

MATA KULIAH	Nama Mata Kuliah : Bioinformatika
	Kode MK : KM186113
	Kredit : 3 sks
	Semester : 1

DESKRIPSI MATA KULIAH	
Permasalahan aplikasi komputer semakin penting dalam bidang bioinformatika dan menawarkan banyak tantangan dari sudut pandang proses komputasi. Dalam mata kuliah ini, mahasiswa akan mendapatkan kemampuan untuk memformulasikan permasalahan bioinformatika, khususnya analisis sequence kedalam bentuk model komputasi dan menyelesaikannya dengan bantuan perangkat lunak. Selain itu, mahasiswa akan mempelajari beberapa alternatif penyelesaian dalam analisis sequence. Untuk memperdalam pemahaman, mahasiswa akan mengimplementasikannya dengan Matlab serta menggunakan konsep yang diberikan untuk mengungkapkan kembali dan/atau mengkomunikasikan gagasan-gagasan terkait dengan bidang matematika baik secara tertulis maupun lisan dengan kinerja individu maupun secara berkelompok dalam kerjasama tim. Topik-topik yang dibahas meliputi penyelesaian masalah sequence alignment, pemodelan stokastik untuk analisis mutasi, super pairwise alignment dan multiple alignment, dan rekonstruksi pohon filogenetika. Model pembelajaran dilakukan melalui tutorial dan diskusi dalam kelas/lab. Selain diarahkan untuk belajar mandiri melalui tugas-tugas, peserta didik diarahkan untuk bekerjasama dalam kerja kelompok. Penilaian hasil belajar dilakukan melalui evaluasi tulis, tugas-tugas mandiri, dan kemampuan menulis dan mempresentasikan tugas yang diberikan.	
CAPAIAN PEMBELAJARAN LULUSAN YANG DIBEKANKAN MATA KULIAH	
3.1.3	Mampu menguasai dan mengembangkan konsep-konsep matematika bidang matematika komputasi.
3.2.3	Mampu mengkonstruksi algoritma komputasi untuk menyelesaikan permasalahan yang terkait.
4.1.2	Mampu menerapkan pokok-pokok matematika bidang Pemodelan dan Optimasi Sistem untuk mendukung riset bidang lingkungan, pemukiman, kelautan, energi, atau teknologi informasi.
4.1.3	Mampu menerapkan pokok-pokok matematika bidang Komputasi untuk mendukung riset bidang lingkungan, pemukiman, kelautan, energi, atau teknologi informasi.
4.2.2	mampu melakukan uji/simulasi secara numerik untuk mengetahui kinerja suatu metode komputasi.
CAPAIAN PEMBELAJARAN MATA KULIAH	
• Mampu memformulasikan permasalahan bioinformatika kedalam bentuk model komputasi dan menyelesaikannya dengan bantuan perangkat lunak. • Mampu memilih alternatif penyelesaian pensejajaran sequence (sequence alignment) • Mampu menerapkan algoritma pensejajaran sequence dan struktur network untuk mengidentifikasi mutasi genetik.	
POKOK BAHASAN	
• Sequence Alignment • Lipatan Protein	

- Pohon Filogenetika

PRASYARAT

-

PUSTAKA

1. Isaev, Alexander, "Introduction to Mathematical Methods in Bioinformatics", Springer-Verlag, 2004
2. Shen, Shiyi Nankai, "Theory and Mathematical Methods for Bioinformatics", Springer-Verlag, 2008.

PUSTAKA PENDUKUNG

Ian Korf, Mark Yandell, Joseph Bedell, "Basic Local Alignment Search Tools" Oreilly, 2003.