



[www.esaunggul.ac.id](http://www.esaunggul.ac.id)

# PENGANTAR BIOINFORMATIKA

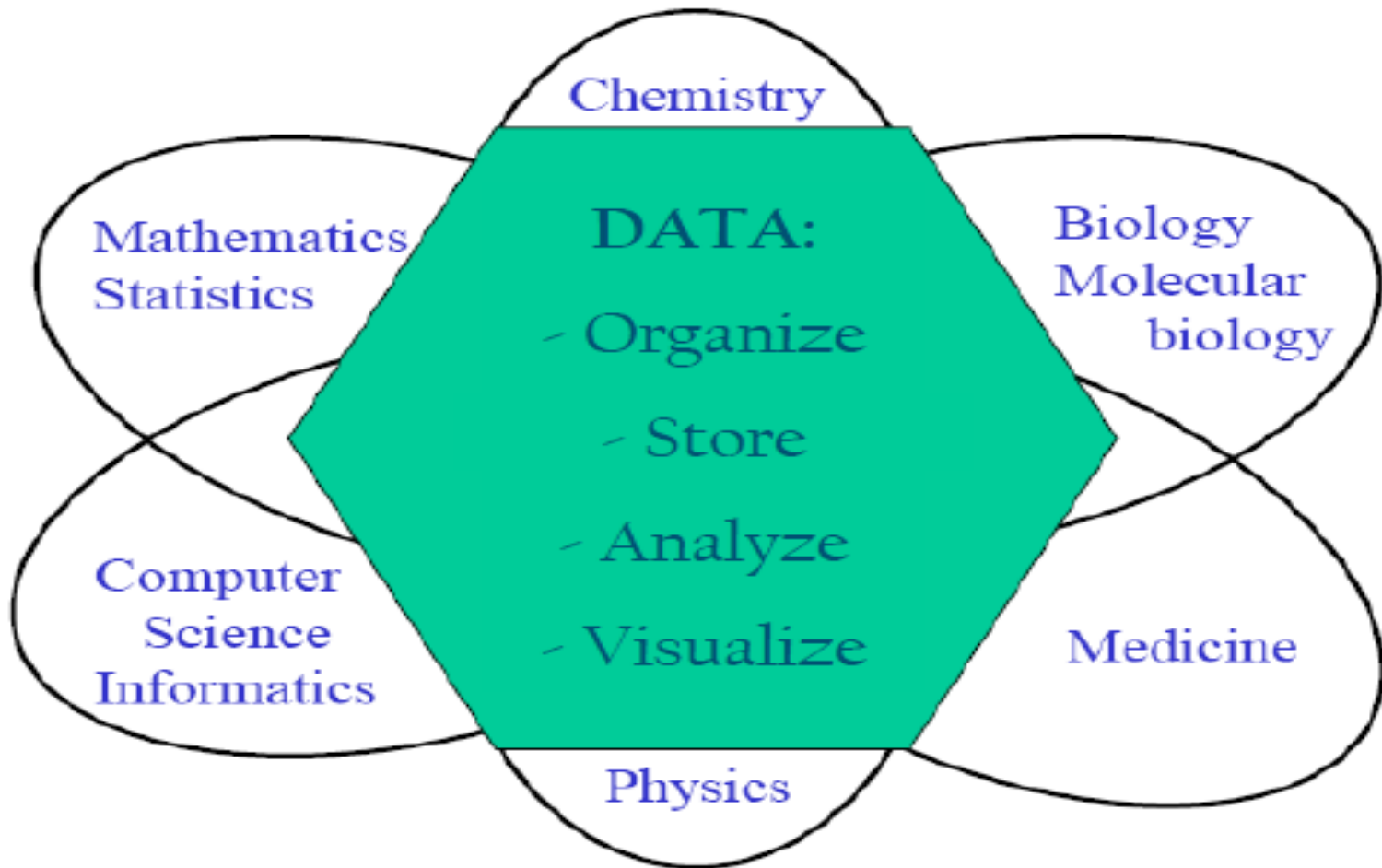
## IBT 431

*By Seprianto S.Pi, M.Si*

Pertemuan 2

# Ruang Lingkup Bioinformatika

# Ruang Lingkup Bioinformatika



# Ruang Lingkup Bioinformatika

## Life Science Data

### Biological Data:

- Genes
- Proteins
- Gene and protein function and interaction

### Clinical and Field Trials Data

### Scientific Literature:

- Journal articles

### Other Disciplines:

- Chemical data

## Information Technology

### Automated Techniques:

- DNA sequencing
- DNA microarrays
- High throughput screening

### Computers:

- Storage capacity
- Computing capability

### Navigational Software:

- Database searching
- Data retrieval

### Analysis Software:

- Data mining
- Visualization
- Molecular modeling

### Network:

- Sharing data and software
- Grid computing

## Bioinformatics

Enabling Research and Product Development in the Life Sciences, e.g.

- Pharmaceuticals
- New Plant Varieties
- Bioremediation
- Industrial Processing
- Alternative Energy

# Cabang –cabang Ilmu yang Terkait dengan Bioinformatika

- Biophysics
- Computational Biology
- Medical Informatics
- Cheminformatics
- Genomics
- Mathematical Biology
- Proteomics
- Pharmacogenomics
- Pharmacogenetics

# Biophysics

- Biophysics adalah sebuah bidang interdisipliner yang mengaplikasikan teknik-teknik dari ilmu Fisika untuk memahami struktur dan fungsi biologi (British Biophysical Society)
- Dr. Warsito menemukan alat terapi kanker dengan konsep elektrostatik
- Ex. Bioplastik dan energi terbarukan



# Computational Biology

- Computational biology merupakan bagian dari Bioinformatika yang paling dekat dengan bidang Biologi umum klasik
- dari computational biology adalah gerak evolusi, populasi, dan biologi teoritis daripada biomedis dalam molekul dan sel
- Ledakan informasi biologi
- Penyimpanan database



# Medical Informatics

- Menurut **Aamir Zakaria** , medical informatics adalah "pembelajaran, penemuan, dan implementasi dari struktur dan algoritma untuk meningkatkan komunikasi, pengertian dan manajemen informasi medis
- Data Pasien
- Diagnosis penyakit.



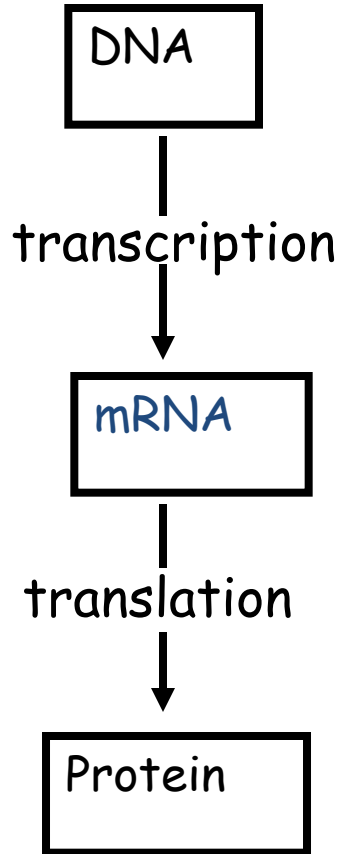
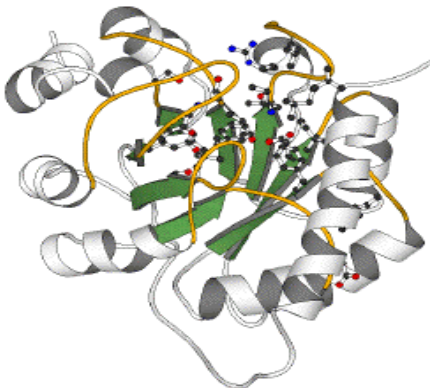
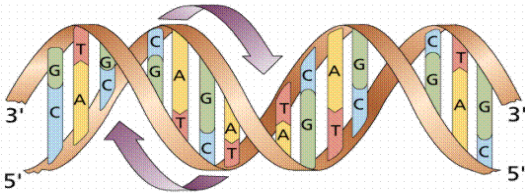
# Cheminformatics

- **Cheminformatics** adalah kombinasi dari sintesis kimia, penyaringan biologis, dan pendekatan data-mining yang digunakan untuk penemuan dan pengembangan obat
- Penemuan ampicilin (Cara observasi obat )

# Genomics

1. Genomics adalah setiap usaha untuk menganalisa atau membandingkan seluruh komplemen genetik dari satu spesies atau lebih (keseluruhan)
2. Genome DataBase

# Gene: protein-coding DNA



CCTGAGCCAAC TATTGATGAA



CCUGAGCCAACUAUUGAUGAA



PEPTIDE

# Proteomics

- Istilah proteomics pertama kali digunakan untuk menggambarkan himpunan dari protein-protein yang tersusun (encoded) oleh genom
- studi kuantitatif dan kualitatif dari ekspresi gen di level dari protein-protein fungsional itu sendiri
- Mengkarakterisasi protein

# Pharmacogenomics

- Aplikasi dari pendekatan genomik dan teknologi pada identifikasi dari target-target obat
- Menjaring semua genom untuk penerima yang potensial dengan menggunakan cara Bioinformatika
- Pemrosesan informasi yang berkaitan dengan ilmu Farmasi dan Genetika, untuk contohnya adalah pengumpulan informasi pasien dalam database.

# Pharmacogenetics

- Tiap individu mempunyai respon yang berbeda-beda terhadap berbagai pengaruh obat
- Pharmacogenetics adalah bagian dari pharmacogenomics yang menggunakan metode genomik/Bioinformatika untuk mengidentifikasi hubungan-hubungan genomik



# Teknologi dan Penerapan Bioinformatika

Menyimpan

**DATABASE**

Menggunakan

**Mencari sekuen yang homolog**

**Sekuen DNA/ Protein**

today's **RESEARCH**  
is tomorrow's **REALITY**

## Bioinformatics Computation in the Cloud

Microsoft Research  
**TechFest 2010**  
the & in R&D

### Client

#### Microsoft Biology Foundation (MBF)

- An open-source library of reusable bioinformatics algorithms and functions built on the .NET platform.



#### Excel 2010

- Familiar, Powerful, Extensible
- 64-bit optimizations for large data support
- Comfortable, rich client experience when working with large genomic sequences.

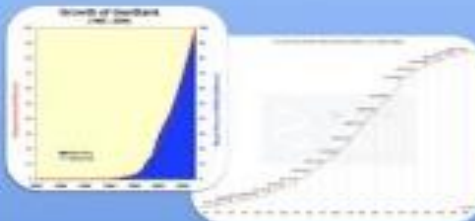


+

### Cloud

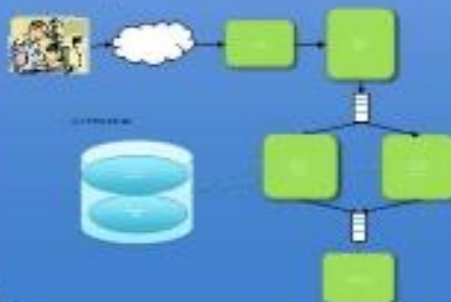
#### Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)

- One of the most widely used bioinformatics algorithms for comparing the local similarity between biological sequences.
- Computation-intensive: 300K sequence query against 3GB protein database takes ~1000 CPU hours.



#### AzureBlast

- Parallel BLAST engine running on Azure cloud fabric.
- Performance: speedup 45x with 50 roles and 94x with 100 roles; with 300 roles computation time is reduced to 4 hours!



=

### Proliferation of Research

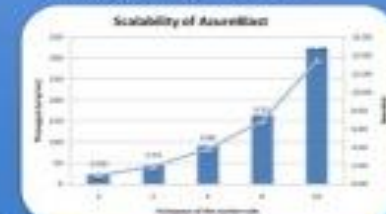
#### Seamless Experience

- Evaluate data and invoke computational models from Excel.
- Computationally heavy analysis done close to large database of curated data.
- Scalable for large, surge computationally heavy analysis.
- Test local, run on the cloud.



#### Research for the Masses

- Exploit the power of the cloud for research on a laptop.
- Remove reliance on dedicated, large compute center investments.
- Enable easier collaboration and novel simultaneous research concepts.



# PENERAPAN BIOINFORMATIKA

## 1. Basis data sekuens Biologis :

**Genedata Biologics DNA Analyzer**

File Edit Sequence Features Analysis View Help

A Adenine  
C Cytosine  
G Guanine  
T Thymine

Colored Group: All  
Color Scheme: Conservation  
Conservation Threshold: 0% 50% 100%

Sequence ID	Sequence
006NGK-M025-A01 VH [NU-1978]	A A C A A C T T C A G C A G C T G G G G C C A G G G C G C C C T G G T G A C C G T G A G C A G
006NGK-M025-B01 VH [NU-2005]	C C A T G T A C T T C A A C T G G G G C C A G G G C G C C C T G G T G A C C G T G A G C A G
006NGK-M025-E01 VH [NU-1994]	T G . . . T T C G G C A G C T G G G G C C A G G G C G C C C T G G T G A C C G T G A G C A G
006NGK-M025-G01 VH [NU-1967]	A C A G G T A C T . . . . . G G G G C C A G G G C G C C C T G G T G A C C G T G A G C A G
006NGK-M025-B02 VH [NU-1970]	C C . . . T T A A T C A G C T G G G G C C A G G G C G C C C T G G T G A C C G T G A G C A G
006NGK-M025-C02 VH [NU-1964]	T G C C C T T C G G C A G C T G G G G C C A G G G C G C C C T G G T G A C C G T G A G C A G
006NGK-M025-D03 VH [NU-2011]	T G . . . T T C G G C A G C T G G G G C C A G G G C G C C C T G G T G A C C G T G A G C A G
006NGK-M025-C04 VH [NU-1965]	C C A T G T A C T T C A A C T G G G G C C A G G G C G C C C T G G T G A C C G T G A G C A G
006NGK-M025-A05 VH [NU-1963]	C C A T G T A C T T C A A C A G G G G C C A G G G C G C C C T G G T G A C C G T G A G C A G
006NGK-M025-G05 VH [NU-1972]	A C A G C T T C G A C C T G T G G G G C C A G G G C G C C C T G G T G A C C G T G A G C A G
006NGK-M025-F06 VH [NU-1962]	C C A T G T A C T T C A A C A G G G G C C A G G G C G C C C T G G T G A C C G T G A G C A G

Consensus Sequence  
F1  
F2  
F3  
R1  
R2  
R3

Conservation

# PENERAPAN BIOINFORMATIKA

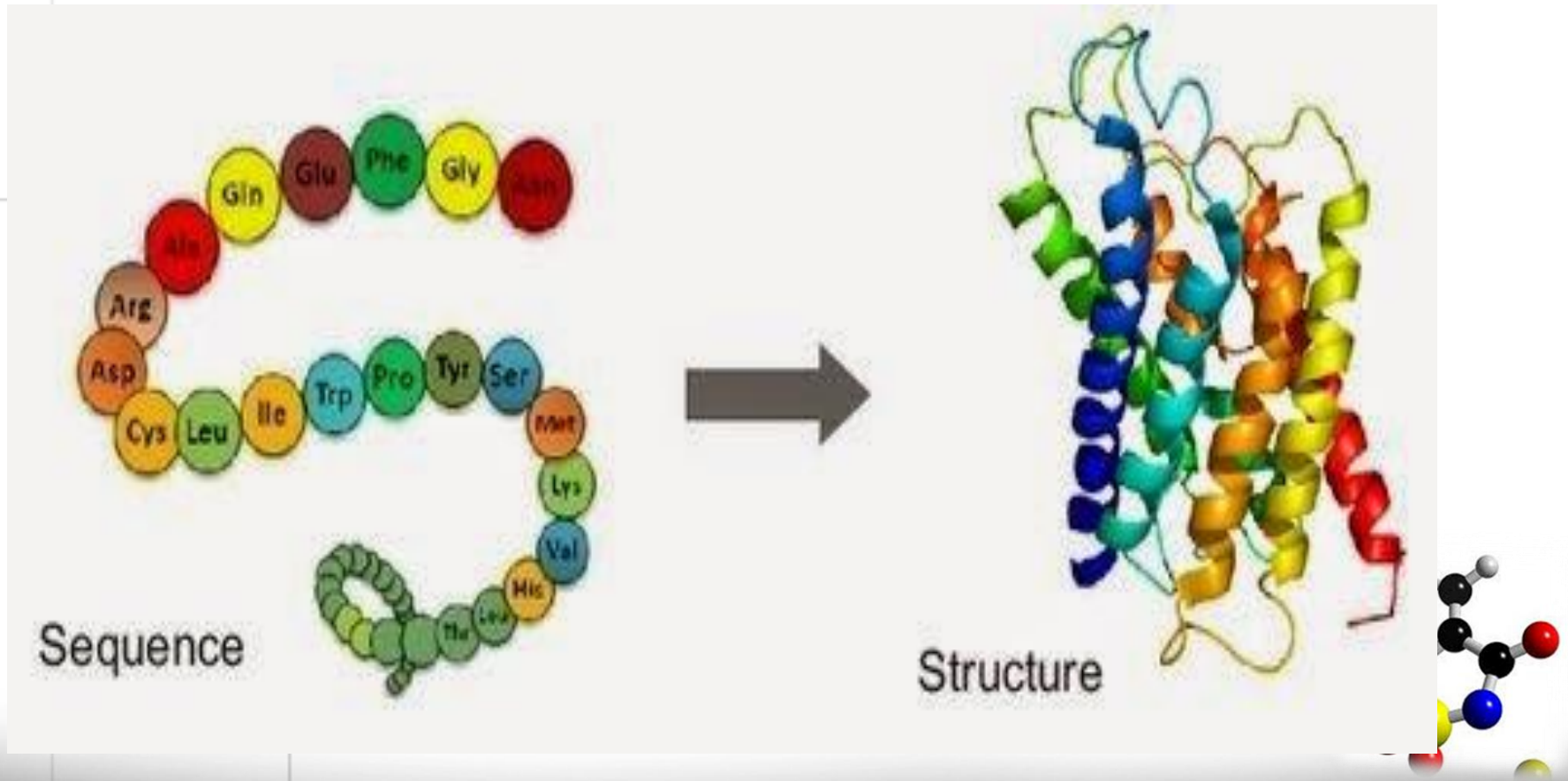
## 2. Penyejajaran sekuens :





# PENERAPAN BIOINFORMATIKA

## 3. Prediksi struktur protein :



# Bidang yang terkait Bioinformatika

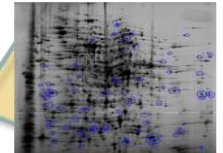
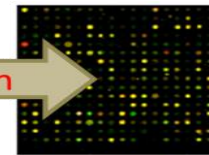
## Role of Computational Biology Microbial Metabolic Engineering Design Engine

Strain Selection and Evolution

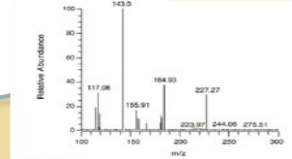
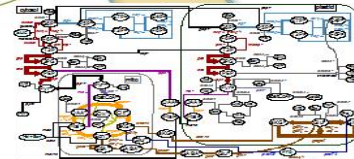
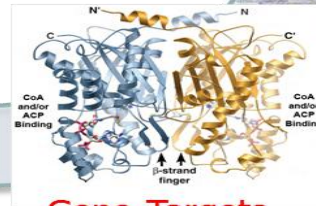
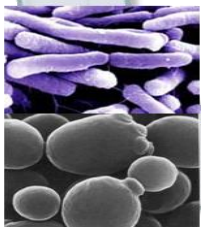
Omics and Flux Analysis

**PRODUCTS**

Characterization



**Systems  
Information**

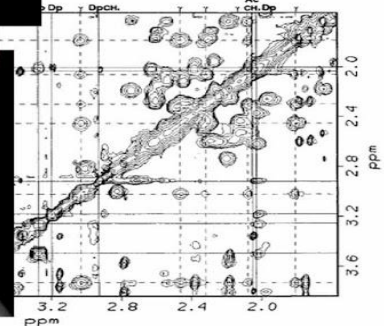
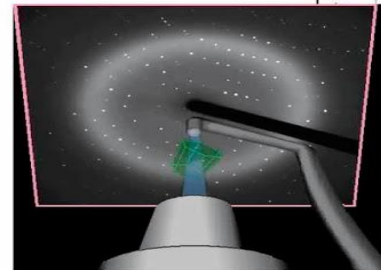
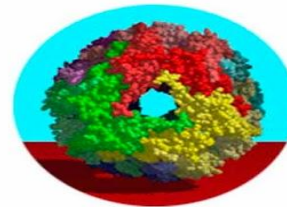
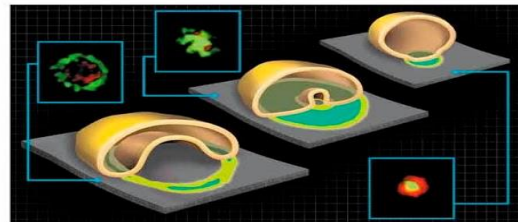
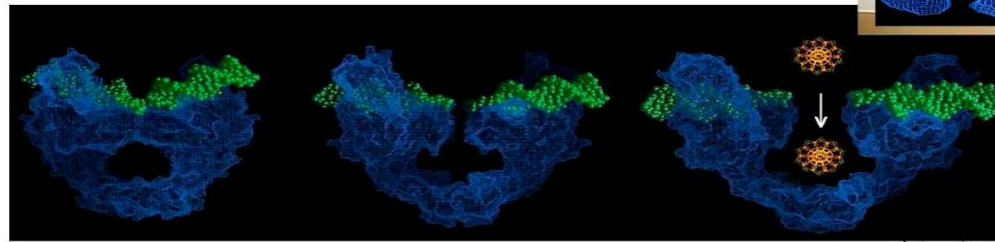
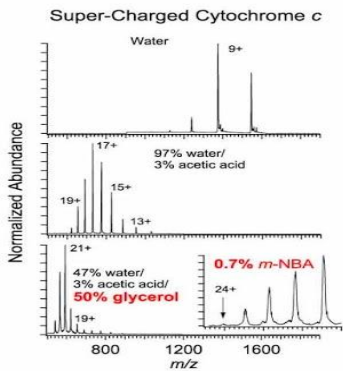
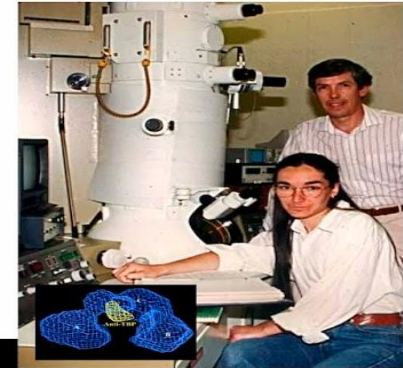
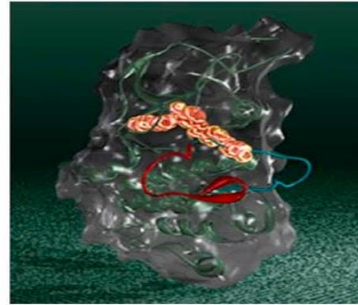
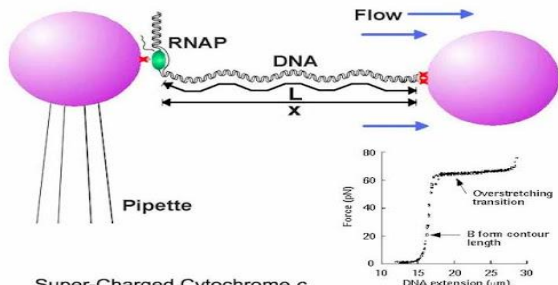


**NOVEL GENES**



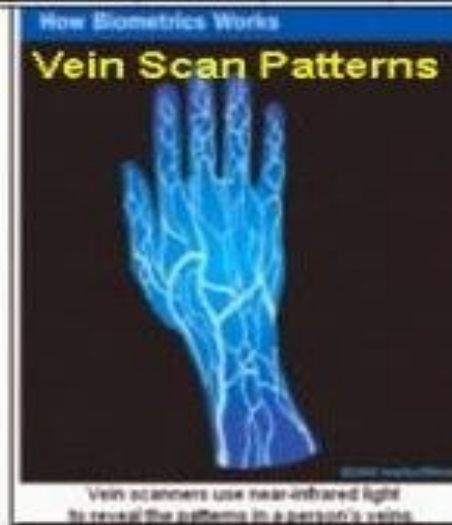
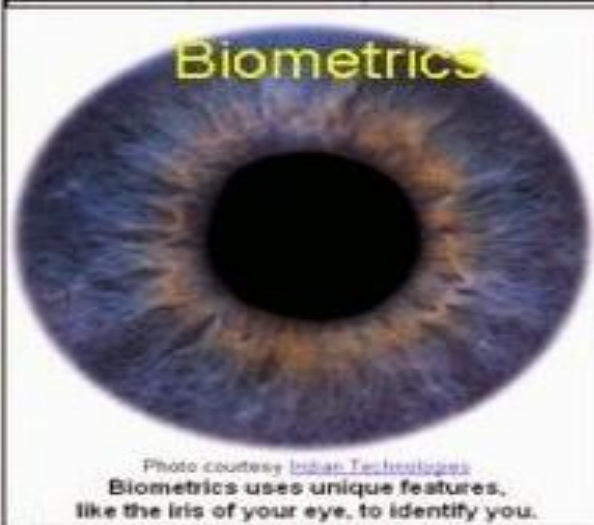
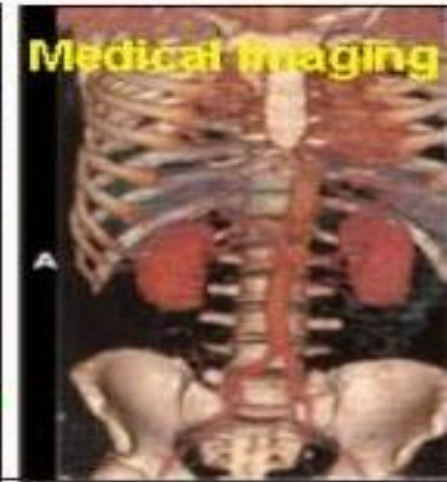
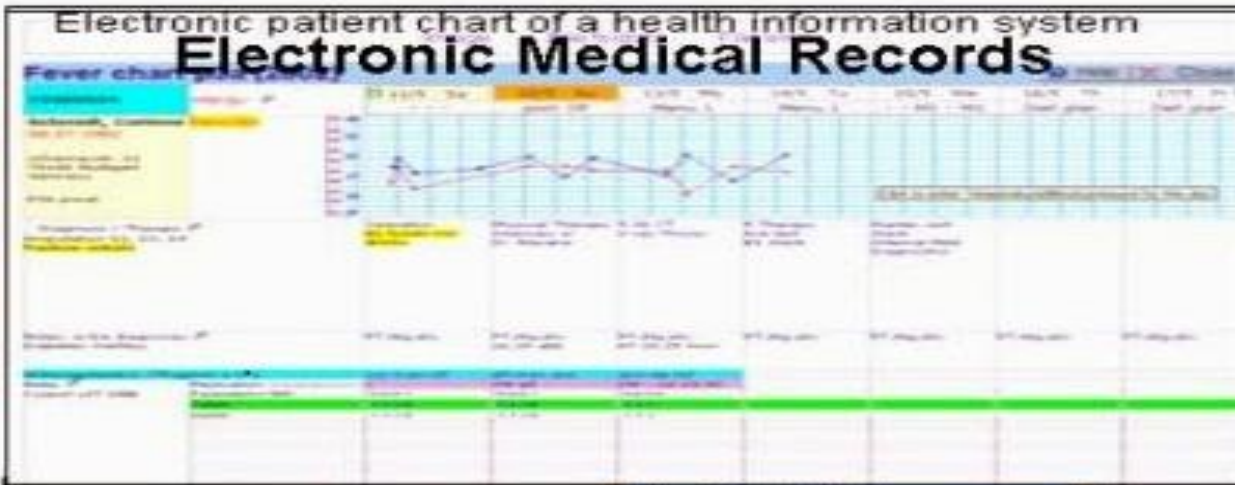
# Bidang yang terkait Bioinformatika

## Molecular Biophysics at Berkeley



# Bidang yang terkait Bioinformatika

## Medical Informatics Concentration





THANK  
YOU



607132.wordpress.com

Noviani's Blog

