

MATA KULIAH	Nama Mata Kuliah : Komputasi Biologi
	Kode MK : KM185374
	Kredit : 3 sks
	Semester : 3

DESKRIPSI MATA KULIAH

Ilmu yang mempelajari penerapan teknik komputasional untuk mengelola dan menganalisis informasi biologis. Bidang ini mencakup penerapan metode-metode matematika, statistika, dan komputasi untuk memecahkan masalah-masalah biologis, terutama dengan menggunakan sekuens DNA dan asam amino serta informasi yang berkaitan dengannya. Contoh topik utama bidang ini meliputi basis data untuk mengelola informasi biologis, penyejajaran sekuens (*sequence alignment*), prediksi struktur untuk meramalkan bentuk struktur protein maupun struktur sekunder RNA, analisis filogenetik, dan analisis ekspresi gen.

CAPAIAN PEMBELAJARAN LULUSAN YANG DIBEBANKAN 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.
4.1.3	Mampu menerapkan pokok-pokok matematika bidang Komputasi untuk mendukung riset bidang lingkungan, pemukiman, kelautan, energi, atau teknologi informasi.
4.2.1	Mampu melakukan kajian tentang keakuratan suatu model matematis dari suatu permasalahan inter- atau multi-disiplin.
4.2.2	Mampu melakukan uji/simulasi secara numerik untuk mengetahui kinerja suatu metode komputasi.

CAPAIAN PEMBELAJARAN MATA KULIAH

1. Mahasiswa mampu menjelaskan konsep dasar mutasi dan alignment dan pendekatan pemodelan matematika komputasi untuk penyelesaian masalah didalamnya.
2. Mahasiswa mampu menyelesaikan dan membandingkan penyejajaran dua sequence menggunakan pendekatan algoritma berbasis pemrograman dinamik

3. Mahasiswa mampu mengenali kelemahan algoritma Needleman-Wunsch dan Smith Waterman dan menjelaskan alternatif perbaikan untuk sequence homolog 4. Mahasiswa mampu membandingkan beberapa algoritma berbasis pemrograman dinamik dan model stokastik untuk menyelesaikan multiple sequence alignment 5. Mahasiswa mampu menjelaskan pemodelan proses mutasi menggunakan pendekatan model stokastik 6. Mahasiswa mampu menjelaskan konsep modulus structure theory dan menghubungkannya dengan sequence alignment 7. Mahasiswa mampu menjelaskan penggunaan algoritma Sequence Pairwise Alignment untuk pensejajaran dua sequence dan membandingkannya dengan pendekatan Dynamic Programming 8. Mahasiswa mampu merancang struktur pohon phylogenetic untuk menentukan kedekatan antar sequence dari beberapa spesies yang berbeda 9. Mahasiswa mampu mengimplementasikan algoritma yang berkaitan dengan sequence analysis menggunakan perangkat lunak opensource dan Matlab serta mampu membandingkan hasilnya
POKOK BAHASAN
• Sequence Alignment • Lipatan Protein • Pohon Filogenetika
PRASYARAT
—
PUSTAKA
1. Isaev, Alexander, <i>“Introduction to Mathematical Methods in Bioinformatics”</i>, Springer-Verlag, 2004 2. Shen, Shiyi Nankai, <i>“Theory and Mathematical Methods for Bioinformatics”</i>, Springer-Verlag, 2008 3. Ian Korf, Mark Yandell, Joseph Bedell, <i>“Basic Local Alignment Search Tools”</i> Oreilly, 2003