

## **Pemanfaatan *Bioinformatics Tools* dalam Pembelajaran Genetika Bagi Dosen Pendidikan Biologi di Salah Satu Universitas Di Ternate**

Disubmit 4 Desember 2024, Direvisi 5 Desember 2024, Diterima 15 Desember 2024

Indah Juwita Sari<sup>1\*</sup>, R. Ahmad Zaky El Islami<sup>2</sup>, Suparman Suparman<sup>3</sup>, Anas Lutfi<sup>4</sup>

<sup>1,4</sup>Jurusan Pendidikan Biologi, Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan,  
Universitas Sultan Ageng Tirtayasa, Serang, Indonesia

<sup>2</sup>Jurusan Pendidikan IPA, Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan,  
Universitas Sultan Ageng Tirtayasa, Serang, Indonesia

<sup>3</sup>Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan, Universitas Khairun, Ternate, Indonesia

Email Korespondensi: \*indah.juwitasari@untirta.ac.id

### **Abstrak**

Tujuan kegiatan ini adalah untuk mengenalkan *bioinformatics tools* dalam pembelajaran genetika bagi dosen pendidikan biologi di salah satu Universitas di Ternate, Indonesia. *Bioinformatics tools* yang dikenalkan adalah *Sequence Manipulation Suite* (SMS) dan BLAST dari NCBI (*National Center for Biotechnology Information*). Metode yang digunakan pada kegiatan ini adalah studi kasus dengan teknik observasi. Partisipan dalam kegiatan ini adalah Dosen Pendidikan Biologi di salah satu Universitas di Ternate, Indonesia. Hasil dari kegiatan ini diperoleh bahwa *Bioinformatics tools* diantaranya adalah *Sequence Manipulation Suite* (SMS) dan BLAST dari NCBI (*National Center for Biotechnology Information*). Dapat disimpulkan bahwa pemanfaatan *bioinformatics tools* seperti *Sequence Manipulation Suite* (SMS) dan BLAST dari NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) dapat digunakan dalam proses pembelajaran genetika di kelas dalam pembelajaran genetika Abad 21 untuk mahasiswa pendidikan biologi. Direkomendasikan pemanfaatan *bioinformatics tools* dalam proses pembelajaran genetika di kelas dalam pembelajaran genetika Abad 21 untuk mahasiswa pendidikan biologi.

Kata Kunci: *Bioinformatics Tools*, Pembelajaran Genetika, Dosen Pendidikan Biologi, Ternate

### **PENDAHULUAN**

Kurikulum di Indonesia saat ini telah berorientasi pada keterampilan abad 21 untuk mendukung Era Industri 4.0. abad 21, dimana teknologi khususnya teknologi informasi dan “komputer” ada dimana-mana, selain literasi digital, penguasaan ilmu “informatika” sangat dibutuhkan, agar masyarakat Indonesia tidak hanya pengguna teknologi, tetapi juga memajukan bangsa. dan negara Indonesia melalui karya “digital” pendukung penyelesaian masalah kehidupan yang semakin kompleks dan membuat hidup semakin nyaman (Liem, 2018). Berdasarkan pendapat tersebut, bioinformatika dapat menjadi salah satu cara bagi mahasiswa untuk menerapkan ilmu komputer sebagai pemikiran matematis atau desain rekayasa dan menggunakan data biologi (*Indonesian Department of National Education*, 2003).

Pendidikan bioinformatika dalam konsep biologi terdiri dari genetika, mutasi, evolusi, biokimia, interaksi protein dalam sel, regulasi gen dan teknologi DNA (Campbell dan Heyer, 2003). Bioinformatika memberikan strategi ideal untuk belajar mengajar biologi yang diharapkan dapat menghasilkan dan meningkatkan genetika molekuler. Banyak sumber untuk mengajar bioinformatika di *website* dan gratis, seperti *tools* Entrez, Blast-N, Blast-P, ClustalW, ORF Finder, Primary3Plus, dan Jmol (Machluf & Yarden, 2017). Bahasa pemrograman juga

digunakan untuk bioinformatika, seperti Python, aplikasi R, Java, Linux, dan sebagainya (Sari *et al.*, 2022). Menurut Porter *et al.* (2007), tujuan pengajaran keterampilan bioinformatika memiliki kesamaan dengan tujuan pembelajaran biologi dalam membantu mahasiswa lebih memahami konsep dasar genetika molekuler.

Bagi dosen pendidikan biologi, pemanfaatan *bioinformatics* dapat meningkatkan kualitas pembelajaran genetika. Melalui perangkat lunak ini, dosen dapat memberikan materi yang lebih dinamis dan interaktif, serta memfasilitasi mahasiswa untuk melakukan penelitian mandiri dan eksplorasi lebih lanjut terhadap materi genetik. Selain itu, integrasi teknologi informasi dalam pembelajaran juga berpotensi menciptakan lingkungan belajar aktif, kreatif, dan menyenangkan, terutama pada topik-topik yang dianggap sulit seperti materi genetika (Ningrum, 2017).

Penelitian terdahulu tentang bioinformatika, seperti Ningrum *et al.* (2017) penggunaan bioinformatika dalam matakuliah bioteknologi menunjukkan perlunya variasi pembelajaran pada matakuliah Bioteknologi menggunakan bioinformatika. Selanjutnya, penggunaan bioinformatika dalam pembelajaran genetika sudah terbukti efektif di SMPN 20 Mataram melalui pelatihan penggunaan aplikasi bioinformatika meningkatkan kompetensi guru IPA Biologi dalam bidang teknologi, informasi, dan komputer melalui *tools bioinformatic* seperti MEGA, BLAST, dan BioEdit untuk memahami materi genetika (Mahrus *et al.*, 2021). Masih sangat terbatas pemanfaatan *bioinformatics* melalui *tools Sequence Manipulation Suite* (SMS) dan BLAST dari NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) dalam pembelajaran genetika abad 21 untuk mahasiswa biologi. Sehingga penelitian ini bertujuan untuk aplikasi pemanfaatan *bioinformatics tools* bagi dosen pada materi genetika.

## **METODE**

Metode yang digunakan dalam kegiatan ini adalah studi kasus, pendekatan kualitatif deskriptif (Sakiah & Effendi, 2021), dan teknik pengambilan datanya observasi. Partisipan dalam penelitian ini adalah Dosen Pendidikan Biologi di salah satu Universitas di Ternate, Indonesia. Kegiatan pemanfaatan *bioinformatics tools* dilaksanakan pada bulan Juni 2024 bertempat di salah satu Universitas di Ternate, Indonesia. Hasil data dianalisis menggunakan teknik analisis deskriptif dengan mendeskripsikan tahapan penggunaan *Bioinformatics tools* yang dikenalkan adalah *tools Sequence Manipulation Suite* (SMS) dan BLAST dari NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) dalam pembelajaran genetika bagi Dosen Pendidikan Biologi di salah satu Universitas di Ternate, Indonesia.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Bioinformatika adalah sebuah bidang interdisipliner yang saat ini mengalami perkembangan pesat dan mencakup berbagai disiplin ilmu, termasuk ilmu Biologi yang berfokus pada pemahaman kehidupan melalui kajian organisme dan sistem biologis; ilmu komputer yang merupakan perangkat lunak, serta ilmu informasi yang berperan dalam pengelolaan, penyimpanan, dan penyebaran data biologis dengan efisien (Sari, 2022). Pengaplikasian bioinformatika dalam ilmu Biologi khususnya pada materi genetika memiliki tujuan utama untuk menganalisis, mengelola, serta menginterpretasi data-data biologis yang sangat kompleks dan beragam, termasuk data yang terkait dengan molekul-molekul penting seperti DNA, RNA, dan protein (Nurfadillah *et al.*, 2023; Pradana *et al.*, 2019; Sari *et al.*, 2022).

Proses pembelajaran Biologi khususnya pada materi genetika sangat memerlukan sumber belajar tambahan yang dapat digunakan agar dapat memberikan hasil proses pembelajaran yang menarik dan berbobot, salah satu sumber belajar yang dapat digunakan dosen pendidikan Biologi yaitu Bioinformatika dengan menggunakan tools yang tersedia (Pradana *et al.*, 2019). Hal tersebut selaras pada penelitian mengenai pembelajaran melalui bioinformatika yang dikembangkan melalui media digital bernama *Bioinformatics Module* berisi pembelajaran bermakna Biologi, perangkat lunak media pembelajaran bioinformatics module dapat diakses melalui link [https://bit.ly/e-BIMO\\_O3](https://bit.ly/e-BIMO_O3) (El islami & Sari, 2023), sehingga penerapan bioinformatics tools dalam pembelajaran genetika bagi dosen pendidikan Biologi dapat dilakukan menggunakan tools bioinformatics yaitu *Sequence Manipulation Suite* (SMS) dan BLAST dari NCBI (*National Center for Biotechnology Information*).

*Sequence Manipulation Suite* (SMS) merupakan tools Bioinformatika yang dapat digunakan untuk mengelola, menghasilkan, dan menganalisis urutan DNA dan protein (Abriata, 2017). Penelitian yang dilakukan oleh Stothard (2000) menjelaskan bahwa perangkat lunak SMS merupakan tools berupa kumpulan program JavaScript yang digunakan untuk menghasilkan, menganalisis, dan memformat urutan DNA dan protein pendek (Stothard, 2000). SMS ini biasanya digunakan oleh ahli biologi molekular untuk pengajaran dan untuk pengujian program serta algoritma karena menyediakan banyak tools yang sederhana. Urutan SMS ditulis menggunakan JavaScript, sebuah bahasa pemrograman yang ringan dan tidak memerlukan plug-in tambahan apa pun untuk dijalankan (Anzaldi *et al.*, 2012). Kemudian Abriata (2017), Penggunaan JavaScript dalam sebuah program semakin populer dan menjadi yang paling sering dikembangkan karena keunggulannya yang tidak memerlukan instalasi perangkat lunak tambahan, sehingga dapat langsung digunakan di berbagai perangkat Website SMS dapat diakses bebas tanpa membayar melalui tautan <https://bioinformatics.org/sms/>. Selain

penggunaan SMS tools bioinformatika yang dapat digunakan lainnya yaitu BLAST dari NCBI (*National Center for Biotechnology Information*).

BLAST merupakan salah satu tool dari website NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) yang sangat erat kaitannya dengan penggunaan basis data sekuens biologi (Pratiwi *et al.*, 2018). NCBI membuat database yang mampu diakses oleh publik dengan menyediakan berbagai macam data dan informasi meliputi sekuen DNA dan panjang nukleotidanya, kemudian dilengkapi dengan nomor akses untuk membedakan publikasi setiap organisme (Sindiya *et al.*, 2018). NCBI juga mempunyai software dan database lainnya, seperti Entrez, Nucleotide database, BLAST, PubMed, NCBI Taxonomy, dan BioSystem. Website NCBI dapat diakses bebas tanpa membayar melalui tautan <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. BLAST memiliki fungsi sequencing, menemukan DNA target dengan efisien, menyimpulkan fungsi gen dan memprediksi struktur domain, protein, serta merancang primer (Ismail, 2022).

Terdapat lima program utama dalam BLAST, diantaranya; pertama Nucleotide blast (blastn), menunjukkan perbandingan sekuen nukleotida yang kita miliki dengan basis data sekuen nukleotida. Kedua Protein blast (blastp), menunjukkan perbandingan sekuen asam amino yang kita miliki dengan basis data sekuen protein. Ketiga blastx, menunjukkan perbandingan produk translasi konsep 6-frame sekuen nukleotida yang kita miliki dengan basis data sekuen protein. Keempat tblastn, menunjukkan basis data sekuen nukleotida yang ditranslasi pada semua pembacaan 6-frame secara berurutan dibandingkan dengan sekuen protein yang kita miliki. Kelima tblastx, menunjukkan perbandingan translasi 6-frame dari nukleotida (Fatchiyah, 2015).

Berdasarkan penelitian terdahulu yang dilakukan oleh El islami & Sari (2023) bahwa penerapan pembelajaran menggunakan bioinformatics tools dapat dilakukan dengan model pembelajaran *Computational Inquiry based Teaching (CIBT)* yang terdiri dari tahapan *orientation, conceptualization, investigation, conclusion, dan discussion*. Penerapan pembelajaran *bioinformatics tools* diawali dengan tahapan *orientation*, pada tahapan ini akan disajikan pertanyaan-pertanyaan awal sebagai pemantik dan alat untuk mengetahui pengetahuan awal pelajar sebelum dimulai pembelajaran. Selanjutnya tahapan *conceptualization*, pada tahap ini dipersilahkan untuk menonton video yang sesuai dengan tema dan memberikan tanggapan mengenai video tersebut. tahapan berikutnya *investigation*, tahap ini berisi kasus yang dapat dipecahkan pelajar baik secara *unplugged* (secara manual) dan *plug* menggunakan tools bioinformatika. Kemudian tahapan *conclusion*, tahap ini melakukan diskusi hasil investigasi dan mengaitkan konsep pada tahapan *conceptualization*. Tahapan terakhir

*discussion*, tahap ini pelajar menjawab kembali pertanyaan yang sama dengan pertanyaan pada tahap *orientation*.

Setelah mengikuti kegiatan tersebut, para dosen memberikan respon yang sangat positif. Mereka merasa bahwa pemanfaatan bioinformatics tools dalam pembelajaran genetika sangat membantu memperkaya metode pengajaran yang selama ini digunakan. Tools ini tidak hanya mempermudah dalam menganalisis data genetik yang kompleks, tetapi juga meningkatkan pemahaman mahasiswa dalam memvisualisasikan konsep-konsep genetika yang abstrak. Selain itu, para dosen juga menyampaikan bahwa penguasaan tools ini memberikan mereka kepercayaan diri lebih dalam memberikan materi berbasis teknologi terkini, sehingga diharapkan dapat meningkatkan kualitas pembelajaran dan hasil belajar mahasiswa.

## **KESIMPULAN**

Pemanfaatan bioinformatics tools seperti Sequence Manipulation Suite (SMS) dan BLAST dari NCBI (National Center for Biotechnology Information) dapat digunakan dalam proses pembelajaran genetika di kelas dalam pembelajaran genetika Abad 21 untuk mahasiswa pendidikan biologi. Direkomendasikan pemanfaatan bioinformatics tools dalam proses pembelajaran genetika di kelas dalam pembelajaran genetika Abad 21 untuk mahasiswa pendidikan biologi.

## **DAFTAR PUSTAKA**

- Abriata, L. A. (2017). Web apps come of age for molecular sciences. *Informatics*, 4(3). <https://doi.org/10.3390/informatics4030028>
- Anzaldi, L. J., Muñoz-Fernández, D., & Erill, I. (2012). BioWord: A sequence manipulation suite for Microsoft Word. *BMC Bioinformatics*, 13(1). <https://doi.org/10.1186/1471-2105-13-124>
- Campbell, A., & Heyer, L. (2003). Discovering Genomics, Proteomics and Bioinformatics. *BRIEFINGS IN FUNCTIONAL GENOMICS AND PROTEOMICS*, 2(2), 2.
- El Islami, R. A. Z., & Sari, I. J. (2023). *Pengembangan Pendidikan Bioinformatika Berorientasi Literasi STEM Melalui e-BiMo untuk Calon Guru Biologi Abad ke-21. Laporan Penelitian*.
- Fatchiyah. (2015). *Prinsip Dasar Bioinformatika*. Bandung: UB Press. <http://science.lecture.ub.ac.id/files/2012/04/mengenai-NCBI.pdf>
- Indonesian Department of National Education, I. D. o. N. E. (2003). *Pelayanan Profesional Kurikulum 2004 Kurikulum Berbasis Kompetensi*. Jakarta: Pusat Kurikulum, Balitbang Depdiknas
- Ismail, H. D. (2022). Basic Local Alignment Search Tool. *Bioinformatics*, 7(11), 407–452. <https://doi.org/10.1201/9781003226611-8>

- Liem, I. (2018). Computational Thinking & Bebras Indonesia. *In Software Architecture Conference* (pp. 1-25).
- Machluf, Y., & Yarden, A. (2013). Integrating bioinformatics into senior high school: design principles and implications. *Briefings in Bioinformatics*, 14(5), 648-660. doi:10.1093/bib/bbt030
- Zulkifli, L., Hadisaputra, S., & Armyani, I. A. P. (2021). Penggunaan Bioinformatika dalam Pembelajaran Sains Untuk Menyelesaikan Kesulitan Belajar Siswa pada Materi Genetika di SMPN 20 Mataram. *Jurnal Pengabdian Magister Pendidikan IPA*, 4(4), 290-295.
- Ningrum, D. E. A., Amin, M., & Lukiati, B. (2017). Pendekatan bioinformatika berbasis penelitian analisis profil protein carbonic anhydrase II yang berpotensi sebagai kandidat penyebab autisme untuk variasi pembelajaran matakuliah bioteknologi. *Jurnal Pendidikan Biologi Indonesia*, 3(1), 28-35.
- Nurfadillah, A., Amir, N. I., Asrun, B., Firani, L. S., & Bunga, J. (2023). Pengenalan Bioinformatika, Aplikasi dan Database pada Siswa-Siswi SMK Laniang Makassar. *Jurnal Pengabdian Masyarakat Bidang Sains Dan Teknologi*, 2(1), 108–114. <https://doi.org/10.55123/abdikan.v2i1.1702>
- Porter, S. G., Day, J., McCarty, R. E., Shearn, A., Shingles, R., Fletcher, L., . . . Campbell, A. M. (2007). Exploring DNA Structure with Cn3D. *CBE—Life Sciences Education*, 6(1), 65-73. doi:10.1187/cbe.06-03-0155
- Pradana, S. M., Apsari, G. R., Adawiyah, R., Linatari, M. A., & Rahmayadi, D. (2019). Program Pengajaran Sequence Alignment Berbasis Bioinformatika di MA Matholi'ul Anwar Lamongan. *Jurnal Pengabdian Kepada Masyarakat*, 3(1), 101–106.
- Pratiwi, R. D., Pratiwi, R. H., & Noer, S. (2018). PENINGKATAN KOMPETENSI GURU BIOLOGI MELALUI PENGGUNAAN APLIKASI BIOINFORMATIKA. *Jurnal PKM: Pengabdian kepada Masyarakat Vol*, 1(01).
- Sakiah, N. A., & Effendi, K. N. S. (2021). Analisis Kebutuhan Multimedia Interaktif Berbasis PowerPoint Materi Aljabar Pada Pembelajaran Matematika SMP. *Jurnal Penelitian Pendidikan Dan Pengajaran Matematika*, 7(1), 39–48. <https://doi.org/10.37058/jp3m.v7i1.2623>
- Sari, I. J., Vongsangnak, W., & Pongsophon, P. (2022). The Effect of Bioinformatics Module on Molecular Genetics Concepts on Senior High School Students' Computational Thinking Skills. *Shanlax International Journal of Education*, 10(2), 9-17.
- Sindiya, V., Mukarramah, L., Rohimah, S., Al GhifariPerwitasari, D., & Su'udi, M. (2018). STUDI IN SILICOPOTENSI DNA BARCODEPADA ANGGREK LANGKA Paphiopedilum. *BIOSFER: Jurnal Biologi Dan Pendidikan Biologi*, 3(1). <https://doi.org/10.23969/biosfer.v3i1.1250>
- Stothard, P. (2000). The Sequence Manipulation Suite: JavaScript programs for analyzing and formatting protein and DNA sequences. *Biotechniques*, 28, 1102–1104