



RENCANA PEMBELAJARAN SEMESTER GANJIL 2018/2019
PROGRAM STUDI BIOTEKNOLOGIFAKULTAS ILMU-ILMU KESEHATAN
UNIVERSITAS ESA UNGGUL

Mata kuliah	: Aplikasi Bioinformatika	Kode MK	: IBT 432
Mata kuliah prasyarat	: Pengantar Bioinformatika	Bobot MK	: 3 SKS
Dosen Pengampu	: Dr. Riza Arief Putranto, DEA	Kode Dosen	: 7825
Alokasi Waktu	: Tatap muka 14 x 100 menit, ada praktikum, tidak ada pembelajaran online		
Capaian Pembelajaran	: <ol style="list-style-type: none"> 1. Mahasiswa mengetahui konsep aplikasi bioinformatika 2. Mahasiswa memahami beberapa contoh aplikasi bioinformatika 3. Mahasiswa memahami dan melakukan kombinasi teknik aplikasi bioinformatika 4. Mahasiswa melakukan analisis data penelitian berbasis bioinformatika 		

SESI	KEMAMPUAN AKHIR	MATERI PEMBELAJARAN	BENTUK PEMBELAJARAN	SUMBER PEMBELAJARAN	INDIKATOR PENILAIAN
1	Mahasiswa mampu menjelaskan perkembangan terbaru era genomik dan kaitannya dengan bioinformatika aplikatif	Kontrak belajar dan pengenalan bioinformatika aplikatif <ol style="list-style-type: none"> 1. Pengenalan era "Omics" 2. Pengenalan aplikasi bioinformatika 3. <i>Hands-on</i> NCBI 	<ol style="list-style-type: none"> 1. <i>Contextual instruction</i> 2. Tanya jawab 3. Media : kelas, LCD, komputer, whiteboard 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Claverie, J.-M. & Notredame, C. (2011) Bioinformatics for dummies. John Wiley & Sons. 2. Zvelebil, M. J. & Baum, J. O. (2008) Understanding bioinformatics, 1. London, UK: Garland Science. 3. Wang, Z., Gerstein, M. & Snyder, M. (2009) RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. Nature reviews. Genetics, 10(1), 57-63. 4. Gullapalli, R. R., Desai, K. V., 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Mampu menjelaskan perbedaan era "Omics" 2. Mampu menjelaskan sejarah aplikasi bioinformatika 3. Mampu menjelaskan <i>database</i> DNA seperti NCBI

SESI	KEMAMPUAN AKHIR	MATERI PEMBELAJARAN	BENTUK PEMBELAJARAN	SUMBER PEMBELAJARAN	INDIKATOR PENILAIAN
				<p>Santana-Santos, L., Kant, J. A. & Becich, M. J. (2012) Next generation sequencing in clinical medicine: Challenges and lessons for pathology and biomedical informatics. <i>J Pathol Inform</i>, 3, 40.</p> <p>5. Stephens, Z. D., Lee, S. Y., Faghri, F., Campbell, R. H., Zhai, C., Efron, M. J., Iyer, R., Schatz, M. C., Sinha, S. & Robinson, G. E. (2015) Big Data: Astronomical or Genomical? <i>PLOS Biology</i>, 13(7), e1002195.</p>	
2	Mahasiswa mampu menjelaskan berbagai macam database sekuen dan langkah-langkah melakukan analisis genomika	<p>Database sekuen dan analisis genomika</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Analisis genomika dan fungsi BLAST 2. Database sekuen DNA NCBI dan Genome Data Viewer 3. Refseq: Versi final dari Genbank 4. <i>Hands-on Genome Data Viewer</i> 	<ol style="list-style-type: none"> 1. <i>Contextual instruction</i> 2. Tanya jawab 3. Media : kelas, LCD, komputer, whiteboard 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Claverie, J.-M. & Notredame, C. (2011) <i>Bioinformatics for dummies</i>. John Wiley & Sons. 2. Zvelebil, M. J. & Baum, J. O. (2008) <i>Understanding bioinformatics</i>, 1. London, UK: Garland Science. 3. Moreno-Hagelsieb, G. & Latimer, K. (2008) Choosing BLAST options for better detection of orthologs as reciprocal best hits. <i>Bioinformatics</i>, 24(3), 319-24. 4. Camacho, C., Coulouris, G., Avagyan, V., Ma, N., 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Mampu menjelaskan detail-detail analisis genomika dan fungsi BLAST 2. Mampu menjelaskan dan menggunakan database sekuen NCBI dalam Entrez 3. Mampu menjelaskan

SESI	KEMAMPUAN AKHIR	MATERI PEMBELAJARAN	BENTUK PEMBELAJARAN	SUMBER PEMBELAJARAN	INDIKATOR PENILAIAN
				<p>Papadopoulos, J., Bealer, K. & Madden, T. L. (2009) BLAST+: architecture and applications. <i>BMC Bioinformatics</i>, 10(1), 421.</p> <p>5. Pruitt, K. D., Tatusova, T. & Maglott, D. R. (2005) NCBI Reference Sequence (RefSeq): a curated non-redundant sequence database of genomes, transcripts and proteins. <i>Nucleic Acids Research</i>, 33(suppl_1), D501-D504.</p>	<p>dan menggunakan Genome Data Viewer</p>
3	Mahasiswa mampu secara teknis melakukan anotasi sekuen ke genom dengan benar	<p>Praktek: Anotasi sekuen ke genom</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Praktek melakukan <i>homology search</i> dalam NCBI 2. Praktek melakukan <i>surfing</i> dalam <i>Genome Data Viewer</i> 3. Praktek melakukan anotasi sekuen pada piranti lunak <i>SnapGene Viewer</i> 	<ol style="list-style-type: none"> 1. <i>Contextual instruction</i> 2. Tanya jawab 3. Kerja kelompok 4. Media : kelas, LCD, komputer, whiteboard 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Claverie, J.-M. & Notredame, C. (2011) <i>Bioinformatics for dummies</i>. John Wiley & Sons. 2. Zvelebil, M. J. & Baum, J. O. (2008) <i>Understanding bioinformatics</i>, 1. London, UK: Garland Science. 3. Wolfsberg, T. G. (2010) Using the NCBI Map Viewer to Browse Genomic Sequence Data. <i>Current Protocols in Bioinformatics</i>, 29(1), 1.5.1-1.5.25. 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Mampu menjelaskan langkah-langkah anotasi sekuen ke genom 2. Mampu melakukan langkah-langkah anotasi sekuen ke genom baik menggunakan <i>database</i> sekuen seperti NCBI maupun

SESI	KEMAMPUAN AKHIR	MATERI PEMBELAJARAN	BENTUK PEMBELAJARAN	SUMBER PEMBELAJARAN	INDIKATOR PENILAIAN
					<i>database genom seperti Genome Data Viewer</i>
4	Mahasiswa mengenal dan mampu menjelaskan <i>open source platform</i> kerja bioinformatika <i>Galaxy</i>	Analisis komparasi genomika I: Pengenalan terhadap Galaxy <ol style="list-style-type: none"> 1. Pengenalan <i>Galaxy</i> sebagai <i>web-based platform</i> untuk analisis komparasi genomika 2. <i>User interface</i> dari <i>Galaxy</i> 3. <i>Workflow</i> dari <i>Galaxy</i> 4. Visualisasi data dari <i>Galaxy</i> 	<ol style="list-style-type: none"> 1. <i>Contextual instruction</i> 2. Tanya jawab 3. Media : kelas, LCD, komputer, whiteboard 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Claverie, J.-M. & Notredame, C. (2011) <i>Bioinformatics for dummies</i>. John Wiley & Sons. 2. Zvelebil, M. J. & Baum, J. O. (2008) <i>Understanding bioinformatics</i>, 1. London, UK: Garland Science. 3. Afgan, E., Baker, D., van den Beek, M., Blankenberg, D., Bouvier, D., Cech, M., Chilton, J., Clements, D., Coraor, N., Eberhard, C., Gruning, B., Guerler, A., Hillman-Jackson, J., Von Kuster, G., Rasche, E., Soranzo, N., Turaga, N., Taylor, J., Nekrutenko, A. & Goecks, J. (2016) <i>The Galaxy platform for accessible, reproducible and collaborative biomedical analyses: 2016 update</i>. <i>Nucleic Acids Res</i>, 44(W1), W3-W10. 4. Goecks, J., Nekrutenko, A. & Taylor, J. (2010) <i>Galaxy: a comprehensive approach for</i> 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Mampu menjelaskan penggunaan <i>Galaxy</i> dalam analisis sekuen 2. Mampu menjelaskan berbagai <i>interface</i> yang digunakan di dalam <i>Galaxy</i>

SESI	KEMAMPUAN AKHIR	MATERI PEMBELAJARAN	BENTUK PEMBELAJARAN	SUMBER PEMBELAJARAN	INDIKATOR PENILAIAN
				supporting accessible, reproducible, and transparent computational research in the life sciences. <i>Genome Biology</i> , 11(8), R86.	
5	Mahasiswa mampu memahami teori genomika komparatif	Analisis komparasi genomika II: Pengenalan Genomika Komparatif <ol style="list-style-type: none"> 1. Sejarah dari genomika komparatif 2. Definisi dari genomika komparatif 3. Konsep <i>synteny</i> 4. Tujuan dari genomika komparatif 5. Konsep homologi 6. Visualisasi genomika komparatif 	<ol style="list-style-type: none"> 1. <i>Contextual instruction</i> 2. Tanya jawab 3. Media : kelas, LCD, komputer, whiteboard 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Claverie, J.-M. & Notredame, C. (2011) <i>Bioinformatics for dummies</i>. John Wiley & Sons. 2. Zvelebil, M. J. & Baum, J. O. (2008) <i>Understanding bioinformatics</i>, 1. London, UK: Garland Science. 3. Xia, X. (2013) <i>What is Comparative Genomics?</i>, <i>Comparative Genomics</i>. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 1-20. 4. Jensen, R. A. (2001) <i>Orthologs and paralogs - we need to get it right</i>. <i>Genome Biology</i>, 2(8), 1-3. 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Mampu menjelaskan dasar-dasar genomika komparatif sebagai aplikasi dari bioinformatika dasar 2. Mampu menjelaskan konsep <i>synteny</i>, <i>paralogy</i> dan <i>orthology</i>
6	Mahasiswa mampu memahami metodologi genomika komparatif	Analisis komparasi genomika III: Metodologi genomika komparatif dan	<ol style="list-style-type: none"> 1. <i>Contextual instruction</i> 2. Tanya jawab 3. Media : kelas, LCD, 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Claverie, J.-M. & Notredame, C. (2011) <i>Bioinformatics for dummies</i>. John Wiley & Sons. 2. Zvelebil, M. J. & Baum, J. O. (2008) <i>Understanding</i> 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Mampu menjelaskan runtutan analisis genomika

SESI	KEMAMPUAN AKHIR	MATERI PEMBELAJARAN	BENTUK PEMBELAJARAN	SUMBER PEMBELAJARAN	INDIKATOR PENILAIAN
		<p>contoh kasus</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Teknik BLAST menjadi dasar genomika komparatif 2. Studi kasus genomika komparatif 	komputer, whiteboard	<p>bioinformatics, 1. London, UK: Garland Science.</p> <ol style="list-style-type: none"> 3. Putranto, R. A., Martiansyah, I. & Saptari, R. T. (2017) In silico identification and comparative analysis of <i>Hevea brasiliensis</i> COBRA gene family, International Conference on Science and Engineering 2017 Universitas Islam Negeri Sunan Kalijaga, Yogyakarta, 12-13 October 2017. Yogyakarta: Faculty of Science & Technology, Universitas Islam Negeri Sunan Kalijaga. 	komparatif
7	Mahasiswa mampu secara teknis melakukan analisis genomika komparatif	<p>Praktek: Genomika komparatif</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Praktek melakukan pengunggahan <i>file ke platform Galaxy</i> 2. Praktek melakukan <i>blast to tblastn</i> NCBI (gen vs genom) 3. Praktek melakukan analisis hasil 	<ol style="list-style-type: none"> 1. <i>Contextual instruction</i> 2. Tanya jawab 3. Kerja kelompok 4. Media : kelas, LCD, komputer, whiteboard 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Claverie, J.-M. & Notredame, C. (2011) Bioinformatics for dummies. John Wiley & Sons. 2. Zvelebil, M. J. & Baum, J. O. (2008) Understanding bioinformatics, 1. London, UK: Garland Science. 3. Goecks, J., Nekrutenko, A. & Taylor, J. (2010) Galaxy: a comprehensive approach for supporting accessible, reproducible, and transparent computational research in the life sciences. 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Mampu menjelaskan langkah-langkah melakukan analisis genomika komparatif 2. Mampu melakukan secara teknis analisis genomika komparatif

SESI	KEMAMPUAN AKHIR	MATERI PEMBELAJARAN	BENTUK PEMBELAJARAN	SUMBER PEMBELAJARAN	INDIKATOR PENILAIAN
		<p>genomika komparatif</p> <p>4. Praktek membuat pohon filogenetika dan <i>dot plot</i></p>		Genome Biology, 11(8), R86.	
8	Mahasiswa mengenal dan mampu menjelaskan tentang dasar-dasar <i>protein modelling</i>	<p>Protein modelling I: Pengenalan Protein Data Bank</p> <ol style="list-style-type: none"> Protein Data Bank sebagai salah satu <i>database</i> utama protein di dunia Dasar-dasar <i>homology modelling</i> 	<ol style="list-style-type: none"> <i>Contextual instruction</i> Tanya jawab Media : kelas, LCD, komputer, whiteboard 	<ol style="list-style-type: none"> Schwede, T. (2013) Protein Modeling: What Happened to the "Protein Structure Gap"? Structure, 21(9), 1531-1540. Berman, H., Henrick, K., Nakamura, H. & Markley, J. L. (2007) The worldwide Protein Data Bank (wwPDB): ensuring a single, uniform archive of PDB data. Nucleic Acids Research, 35(suppl_1), D301-D303. Orry, A. J. W. & Abagyan, R. (2012) Homology Modeling: Methods and Protocols. New York, USA: Humana Press. 	<ol style="list-style-type: none"> Mampu menjelaskan mengenai <i>database</i> Protein Data Bank Mampu menjelaskan teori dari <i>homology modelling</i>
9	Mahasiswa mengenal dan mampu menjelaskan berbagai <i>tools protein modelling</i> di dunia	<p>Protein modeling II: Protein modelling tools</p> <ol style="list-style-type: none"> Pemaparan <i>modelling</i> versi <i>abinitio</i> dan 	<ol style="list-style-type: none"> <i>Contextual instruction</i> Tanya jawab Media : kelas, LCD, komputer, 	<ol style="list-style-type: none"> Orry, A. J. W. & Abagyan, R. (2012) Homology Modeling: Methods and Protocols. New York, USA: Humana Press. Biasini, M., Bienert, S., Waterhouse, A., Arnold, K., 	<ol style="list-style-type: none"> Mampu menjelaskan perbedaan <i>modelling</i> versi <i>abinitio</i> dan <i>template-based</i>

SESI	KEMAMPUAN AKHIR	MATERI PEMBELAJARAN	BENTUK PEMBELAJARAN	SUMBER PEMBELAJARAN	INDIKATOR PENILAIAN
		<p><i>template-based</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 2. Pemaparan <i>SWISS-MODEL-Hhpred</i> 3. Pemaparan <i>Phyre2</i> 4. Pemaparan I-<i>TASSER</i> dan <i>QUARK</i> 	whiteboard	<p>Studer, G., Schmidt, T., Kiefer, F., Cassarino, T. G., Bertoni, M., Bordoli, L. & Schwede, T. (2014) <i>SWISS-MODEL: modelling protein tertiary and quaternary structure using evolutionary information</i>. <i>Nucleic Acids Research</i>, 42(W1), W252-W258.</p> <ol style="list-style-type: none"> 3. Kelley, L. A., Mezulis, S., Yates, C. M., Wass, M. N. & Sternberg, M. J. E. (2015) <i>The Phyre2 web portal for protein modeling, prediction and analysis</i>. <i>Nature Protocols</i>, 10, 845. 4. Yang, J., Yan, R., Roy, A., Xu, D., Poisson, J. & Zhang, Y. (2014) <i>The I-TASSER Suite: protein structure and function prediction</i>. <i>Nature Methods</i>, 12, 7. 5. Xu, D. & Zhang, Y. (2012) <i>Ab initio protein structure assembly using continuous structure fragments and optimized knowledge-based force field</i>. <i>Proteins: Structure, Function, and</i> 	<ol style="list-style-type: none"> 2. Mampu menjelaskan perbedaan dari berbagai <i>modeling tools</i>

SESI	KEMAMPUAN AKHIR	MATERI PEMBELAJARAN	BENTUK PEMBELAJARAN	SUMBER PEMBELAJARAN	INDIKATOR PENILAIAN
				Bioinformatics, 80(7), 1715-1735.	
10	Mahasiswa mampu secara teknis melakukan analisis <i>protein modelling</i>	<p>Praktek I: Protein modelling</p> <ol style="list-style-type: none"> Praktek melakukan <i>modelling</i> dengan SWISS-MODEL-Hhpred Praktek melakukan <i>modelling</i> dengan Phyre2 	<ol style="list-style-type: none"> Contextual instruction Tanya jawab Kerja kelompok Media : kelas, LCD, komputer, whiteboard 	<ol style="list-style-type: none"> Orry, A. J. W. & Abagyan, R. (2012) Homology Modeling: Methods and Protocols. New York, USA: Humana Press. Biasini, M., Bienert, S., Waterhouse, A., Arnold, K., Studer, G., Schmidt, T., Kiefer, F., Cassarino, T. G., Bertoni, M., Bordoli, L. & Schwede, T. (2014) SWISS-MODEL: modelling protein tertiary and quaternary structure using evolutionary information. Nucleic Acids Research, 42(W1), W252-W258. Kelley, L. A., Mezulis, S., Yates, C. M., Wass, M. N. & Sternberg, M. J. E. (2015) The Phyre2 web portal for protein modeling, prediction and analysis. Nature Protocols, 10, 845. Yang, J., Yan, R., Roy, A., Xu, D., Poisson, J. & Zhang, Y. (2014) The I-TASSER Suite: protein structure and function prediction. Nature 	<ol style="list-style-type: none"> Mampu menjelaskan langkah-langkah melakukan analisis <i>protein modelling</i> Mampu melakukan secara teknis analisis <i>protein modelling</i>

SESI	KEMAMPUAN AKHIR	MATERI PEMBELAJARAN	BENTUK PEMBELAJARAN	SUMBER PEMBELAJARAN	INDIKATOR PENILAIAN
				<p>Methods, 12, 7.</p> <p>5. Xu, D. & Zhang, Y. (2012) Ab initio protein structure assembly using continuous structure fragments and optimized knowledge-based force field. <i>Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics</i>, 80(7), 1715-1735.</p>	
11	Mahasiswa mampu secara teknis melakukan analisis <i>protein modelling</i>	<p>Praktek II: Protein modelling</p> <p>1. Praktek memahami <i>model results and evaluation</i></p>	<p>1. <i>Contextual instruction</i></p> <p>2. Tanya jawab</p> <p>3. Kerja kelompok</p> <p>4. Media : kelas, LCD, komputer, whiteboard</p>	<p>1. Orry, A. J. W. & Abagyan, R. (2012) <i>Homology Modeling: Methods and Protocols</i>. New York, USA: Humana Press.</p> <p>2. Xu, D. & Zhang, Y. (2012) Ab initio protein structure assembly using continuous structure fragments and optimized knowledge-based force field. <i>Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics</i>, 80(7), 1715-1735.</p>	<p>1. Mampu menjelaskan langkah-langkah melakukan evaluasi dari analisis <i>protein modelling</i></p> <p>2. Mampu melakukan secara teknis evaluasi analisis <i>protein modelling</i></p>
12	Mahasiswa mengenal dan mampu menjelaskan visualisasi hasil <i>protein modelling</i>	<p>Visualisasi protein modelling: PyMOL</p> <p>1. Pengenalan piranti lunak <i>PyMOL</i></p>	<p>1. <i>Contextual instruction</i></p> <p>2. Tanya jawab</p> <p>3. Media : kelas, LCD,</p>	<p>1. DeLano, W. L. & Bromberg, S. (2004) <i>PyMOL User Guide</i>. California, USA: DeLano Scientific LLC.</p> <p>2. Seeliger, D. & de Groot, B. L.</p>	<p>1. Mampu menjelaskan prinsip-prinsip tampilan visualisasi <i>protein</i></p>

SESI	KEMAMPUAN AKHIR	MATERI PEMBELAJARAN	BENTUK PEMBELAJARAN	SUMBER PEMBELAJARAN	INDIKATOR PENILAIAN
		2. Pengenalan teori paradoksal <i>protein modelling</i>	komputer, whiteboard	(2010) Ligand docking and binding site analysis with PyMOL and Autodock/Vina. Journal of Computer-Aided Molecular Design, 24(5), 417-422.	<i>modeling</i> 2. Mampu menjelaskan teori penggunaan <i>PyMOL</i>
13	Mahasiswa mampu secara teknis melakukan visualisasi <i>protein modelling</i> menggunakan <i>PyMOL</i>	Praktek: Visualisasi <i>protein modelling</i> menggunakan <i>PyMOL</i> 1. Praktek mengambil <i>pdb.file</i> dari Protein Data Bank 2. Praktek menganotasi struktur sekunder dan tersier dari protein 3. Praktek melakukan superimposisi protein target dan protein standard	1. <i>Contextual instruction</i> 2. Tanya jawab 3. Kerja kelompok 4. Media : kelas, LCD, komputer, whiteboard	1. Orry, A. J. W. & Abagyan, R. (2012) Homology Modeling: Methods and Protocols. New York, USA: Humana Press. 2. DeLano, W. L. & Bromberg, S. (2004) PyMOL User Guide. California, USA: DeLano Scientific LLC. 3. Seeliger, D. & de Groot, B. L. (2010) Ligand docking and binding site analysis with PyMOL and Autodock/Vina. Journal of Computer-Aided Molecular Design, 24(5), 417-422.	1. Mampu menjelaskan langkah-langkah melakukan visualisasi <i>protein modelling</i> menggunakan <i>PyMOL</i> 2. Mampu melakukan secara teknis melakukan visualisasi <i>protein modelling</i>
14	Mahasiswa mempresentasikan tugas yang	Materi pertemuan sebelumnya (dari 3 praktek <i>protein</i>)	1. Presentasi topik materi yang sudah	1. Orry, A. J. W. & Abagyan, R. (2012) Homology Modeling: Methods and Protocols. New	1. Penguasaan materi 2. Kesesuaian

SESI	KEMAMPUAN AKHIR	MATERI PEMBELAJARAN	BENTUK PEMBELAJARAN	SUMBER PEMBELAJARAN	INDIKATOR PENILAIAN
	diberikan	<i>modelling</i>)	<p>ditentukan</p> <ol style="list-style-type: none"> 2. Tanya jawab 3. Media : kelas, LCD, komputer, whiteboard 	<p>York, USA: Humana Press.</p> <ol style="list-style-type: none"> 2. DeLano, W. L. & Bromberg, S. (2004) PyMOL User Guide. California, USA: DeLano Scientific LLC. 3. Seeliger, D. & de Groot, B. L. (2010) Ligand docking and binding site analysis with PyMOL and Autodock/Vina. Journal of Computer-Aided Molecular Design, 24(5), 417-422. 	<p>materi presentasi dengan tema</p> <ol style="list-style-type: none"> 3. Kemampuan menjawab pertanyaan 4. Sistematika presentasi 5. Bahasa yang digunakan 6. Penampilan materi presentasi

**Mengetahui,
Ketua Program Studi,**

Titta Novianti, S.Si, M.Biomed

Jakarta, 1 September 2018

Dosen Pengampu,

Dr. Riza Arief Putranto, DEA

EVALUASI PEMBELAJARAN

SESI	PROSE-DUR	BEN-TUK	SKOR ≥ 77 (A / A-)	SKOR ≥ 65 (B- / B / B+)	SKOR ≥ 60 (C / C+)	SKOR ≥ 45 (D)	SKOR < 45 (E)	BOBOT
1	<i>Pre test</i>	Tes lisan	Mahasiswa mampu menjelaskan perkembangan terbaru era genomik dan kaitannya dengan bioinformatika aplikatif dengan lengkap	Mahasiswa mampu menjelaskan perkembangan terbaru era genomik dan kaitannya dengan bioinformatika aplikatif (min. 2)	Mahasiswa mampu menjelaskan perkembangan terbaru era genomik dan kaitannya dengan bioinformatika aplikatif (min. 1)	Mahasiswa kurang tepat menjelaskan	Mahasiswa tidak dapat menjelaskan	0
2	<i>Pre test</i>	Tes lisan	Mahasiswa mampu menjelaskan berbagai macam database sekuen dan langkah-langkah melakukan analisis genomika (minimal 3)	Mahasiswa mampu menjelaskan berbagai macam database sekuen dan langkah-langkah melakukan analisis genomika (minimal 2)	Mahasiswa mampu menjelaskan berbagai macam database sekuen dan langkah-langkah melakukan analisis genomika (minimal 1)	Mahasiswa kurang tepat menjelaskan	Mahasiswa tidak dapat menjelaskan	0
3	<i>Post test</i>	Tes tulis	Mahasiswa mampu secara teknis melakukan anotasi sekuen ke genom dengan benar	Mahasiswa mampu secara teknis melakukan anotasi sekuen ke genom dengan	Mahasiswa mampu secara teknis melakukan anotasi sekuen	Mahasiswa kurang mampu secara teknis melakukan anotasi sekuen	Mahasiswa tidak mengerjakan tugas	5

SESI	PROSE-DUR	BEN-TUK	SKOR ≥ 77 (A / A-)	SKOR ≥ 65 (B- / B / B+)	SKOR ≥ 60 (C / C+)	SKOR ≥ 45 (D)	SKOR < 45 (E)	BOBOT
			(seluruh langkah)	benar (4 langkah)	ke genom dengan benar (3 langkah)			
4	Pre test	Test lisan	Mahasiswa mampu menjelaskan <i>open source platform</i> kerja bionformatika <i>Galaxy</i> dengan lengkap	Mahasiswa mampu menjelaskan <i>open source platform</i> kerja bionformatika <i>Galaxy</i> dengan singkat	Mahasiswa mampu menjelaskan hanya konsep <i>source platform</i> kerja bioinformatika <i>Galaxy</i>	Mahasiswa kurang tepat menjelaskan	Mahasiswa tidak dapat menjawab pertanyaan	0
5	Pre test	Tes lisan	Mahasiswa mampu menjelaskan dasar-dasar teori genomika komparatif dan teori konsep <i>synteny, paralogy</i> dan <i>orthology</i>	Mahasiswa mampu menjelaskan dasar-dasar teori genomika komparatif	Mahasiswa mampu menjelaskan sebagian dasar-dasar teori genomika komparatif	Mahasiswa kurang tepat menjelaskan	Mahasiswa tidak menjawab pertanyaan	0
6	Pre test	Tes lisan	Mahasiswa mampu menjelaskan runtutan analisis genomika komparatif secara lengkap	Mahasiswa mampu menjelaskan runtutan analisis genomika komparatif (minimal 3 kriteria)	Mahasiswa mampu menjelaskan runtutan analisis genomika komparatif (minimal 2 kriteria)	Mahasiswa kurang tepat menjelaskan	Mahasiswa tidak menjawab pertanyaan	0

SESI	PROSE-DUR	BEN-TUK	SKOR ≥ 77 (A / A-)	SKOR ≥ 65 (B- / B / B+)	SKOR ≥ 60 (C / C+)	SKOR ≥ 45 (D)	SKOR < 45 (E)	BOBOT
7	Pre test	Tes lisan	Mahasiswa mampu melakukan secara teknis analisis genomika komparatif secara lengkap	Mahasiswa mampu melakukan secara teknis analisis genomika komparatif (minimal 3 langkah)	Mahasiswa mampu melakukan secara teknis analisis genomika komparatif (minimal 2 langkah)	Mahasiswa kurang tepat dalam melakukan analisis genomika	Mahasiswa tidak dapat melakukan analisis genomika komparatif	5
*	Post test	Tulis (UTS)	Mahasiswa dapat menjawab pertanyaan dengan baik dan benar (80 -100%)	Mahasiswa dapat menjawab pertanyaan dengan baik dan benar (60 -79%)	Mahasiswa hanya dapat menjawab pertanyaan dengan baik dan benar (40 -50%)	Mahasiswa hanya dapat menjawab pertanyaan (20 -30%)	Mahasiswa tidak dapat menjawab pertanyaan	25
8	Pre test	Tes lisan	Mahasiswa mampu menjelaskan teori dari <i>homology modelling</i> secara lengkap	Mahasiswa mampu menjelaskan teori dari <i>homology modelling</i> secara singkat	Mahasiswa mampu menjelaskan teori dari <i>homology modelling</i> secara konseptual	Mahasiswa kurang tepat menjelaskan	Mahasiswa tidak menjawab pertanyaan	0
9	Pre test	Tes lisan	Mahasiswa mampu menjelaskan perbedaan dari berbagai <i>modeling tools</i> secara lengkap	Mahasiswa mampu menjelaskan perbedaan dari berbagai <i>modeling tools</i>	Mahasiswa mampu menjelaskan perbedaan dari berbagai <i>modeling tools</i>	Mahasiswa mampu menjelaskan konsep berbagai <i>modeling tools</i>	Mahasiswa tidak mampu menjelaskan	0

SESI	PROSE-DUR	BEN-TUK	SKOR ≥ 77 (A / A-)	SKOR ≥ 65 (B- / B / B+)	SKOR ≥ 60 (C / C+)	SKOR ≥ 45 (D)	SKOR < 45 (E)	BOBOT
				(minimal 3 kriteria)	(minimal 2 kriteria)			
10	Pre test	Test lisan	Mahasiswa mampu melakukan secara teknis analisis <i>protein modelling</i> secara lengkap	Mahasiswa mampu melakukan secara teknis analisis <i>protein modelling</i> (minimal 3 langkah)	Mahasiswa mampu melakukan secara teknis analisis <i>protein modelling</i> (minimal 2 langkah)	Mahasiswa kurang mampu melakukan	Mahasiswa tidak mampu melakukan	5
11	Pre test	Tes lisan	Mahasiswa mampu melakukan secara teknis evaluasi analisis <i>protein modelling</i> dengan lengkap	Mahasiswa mampu melakukan secara teknis evaluasi analisis <i>protein modelling</i> (minimal 3 langkah)	Mahasiswa mampu melakukan secara teknis evaluasi analisis <i>protein modelling</i> (minimal 2 langkah)	Mahasiswa kurang mampu melakukan secara teknis evaluasi analisis <i>protein modelling</i>	Mahasiswa tidak mampu melakukan	5
12	Post test	Tes lisan	Mahasiswa mampu menjelaskan prinsip-prinsip tampilan visualisasi <i>protein modeling</i> secara lengkap	Mahasiswa mampu menjelaskan prinsip-prinsip tampilan visualisasi <i>protein modeling</i> secara sederhana	Mahasiswa mampu menjelaskan prinsip-prinsip tampilan visualisasi <i>protein modeling</i> secara konseptual	Mahasiswa kurang tepat menjelaskan prinsip-prinsip tampilan visualisasi <i>protein modeling</i>	Mahasiswa tidak menjawab pertanyaan	0
13	Pre test	Tes	Mahasiswa mampu	Mahasiswa	Mahasiswa	Mahasiswa	Mahasiswa	5

SESI	PROSE-DUR	BEN-TUK	SKOR ≥ 77 (A / A-)	SKOR ≥ 65 (B- / B / B+)	SKOR ≥ 60 (C / C+)	SKOR ≥ 45 (D)	SKOR < 45 (E)	BOBOT
		lisan	melakukan secara teknis melakukan visualisasi <i>protein modelling</i> secara lengkap	mampu melakukan secara teknis melakukan visualisasi <i>protein modelling</i> (minimal 3 langkah)	mampu melakukan secara teknis melakukan visualisasi <i>protein modelling</i> (minimal 2 langkah)	kurang mampu melakukan	tidak mampu melakukan	
14	Post test	Tugas membuat presentasi	Mahasiswa presentasikan tugas terstruktur nilai A di semua kriteria indikator	Mahasiswa presentasikan tugas terstruktur dengan nilai A beberapa kriteria indikator (min. 4 kriteria)	Mahasiswa presentasikan tugas terstruktur dengan nilai A beberapa kriteria indikator (min. 2 indikator)	Mahasiswa mempresentasikan tugas terstruktur tanpa nilai A di semua kriteria indikator	Mahasiswa tidak mengerjakan tugas	15
*	Post test	Tulis (UAS)	Mahasiswa dapat menjawab pertanyaan dengan baik dan benar (80 -100%)	Mahasiswa dapat menjawab pertanyaan dengan baik dan benar (60 -79%)	Mahasiswa dapat menjawab pertanyaan dengan baik dan benar (40 - 59%)	Mahasiswa dapat menjawab pertanyaan dengan baik dan benar (20 - 39%)	Mahasiswa tidak dapat menjawab pertanyaan	35

Komponen penilaian :

1. Kehadiran = 10 %
2. Tugas = 10 %
3. Praktikum = 20%
4. UTS = 25 %
5. UAS = 35 %

**Mengetahui,
Ketua Program Studi,**

Titta Novianti, S.Si, M.Biomed

Jakarta, 1 September 2018

Dosen Pengampu,

Dr. Riza Arief Putranto, DEA