

<b>MATA KULIAH</b>	<b>Nama Mata Kuliah</b> : <b>Komputasi Biologi</b>
	<b>Kode MK</b> : <b>SM235234</b>
	<b>Kredit</b> : <b>3 sks</b>
	<b>Semester</b> : <b>2</b>

**DESKRIPSI MATA KULIAH**

Komputasi Biologi adalah bidang ilmu interdisipliner yang menggabungkan matematika, biologi, ilmu komputer, dan statistik untuk menganalisis dan menginterpretasikan data biologis. Komputasi Biologi telah digunakan untuk analisis *in silico* dari kueri biologis menggunakan pendekatan matematika dan ilmu komputer.

**CAPAIAN PEMBELAJARAN LULUSAN YANG DIBEBANKAN MATA KULIAH**

CPL-1	Mampu menunjukkan sikap dan karakter yang mencerminkan: ketakwaan kepada Tuhan Yang Maha Esa, etika dan integritas, berbudi pekerti luhur, peka dan peduli terhadap masalah sosial dan lingkungan, menghargai perbedaan budaya dan kemajemukan, menjunjung tinggi penegakan hukum mendahulukan kepentingan bangsa dan masyarakat luas, melalui kreatifitas dan inovasi, eksekusi, kepemimpinan yang kuat, sinergi, dan potensi lain yang dimiliki untuk mencapai hasil yang maksimal
CPL-2	Mampu mengembangkan dan memecahkan permasalahan ilmu pengetahuan dan teknologi dalam bidang Matematika melalui riset dengan pendekatan inter atau multidisiplin hingga menghasilkan karya inovatif dan teruji dalam bentuk tesis dan makalah yang telah diterima di jurnal ilmiah nasional terakreditasi atau diterima di seminar internasional bereputasi
CPL-3	Mampu mengelola pembelajaran diri sendiri, dan mengembangkan diri sebagai pribadi pembelajar sepanjang hayat untuk bersaing di tingkat nasional, maupun internasional, dalam rangka berkontribusi nyata untuk menyelesaikan masalah dengan mengimplementasikan teknologi informasi dan komunikasi dan memperhatikan prinsip keberlanjutan
CPL-4	Mampu menyelesaikan masalah matematika dengan menerapkan pernyataan, metode, dan perhitungan matematika yang dasar
CPL-5	Mampu menganalisis masalah matematika dalam salah satu bidang: analisis, aljabar, pemodelan, sistem, optimasi atau ilmu komputasi
CPL-6	Mampu bekerja dan meneliti secara kolaboratif masalah matematika baik dalam bidang matematika murni, matematika terapan atau ilmu komputasi
CPL-7	Mampu mengkomunikasikan dan mempresentasikan ide matematika dengan jelas dan koheren, baik secara tertulis maupun lisan
CPL-8	Mampu mengidentifikasi dan menjelaskan kualitas permasalahan matematika yang kompleks

**CAPAIAN PEMBELAJARAN MATA KULIAH**

1. Mampu menjelaskan konsep dasar mutasi dan alignment dan pendekatan pemodelan matematika komputasi untuk penyelesaian masalah didalamnya
2. Mampu menyelesaikan dan membandingkan pensejajaran dua sequence menggunakan pendekatan algoritma berbasis pemrograman dinamik dan mampu mengenali kelemahan algoritma Needleman-Wunsch dan Smith Waterman. dan menjelaskan alternatif perbaikan untuk sequence homolog
3. Mampu membandingkan beberapa algoritma berbasis pemrograman dinamik dan model stokastik untuk menyelesaikan multiple sequence alignment dan mampu menjelaskan pemodelan proses mutasi menggunakan pendekatan model stokastik
4. Mampu menjelaskan konsep modulus structure theory dan menghubungkannya dengan sequence alignment dan mampu merancang struktur pohon phylogenetic untuk menentukan kedekatan antar sequence dari beberapa spesies yang berbeda

### **POKOK BAHASAN**

- Sekilas Biologi Molekular: molekul, gula, asam nukleat, nukleotida, DNA, RNA, protein, asam amino, struktur protein.
- Proses Transkripsi dan Translasi dari DNA ke protein.
- Sumber-sumber Big Data dan tools Komputasi Biologi
- Probabilitas dan Mutasi: variabel random, beberapa distribusi probabilitas penting, rantai Markov Chains, algoritma Metropolis–Hastings, Markov Random Fields and Gibbs Sampler, dan Maximum Likelihood.
- Optimisasi Kombinatorik: Lagrange Multipliers, Gradient Descent, Heuristics yg berhubungan dg Simulated Annealing, Aplikasi Monte Carlo, dan Algoritma Genetika
- Entropy dan Aplikasinya ke Biologi Molekular: Theory Entropy, Shannon ke Boltzmann, Analisis Genomic Sederhana, dan algoritmaa Segmentasi Genomik.
- Sequence Alignment: Contoh motivasi, matriks skor, Global Pairwise Sequence Alignment. Local Pairwise Sequence Alignment, Metode Jarak, Metode Similaritas.
- Multiple Sequence Alignment: Pairwise Alignment to Process Multiple Sequences dan Kriteria Optimasi dari MSA
- Pohon Filogenetika: Metode Parsimony, metode jarak, Model Evolutionar, Model Jukes-Cantor, Model Kimura, Model Felsenstein, Model Hasegawa-Kishino-Yano (HKY) dan Metode Maximum Likelihood.

### **PRASYARAT**

-

### **PUSTAKA**

Gautam B. Singh, Fundamentals of Bioinformatics and Computational Biology: Methods and Exercises in MATLAB, Springer, 2015

### **PUSTAKA PENDUKUNG**

1. Ka-Chun Wong, Computational Biology and Bioinformatics, CRC Press -Taylor & Francis Group, 2016

2. Clote P. & R. Backofen, Computational Molecular Biology: Mathematic approach, John Wiley & Sons, 2000
3. Mathwork, Bioinformatics Toolbox™ User's Guide, 2016