725–738.

ORIGINALITY REPORT

14%

SIMILARITY INDEX

%

INTERNET SOURCES

14%

PUBLICATIONS

%

STUDENT PAPERS

PRIMARY SOURCES

- 1** Rosa Dewi Pratiwi, Rina Hidayati Pratiwi, Shafa Noer. "PENINGKATAN KOMPENTENSI GURU BIOLOGI MELALUI PELATIHAN PENGGUNAAN APLIKASI BIOINFORMATIKA", QARDHUL HASAN: MEDIA PENGABDIAN KEPADA MASYARAKAT, 2017 **5%**

Publication
- 2** Jacalyn L. Toth. "Defining bottlenose dolphin (*Tursiops truncatus*) stocks based on environmental, physical, and behavioral characteristics", Marine Mammal Science, 06/2011 **1%**

Publication
- 3** Karolina Kwasek, Andrew L. Thorne-Lyman, Michael Phillips. "Can human nutrition be improved through better fish feeding practices? a review paper", Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2020 **1%**

Publication
- 4** "Protein Structure Modeling in Drug Design", In Silico Drug Discovery and Design, 2015. **1%**

5

Leimeister, C.-A., M. Boden, S. Horwege, S. Lindner, and B. Morgenstern. "Fast alignment-free sequence comparison using spaced-word frequencies", *Bioinformatics*, 2014.

Publication

6

Urban Karlsson, Michael Druzin, Staffan Johansson. "Cl⁻ concentration changes and desensitization of GABAA and glycine receptors", *The Journal of General Physiology*, 2011

Publication

7

Wen Wang, Wanyi Tai. "RNA binding protein as monodisperse carriers for siRNA delivery", *Medicine in Drug Discovery*, 2019

Publication

8

H. Mahrus, Lalu Zulkifli, Dewa Ayu Citra Rasmi, Prapti Sedijani. "Preparation and quality evaluation of sardines sauce rich in omega-3 using the combination of pineapple fruit extracts and fermentation times", *Journal of Food Science and Technology*, 2020

Publication

9

Asriah Nurdini Mardiyyaningsih. "Teknik Isolasi DNA Sel Hati Ayam Secara Tradisional", *Jurnal Pendidikan Matematika dan IPA*, 2013

Publication

1%

1%

1%

1%

1%

10

Michal Jamroz, Andrzej Kolinski. "ClusCo: clustering and comparison of protein models", BMC Bioinformatics, 2013

Publication

11

"Neuroscience in the 21st Century", Springer Science and Business Media LLC, 2016

Publication

12

Alexander S Mikheyev, Jigyasa Arora. "Using experimental evolution and next-generation sequencing to teach bench and bioinformatic skills", PeerJ, 2015

Publication

13

Ning Lan, R. Jansen, M. Gerstein. "Toward a systematic definition of protein function that scales to the genome level: defining function in terms of interactions", Proceedings of the IEEE, 2002

Publication

14

Tommi Kajander, Aitziber L. Cortajarena, Simon Mochrie, Lynne Regan. "Structure and stability of designed TPR protein superhelices: unusual crystal packing and implications for natural TPR proteins", Acta Crystallographica Section D Biological Crystallography, 2007

Publication

15

James A. L. Brown. "Evaluating the effectiveness of a practical inquiry-based

1%

<1%

<1%

<1%

<1%

<1%

learning bioinformatics module on undergraduate student engagement and applied skills", Biochemistry and Molecular Biology Education, 2016

Publication

16

"Protein-Protein Interaction Networks", Springer Science and Business Media LLC, 2020

<1%

Publication

17

Aziz A. Fallah. "Comparative assessment of proximate composition, physicochemical parameters, fatty acid profile and mineral content in farmed and wild rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) : Differentiation of farmed and wild rainbow trout", International Journal of Food Science & Technology, 04/2011

<1%

Publication

Exclude quotes Off

Exclude matches Off

Exclude bibliography Off