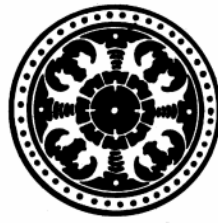


**BAHAN AJAR**

# **BIOINFORMATIKA**



**OLEH :**

**NI MADE SUCI SUKMAWATI**

**LABORATORIUM BIODIKIMIA  
FAKULTAS PETERNAKAN  
UNIVERSITAS UDAYANA  
2015**

## **KATA PENGANTAR**

Puji dan syukur penulis panjatkan kehadapan Tuhan Yang Maha Esa, karena berkat rahmat-Nya Bahan Ajar Kimia Biofisik dengan judul “**Bioinformatika**“ dapat diselesaikan pada waktunya .

Bahan Ajar ini disusun untuk membantu mahasiswa dalam mempelajari materi kuliah Kimia Biofisik khususnya mengenai materi bioinformatika. Kami menyadari bahwa bahan ajar ini masih banyak kekurangannya dan perlu disempurnakan. Untuk itu , kritik dan saran dari pembaca sangat kami harapkan. Semoga bahan ajar ini dapat bermanfaat bagi para pembaca.

Denpasar, Nopember 2015

Ni Made Suci Sukmawati

## DAFTAR ISI

	Halaman
KATA PENGANTAR .....	i
DAFTAR ISI .....	ii
I. PENDAHULUAN .....	1
1.1. Pengertian bioinformatika .....	2
1.2. Sejarah Lahirnya Bioinformatika .....	5
1.3. Penerapan Utama Bioinformatika .....	6
II. PENGANTAR INFORMASI DALAM SISTEM BIOLOGIS .....	8
2.1. Sistem saraf.....	9
2.2. Sistem Endokrin.....	15
III. BIOINFORMATIKA DALAM JARINGAN.....	18
3.1. Karakter Molekul Dari Protein.....	18
3.2. Data Asam Nukleat .....	19
IV. KEMAJUAN DALAM BIDANG BIOINFORMATIKA DAN KOMPUTASI .....	26
DAFTAR PUSTAKA .....	28

## I. PENDAHULUAN

### 1.1. Pengertian Bioinformatika

Bioinformatika, sesuai dengan asal katanya yaitu “**bio**” dan “**informatika**” adalah gabungan antara ilmu biologi dan teknik informasi (TI). Sebagai suatu disiplin ilmu, bioinformatika merupakan kajian yang memadukan disiplin biologi molekuler, matematika dan teknik informasi (TI). Bidang ini masih tergolong relatif baru sehingga masih banyak kesalahpahaman mengenai definisinya. Secara umum, bioinformatika dapat digambarkan sebagai segala bentuk penggunaan komputer dalam menangani masalah-masalah biologi. Tetapi dalam prakteknya, definisi yang digunakan lebih bersifat terperinci. **Bioinformatika itu sendiri mempunyai pengertian suatu teknologi pengumpulan, penyimpanan, analisis, interpretasi, penyebaran dan aplikasi dari data-data biologi molekuler.**

Ilmu bioinformatika lahir atas inisiatif para ahli ilmu komputer berdasarkan *artificial intelligence*. Mereka berpikir bahwa semua gejala yang ada di alam ini bisa dibuat secara artificial melalui simulasi dari gejala-gejala tersebut. Untuk mewujudkan hal ini diperlukan data-data yang menjadi kunci penentu tindak-tanduk gejala alam tersebut, yaitu **gen** yang meliputi DNA atau RNA. Perangkat utama Bioinformatika adalah software dan didukung oleh kesediaan internet dan server World Wide Web (WWW). Syarat utama yang harus dimiliki dalam bidang bioinformatika adalah keberadaan database. Database informasi dasar saat ini telah tersedia. Untuk database DNA yang utama adalah GenBank (Amerika Serikat). Sementara untuk protein, databasenya dapat ditemukan di Swiss-Prot (Swiss) untuk sekuen asam aminonya, dan Protein Data Bank (PDB) untuk struktur tiga dimensinya.

Kajian ini semakin penting, sebab perkembangannya telah mendorong kemajuan bioteknologi di satu sisi, dan pada sisi lain memberi efek domino pada bidang kedokteran, farmasi, lingkungan dan pada bidang lainnya termasuk pertanian dan peternakan. Topik utama bidang ini adalah basis data sekuens biologis, penyejajaran sekuens (*sequence alignment*), prediksi struktur untuk

meramalkan bentuk struktur protein maupun struktur sekunder RNA , analisis filogenetika , dan analisis ekspresi gen.

Kajian baru Bioinformatika ini tak lepas dari perkembangan biologi molekuler modern yang ditandai dengan kemampuan manusia untuk memahami genom, yaitu cetak biru informasi genetik yang menentukan sifat setiap makhluk hidup yang disandi dalam bentuk pita molekul DNA (asam deoksiribonukleat). Kemampuan untuk memahami dan memanipulasi kode genetik DNA ini sangat didukung oleh TI melalui perangkat keras maupun lunak. Dengan Bioinformatika, data-data yang dihasilkan dari proyek genom dapat disimpan dengan teratur dalam waktu yang singkat dengan tingkat akurasi yang tinggi sekaligus dianalisa dengan program-program yang dibuat untuk tujuan tertentu.

Di Indonesia, Bioinformatika masih belum dikenal oleh masyarakat luas. Hal ini dapat dimaklumi karena penggunaan komputer sebagai alat bantu belum merupakan budaya. Bahkan di kalangan peneliti sendiri, barangkali hanya para peneliti biologi molekuler yang sedikit banyak mengikuti perkembangannya karena keharusan menggunakan perangkat-perangkat Bioinformatika untuk analisa data. Sementara di kalangan TI masih kurang mendapat perhatian. Ketersediaan database dasar (DNA, protein) yang bersifat terbuka/gratis merupakan peluang besar untuk menggali informasi berharga daripadanya. Database genom manusia sudah disepakati akan bersifat terbuka untuk seluruh kalangan, sehingga dapat digali/diketahui kandidat-kandidat gen yang memiliki potensi kedokteran/farmasi. Dari sinilah Indonesia dapat ikut berperan mengembangkan Bioinformatika. Kerjasama antara peneliti bioteknologi yang memahami makna biologis data tersebut dengan praktisi TI seperti programmer, dan sebagainya akan sangat berperan dalam kemajuan Bioinformatika Indonesia nantinya.

## **1.2. Sejarah lahirnya bioinformatika**

Istilah bioinformatika mulai dikemukakan pada pertengahan era 1980-an untuk mengacu pada penerapan komputer dalam biologi. Namun demikian, penerapan bidang-bidang dalam bioinformatika (seperti pembuatan basis data dan pengembangan algoritma untuk analisis sekuens biologis) sudah dilakukan sejak tahun 1960-an. Kemajuan teknik biologi molekuler dalam mengungkap sekuens

biologis dari protein (sejak awal 1950-an) dan asam nukleat (sejak 1960-an) mengawali perkembangan basis data dan teknik analisis sekuens biologis. Basis data sekuens protein mulai dikembangkan pada tahun 1960-an di Amerika Serikat dan Jerman (pada European Molecular Biology Laboratory). Penemuan teknik sekuensing DNA yang lebih cepat pada pertengahan 1970-an menjadi landasan terjadinya ledakan sejumlah sekuens DNA yang berhasil diungkapkan pada tahun 1980-an dan 1990-an, menjadi salah satu pembuka jalan bagi proyek-proyek pengungkapan genom, meningkatkan kebutuhan akan pengelolaan dan analisis sekuens, dan pada akhirnya lahirlah bioinformatika.

### **1.3. Penerapan utama bioinformatika**

#### **a. Basis data sekuens biologis**

Basis data adalah kumpulan informasi yang disimpan di dalam komputer secara sistematis sehingga dapat diperiksa menggunakan suatu program komputer untuk memperoleh informasi dari basis data tersebut. Sesuai dengan jenis informasi biologis yang disimpannya, basis data sekuens biologis dapat berupa basis data primer untuk menyimpan sekuens primer asam nukleat maupun protein , basis data sekunder untuk menyimpan motif sekuens protein, dan basis data struktur untuk menyimpan data struktur protein maupun asam nukleat. Basis data utama untuk sekuens asam nukleat saat ini adalah GenBank (Amerika Serikat), EMBL (European Molecular Biology Laboratory, Eropa), dan DDBJ (DNA Data Bank of Japan, Jepang ). Ketiga basis data tersebut bekerja sama dan bertukar data secara harian untuk menjaga keluasan cakupan masing-masing basis data. Sumber utama data sekuens asam nukleat adalah submisi langsung dari periset individual, proyek sekuensing genom , dan pendaftaran paten .

Selain berisi sekuens asam nukleat, entri dalam basis data sekuens asam nukleat umumnya mengandung informasi tentang jenis asam nukleat ( DNA atau RNA ), nama organisme sumber asam nukleat tersebut, dan pustaka yang berkaitan dengan sekuens asam nukleat tersebut. Sementara itu, contoh beberapa basis data penting yang menyimpan sekuens primer

protein adalah PIR (Protein Information Resource, Amerika Serikat), Swiss-Prot (Swiss), dan TrEMBL (Eropa). Ketiga basis data tersebut telah digabungkan dalam UniProt (yang didanai terutama oleh Amerika Serikat). Entri dalam UniProt mengandung informasi tentang sekuens protein, nama organisme sumber protein, pustaka yang berkaitan, dan komentar yang umumnya berisi penjelasan mengenai fungsi protein tersebut.

BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) merupakan perangkat bioinformatika yang berkaitan erat dengan penggunaan basis data sekuens biologis. Penelusuran BLAST (BLAST search) pada basis data sekuens memungkinkan ilmuwan untuk mencari sekuens asam nukleat maupun protein yang mirip dengan sekuens tertentu yang dimilikinya. Hal ini berguna misalnya untuk menemukan gen sejenis pada beberapa organisme atau untuk memeriksa keabsahan hasil sekuensing maupun untuk memeriksa fungsi gen hasil sekuensing. Algoritma yang mendasari kerja BLAST adalah penyejajaran sekuens. PDB (Protein Data Bank) adalah basis data tunggal yang menyimpan model struktural tiga dimensi protein dan asam nukleat hasil penentuan eksperimental (dengan kristalografi sinar-X dan spektroskopi NMR ). PDB menyimpan data struktur sebagai koordinat tiga dimensi yang menggambarkan posisi atom-atom dalam protein ataupun asam nukleat.

## **b. Penyejajaran sekuens**

Penyejajaran sekuens (*sequence alignment*) adalah proses penyusunan/pengaturan dua atau lebih sekuens sehingga persamaan sekuens-sekuens tersebut tampak nyata. Hasil dari proses tersebut juga disebut sebagai *sequence alignment* atau *alignment* saja. Baris sekuens dalam suatu *alignment* diberi sisipan (umumnya dengan tanda "-") sedemikian rupa sehingga kolom-kolomnya memuat karakter yang identik atau sama di antara sekuens-sekuens tersebut. Berikut adalah contoh *alignment* DNA dari dua sekuens pendek DNA yang berbeda, "ccatcaac" dan "caatgggcaac" (tanda "|" menunjukkan kecocokan atau *match* di antara kedua sekuens).

```
ccat---caac
|  | |   | | | |
caatgggcaac
```

*Sequence alignment* merupakan metode dasar dalam analisis sekuens. Metode ini digunakan untuk mempelajari evolusi sekuens-sekuens dari leluhur yang sama (*common ancestor*). Ketidakcocokan (*mismatch*) dalam *alignment* diasosiasikan dengan proses mutasi, sedangkan kesenjangan (*gap*, tanda "-") diasosiasikan dengan proses insersi atau delesi. *Sequence alignment* memberikan hipotesis atas proses evolusi yang terjadi dalam sekuens-sekuens tersebut. Misalnya, kedua sekuens dalam contoh *alignment* di atas bisa jadi berevolusi dari sekuens yang sama "ccatgggcaac". Dalam kaitannya dengan hal ini, *alignment* juga dapat menunjukkan posisi-posisi yang dipertahankan (*conserved*) selama evolusi dalam sekuens-sekuens protein, yang menunjukkan bahwa posisi-posisi tersebut bisa jadi penting bagi struktur atau fungsi protein tersebut. Selain itu, *sequence alignment* juga digunakan untuk mencari sekuens yang mirip atau sama dalam basis data sekuens. BLAST adalah salah satu metode *alignment* yang sering digunakan dalam penelusuran basis data sekuens.

### c. **Prediksi struktur protein**

Secara kimia/fisika, bentuk struktur protein diungkap dengan kristalografi sinar-X ataupun spektroskopi NMR, namun kedua metode tersebut sangat memakan waktu dan relatif mahal. Sementara itu, metode sekuensing protein relatif lebih mudah mengungkapkan sekuens asam amino protein. Prediksi struktur protein berusaha meramalkan struktur tiga dimensi protein berdasarkan sekuens asam aminonya (dengan kata lain, meramalkan struktur tersier dan struktur sekunder berdasarkan struktur primer protein). Secara umum, metode prediksi struktur protein yang ada saat ini dapat dikategorikan ke dalam dua kelompok, yaitu metode pemodelan protein komparatif dan metode pemodelan de novo. Pemodelan protein komparatif (*comparative protein modelling*) meramalkan struktur



suatu protein berdasarkan struktur protein lain yang sudah diketahui. Salah satu penerapan metode ini adalah pemodelan homologi (homology modelling), yaitu prediksi struktur tersier protein berdasarkan kesamaan struktur primer protein. Pemodelan homologi didasarkan pada teori bahwa dua protein yang homolog memiliki struktur yang sangat mirip satu sama lain. Pada metode ini, struktur suatu protein (disebut protein target) ditentukan berdasarkan struktur protein lain (protein templat) yang sudah diketahui dan memiliki kemiripan sekuens dengan protein target tersebut. Selain itu, penerapan lain pemodelan komparatif adalah protein threading yang didasarkan pada kemiripan struktur tanpa kemiripan sekuens primer. Latar belakang protein threading adalah bahwa struktur protein lebih dikonservasi daripada sekuens protein selama evolusi; daerah-daerah yang penting bagi fungsi protein dipertahankan strukturnya. Pada pendekatan ini, struktur yang paling kompatibel untuk suatu sekuens asam amino dipilih dari semua jenis struktur tiga dimensi protein yang ada. Metode-metode yang tergolong dalam protein threading berusaha menentukan tingkat kompatibilitas tersebut.

Dalam pendekatan *de novo* atau *ab initio*, struktur protein ditentukan dari sekuens primernya tanpa membandingkan dengan struktur protein lain. Terdapat banyak kemungkinan dalam pendekatan ini, misalnya dengan menirukan proses pelipatan (folding) protein dari sekuens primernya menjadi struktur tersiernya (misalnya dengan simulasi dinamika molekular), atau dengan optimisasi global fungsi energi protein. Prosedur-prosedur ini cenderung membutuhkan proses komputasi yang intens, sehingga saat ini hanya digunakan dalam menentukan struktur protein-protein kecil. Beberapa usaha telah dilakukan untuk mengatasi kekurangan sumber daya komputasi tersebut, misalnya dengan superkomputer (misalnya superkomputer Blue Gene dari IBM) atau komputasi terdistribusi (distributed computing, misalnya proyek Folding@home).

#### **d. Analisis ekspresi gen**

**Ekspresi gen** merupakan rangkaian proses penerjemahan

informasi genetik (dalam bentuk urutan basa pada DNA atau RNA) menjadi protein, dan lebih jauh lagi fenotipe. Informasi yang dibawa bahan genetik tidak bermakna apa pun bagi suatu organisme apabila tidak diekspresikan menjadi fenotipe. Ekspresi gen dapat ditentukan dengan mengukur kadar mRNA dengan berbagai macam teknik (misalnya dengan microarray ataupun Serial Analysis of Gene Expression ["Analisis Serial Ekspresi Gen", SAGE]). Teknik-teknik tersebut umumnya diterapkan pada analisis ekspresi gen skala besar yang mengukur ekspresi banyak gen (bahkan genom ) dan menghasilkan data skala besar. Metode-metode penggalian data (data mining) diterapkan pada data tersebut untuk memperoleh pola-pola informatif. Sebagai contoh, metode-metode komparasi digunakan untuk membandingkan ekspresi di antara gen-gen, sementara metode-metode klustering (clustering) digunakan untuk mempartisi data tersebut berdasarkan kesamaan ekspresi gen.

e. **Analisis Filogenetika**

Filogenetik adalah studi yang membahas tentang hubungan kekerabatan antar berbagai macam organisme melalui analisis molekuler dan morfologi. Dengan pesatnya perkembangan teknik-teknik di dalam biologi molekuler, seperti PCR (*polymerase chain reaction*) dan sikuensing DNA, penggunaan sekuen DNA dalam penelitian filogenetika telah meningkat pesat dan telah dilakukan pada semua tingkatan taksonomi, misalnya famili, marga, dan species.

Pemikiran dasar penggunaan sekuen DNA dalam studi filogenetika adalah bahwa terjadi perubahan basa nukleotida menurut waktu, sehingga akan dapat diperkirakan kecepatan evolusi yang terjadi dan akan dapat direkonstruksi hubungan evolusi antara satu kelompok organisme dengan yang lainnya. Ada sejumlah asumsi yang harus diperhatikan sebelum menggunakan data sekuen DNA atau protein ke analisis, diantaranya yaitu (1) sekuen berasal dari sumber yang spesifik, apakah dari inti, kloroplas atau mitokondria; (2) sekuen bersifat homolog (diturunkan dari satu nenek moyang); (3) sekuen memiliki sejarah evolusi yang sama (misalnya bukan

dari campuran DNA inti dan mitokondria); dan (4) setiap sekuen berkembang secara bebas.

Analisis filogenetika molekuler merupakan proses bertahap untuk mengolah data sekuen DNA atau protein sehingga diperoleh suatu hasil yang menggambarkan estimasi mengenai hubungan evolusi suatu kelompok organisme. Paling sedikit, ada tiga tahap penting dalam analisis filogenetika molekuler, yaitu *sequence alignment*, rekonstruksi pohon filogenetika, dan evaluasi pohon filogenetika dengan uji statistik.

## II. Pengantar Informasi dalam Sistem Biologis

Informasi merupakan suatu bentuk komunikasi dalam suatu kehidupan. Tidak ada kehidupan tanpa proses komunikasi. Hewan, lebih-lebih manusia mengenal informasi hingga ke sistem strata kehidupannya (sistem sosial), demikian juga makhluk hidup lainnya. Proses penyampaian informasi ini juga terjadi di tingkat kehidupan terkecil, seperti sel. Bahkan perkembangan biologi molekuler telah mengungkapkan bahwa proses informasi ini juga sampai ke tingkat biomolekuler seperti protein, karbohidrat, lipid dan asam nukleat.

Tubuh kita terdiri dari sistem informasi yang sangat kompleks, dengan dua sistem yang sangat menonjol, yaitu **sistem saraf dan sistem endokrin**. Kedua system ini bersama-sama bekerja untuk mempertahankan homeostasis tubuh. Fungsi mereka satu sama lain saling berhubungan, namun dapat dibedakan dengan karakteristik tertentu (Tabel 1). Sistem informasi pada sistem saraf diatur oleh impuls elektrik dan juga zat kimia yang disebut neurotransmitter (karena impuls listrik tidak bisa melompat pada sinap yang terlalu lebar), sedangkan pada sistem endokrin hanya menggunakan zat kimia yaitu hormon.

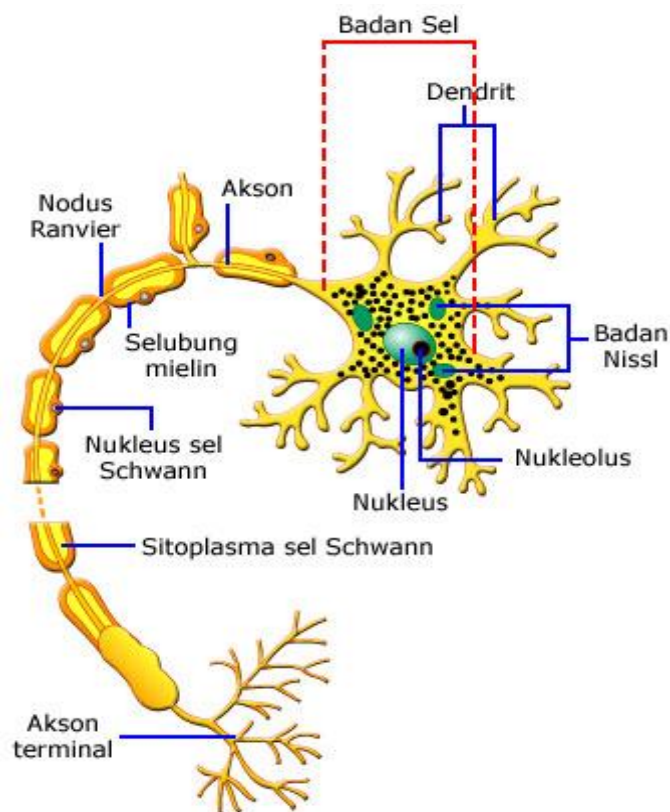
Tabel 1. Perbandingan antara system saraf dan system endokrin

Perbandingan antara Sistem Saraf dan Sistem Endokrin		
	Sistem Saraf	Sistem Endokrin
Sel	Neuron	Ephitelum glandular
Signal kimiawi	Neurotransmitter	Hormon
Spesifisitas kerja	Receptor pada sel postsynaptics	Reseptor pada sel target
<b>Kecepatan onset</b>	Beberapa detik	Beberapa detik sampai jam
<b>Durasi kerja</b>	Sangat singkat kecuali aktivitas neural berlanjut	Dapat singkat atau dapat bertahan selama beberapa hari bahkan ketika sekresi dihentikan

## 2.1. Sistem Saraf

Sistem saraf merupakan salah satu bagian yang menyusun sistem koordinasi yang bertugas menerima rangsangan, menghantarkan rangsangan ke seluruh bagian tubuh, serta memberikan respons terhadap rangsangan tersebut. Rangsangan dapat berasal dari luar tubuh (*eksternal*) misalnya suara, cahaya, bau, panas, dingin, manis, pahit dan sebagainya. Sedangkan rangsangan yang berasal dari dalam tubuh disebut juga rangsangan internal, misalnya rasa haus, lapar, dan nyeri.

Sistem saraf terdiri atas unit-unit terkecil yang disebut neuron (sel saraf). Neuron adalah sel yang mempunyai kemampuan menerima impuls dan menghantarkan impuls. Neuron, sel-selnya tidak mengalami pembelahan sehingga jika sudah mati atau rusak, neuron tidak dapat diganti. Setiap neuron terdiri atas tiga bagian yaitu **badan sel**, **dendrit**, dan **akson** (Gambar 1).



Pustekkom Depdiknas © 2008

Gambar 1. Bagian-bagian sel saraf

**Badan sel** terdiri dari inti sel (nukleus), anak inti sel (nukleolus) dan sitoplasma yang mengandung substansi kromatik yaitu badan Nissl serta serabut halus pada badan neuron yang disebut neurofibril. Badan Nissl akan tampak jika dilihat dengan menggunakan mikroskop elektron seperti retikulum endoplasma granuler yang tersusun sejajar antara yang satu dengan yang lain. **Dendrit** adalah juluran atau serabut pendek bercabang yang merupakan tonjolan dari sitoplasma pada badan sel. Di dalam dendrit terdapat badan Nissl dan mitokondria. Dendrit berfungsi menghantarkan impuls ke badan sel.

**Akson atau neurit** adalah juluran atau serabut panjang dari badan sel, dan berfungsi untuk menghantarkan impuls dari badan sel menuju ujung akson. Serabut akson yang tipis dengan bentuk panjang di dalamnya terdapat mitokondria, neurofibril tetapi tidak terdapat badan Nissl sehingga tidak terlibat dalam sintesis protein. Akson diselubungi oleh substansi lemak berwarna putih kekuningan yang disebut selubung mielin, selubung ini berfungsi sebagai isolator yang melindungi akson terhadap tekanan dan luka. Juga memberi nutrisi pada akson dan mempercepat jalannya impuls. Pada tempat tertentu ada akson yang tidak dibungkus selubung mielin yang disebut nodus Ranvier.

Salah satu sifat neuron yaitu permukaan luarnya bermuatan positif, sedangkan bagian dalamnya bermuatan negatif. Bila neuron mendapat rangsangan, maka akan terjadi perubahan muatan pada kedua permukaannya, yaitu permukaan luar bermuatan negatif sedangkan bagian dalamnya bermuatan positif, keadaan ini disebut depolarisasi. Impuls saraf atau rangsang saraf yang merupakan pesan saraf akan dialirkan sepanjang akson dalam bentuk gelombang listrik. Alur impuls saraf adalah:

1. Saraf dalam keadaan istirahat (tidak menghantarkan impuls), serabut saraf dalam keadaan polarisasi yaitu permukaan membran luar bermuatan positif, sedangkan membran dalam bermuatan negatif.
2. Saraf dirangsang disuatu tempat tertentu sehingga terjadi depolarisasi, yaitu permukaan luar bermuatan negatif, sedang permukaan dalam bermuatan positif.
3. Antara daerah yang mengalami depolarisasi dengan daerah yang mengalami polarisasi timbul aliran listrik. Aliran listrik ini disebut arus

lokal. Adanya arus lokal menyebabkan depolarisasi di daerah sebelahnya, kemudian diikuti arus lokal dan depolarisasi di daerah sebelahnya demikian seterusnya.

4. Depolarisasi akan menjalar sepanjang serabut saraf, hal ini yang disebut impuls saraf.

Berdasarkan struktur dan fungsinya sistem saraf dibedakan menjadi dua, yaitu : sistem saraf pusat dan sistem saraf tepi (otonom).

### **Sistem Saraf Pusat**

Seluruh aktivitas tubuh dikendalikan oleh sistem saraf pusat. Sistem ini yang mengintegrasikan dan mengolah semua pesan yang masuk untuk membuat keputusan atau perintah yang akan dihantarkan melalui saraf motorik ke otot atau kelenjar. Sistem saraf pusat terdiri dari otak dan sumsum tulang belakang. Otak terdiri dari 5 bagian utama, yaitu :

#### **1). Otak besar.**

Otak besar mempunyai fungsi dalam pengaturan semua aktifitas mental, yaitu yang berkaitan dengan kepandaian (intelegensi), ingatan (memori), kesadaran, dan pertimbangan. Otak besar merupakan sumber dari semua kegiatan/gerakan sadar atau sesuai dengan kehendak, walaupun ada juga beberapa gerakan refleks otak. Pada bagian korteks serebrum yang berwarna kelabu terdapat bagian penerima rangsang (*area sensor*) yang terletak di sebelah belakang *area motor* yang berfungsi mengatur gerakan sadar atau merespon rangsangan. Selain itu terdapat area asosiasi yang menghubungkan area motorik dan sensorik. Area ini berperan dalam proses belajar, menyimpan ingatan, membuat kesimpulan, dan belajar berbagai bahasa. Di sekitar kedua area tersebut adalah bagian yang mengatur kegiatan psikologi yang lebih tinggi. Misalnya bagian depan merupakan pusat proses berfikir (yaitu mengingat, analisis, berbicara, kreativitas) dan emosi. Pusat penglihatan terdapat di bagian belakang.

## 2). **Otak tengah (mesencephalon).**

Otak tengah terletak di depan otak kecil dan jembatan varol. Di depan otak tengah terdapat talamus dan kelenjar hipofisis yang mengatur kerja kelenjar-kelenjar endokrin. Bagian atas (dorsal) otak tengah merupakan lobus optikus yang mengatur refleks mata seperti penyempitan pupil mata, dan juga merupakan pusat pendengaran.

## 3). **Otak kecil (cerebellum).**

Serebellum mempunyai fungsi utama dalam koordinasi gerakan otot yang terjadi secara sadar, keseimbangan, dan posisi tubuh. Bila ada rangsangan yang merugikan atau berbahaya maka gerakan sadar yang normal tidak mungkin dilaksanakan.

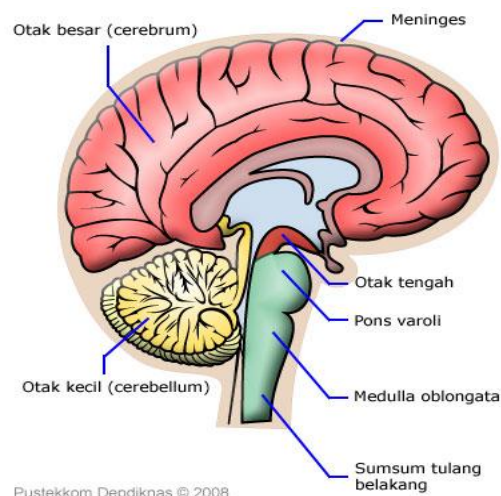
## 4). **Jembatan varol (pons varoli).**

Jembatan varol berisi serabut saraf yang menghubungkan otak kecil bagian kiri dan kanan, juga menghubungkan otak besar dan sumsum tulang belakang.

## 5). **Sumsum lanjutan (medulla oblongata).**

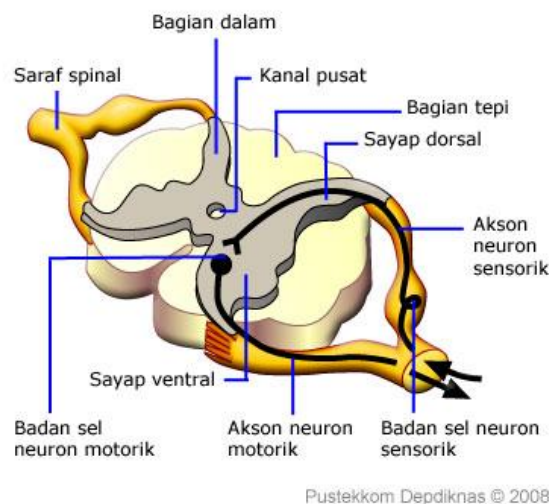
Sumsum lanjutan berfungsi menghantar impuls yang datang dari medula spinalis menuju ke otak. Sumsum sambung juga mempengaruhi jembatan, refleks fisiologi seperti detak jantung, tekanan darah, volume dan kecepatan respirasi, gerak alat pencernaan, dan sekresi kelenjar pencernaan. Selain itu, sumsum sambung juga mengatur gerak refleks yang lain.

Gambar 2.  
Bagian-bagian otak



Sumsum tulang belakang terletak di dalam rongga ruas-ruas tulang belakang, yaitu lanjutan dari medula oblongata memanjang sampai tulang punggung tepatnya sampai ruas tulang pinggang kedua (*canalis centralis vertebrae*). Sumsum tulang belakang berfungsi sebagai pusat gerak refleks, penghantar impuls sensorik dari kulit atau otot ke otak, dan membawa impuls motorik dari otak ke efektor.

Pada penampang melintang sumsum tulang belakang tampak bagian luar berwarna putih, sedangkan bagian dalam berbentuk kupu-kupu dan berwarna kelabu (Gambar 3). Pada penampang melintang sumsum tulang belakang ada bagian seperti sayap yang terbagi atas sayap atas disebut *tanduk dorsal* dan sayap bawah disebut *tanduk ventral*. Impuls sensori dari reseptor dihantar masuk ke sumsum tulang belakang melalui tanduk dorsal dan impuls motor keluar dari sumsum tulang belakang melalui tanduk ventral menuju efektor. Pada tanduk dorsal terdapat badan sel saraf penghubung (asosiasi konektor) yang akan menerima impuls dari sel saraf sensori dan akan menghantarkannya ke saraf motor. Pada bagian putih terdapat serabut saraf asosiasi. Kumpulan serabut saraf membentuk saraf (urat saraf). Urat saraf yang membawa impuls ke otak merupakan saluran asenden dan yang membawa impuls yang berupa perintah dari otak merupakan saluran desenden.



Gambar 3. Penampang melintang sumsum tulang belakang



### **Sistem Saraf Tepi (Sistem Saraf Perifer).**

Sistem saraf tepi adalah lanjutan dari neuron yang bertugas membawa impuls saraf menuju ke dan dari sistem saraf pusat. Berdasarkan cara kerjanya sistem saraf tepi dibedakan menjadi dua yaitu :

#### **a. Sistem saraf sadar (somatik).**

Sistem saraf sadar disusun oleh saraf otak (saraf kranial), yaitu saraf-saraf yang keluar dari otak, dan saraf sumsum tulang belakang, yaitu saraf-saraf yang keluar dari sumsum tulang belakang. Saraf otak ada 12 pasang yang terdiri dari:

1. Tiga pasang saraf sensori, yaitu saraf nomor 1, 2, dan 8
2. lima pasang saraf motor, yaitu saraf nomor 3, 4, 6, 11, dan 12
3. empat pasang saraf gabungan sensori dan motor, yaitu saraf nomor 5, 7, 9, dan 10.

Saraf otak dikhususkan untuk daerah kepala dan leher, kecuali nervus vagus yang melewati leher ke bawah sampai daerah toraks dan rongga perut. Nervus vagus membentuk bagian saraf otonom. Oleh karena daerah jangkauannya sangat luas maka nervus vagus disebut saraf pengembara dan sekaligus merupakan saraf otak yang paling penting.

Saraf sumsum tulang belakang berjumlah 31 pasang saraf gabungan. Berdasarkan asalnya, saraf sumsum tulang belakang dibedakan atas 8 pasang saraf leher, 12 pasang saraf punggung, 5 pasang saraf pinggang, 5 pasang saraf pinggul, dan satu pasang saraf ekor. Beberapa urat saraf bersatu membentuk jaringan urat saraf yang disebut *pleksus*. Ada 3 buah pleksus yaitu sebagai berikut:

- a. *Pleksus cervicalis* merupakan gabungan urat saraf leher yang mempengaruhi bagian leher, bahu, dan diafragma.
- b. *Pleksus brachialis* mempengaruhi bagian tangan.
- c. *Pleksus Jumbo sakralis* yang mempengaruhi bagian pinggul dan kaki.

#### **b. Sistem saraf tak sadar (otonom).**

Sistem saraf otonom disusun oleh serabut saraf yang berasal dari otak maupun dari sumsum tulang belakang dan menuju organ yang bersangkutan. Dalam sistem ini terdapat beberapa jalur dan masing-masing jalur membentuk

sinapsis yang kompleks dan juga membentuk ganglion. Urat saraf yang terdapat pada pangkal ganglion disebut urat saraf *pra ganglion* dan yang berada pada ujung ganglion disebut urat saraf *post ganglion*.

Sistem saraf otonom dapat dibagi atas sistem saraf *simpatik* dan sistem saraf *parasimpatik*. Perbedaan struktur antara saraf simpatik dan parasimpatik terletak pada posisi ganglion. Saraf simpatik mempunyai ganglion yang terletak di sepanjang tulang belakang menempel pada sumsum tulang belakang sehingga mempunyai urat *pra ganglion pendek*, sedangkan saraf parasimpatik mempunyai urat *pra ganglion yang panjang* karena ganglion menempel pada organ yang dibantu. Fungsi sistem saraf simpatik dan parasimpatik selalu berlawanan (antagonis).

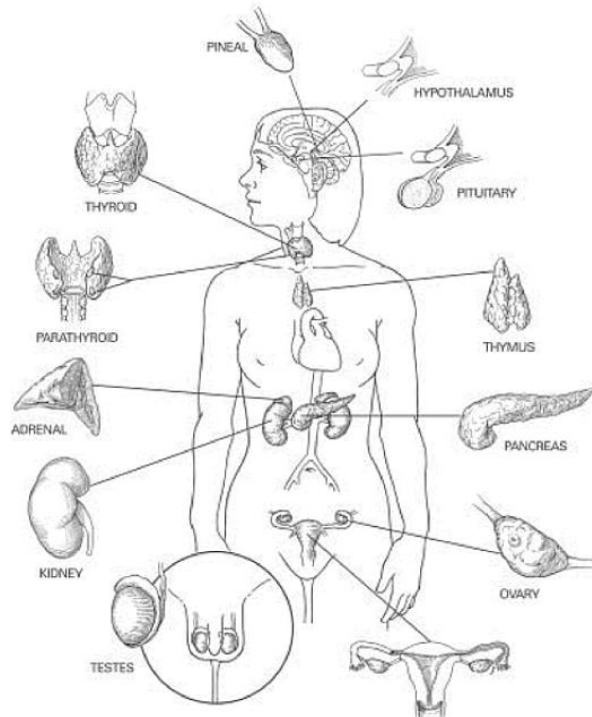
Tabel 1. Fungsi saraf otonom

<b>Parasimpatik</b>	<b>Simpatik</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• mengecilkan pupil</li> <li>• menstimulasi aliran ludah</li> <li>• memperlambat denyut jantung</li> <li>• membesarkan bronkus</li> <li>• menstimulasi sekresi kelenjar pencernaan</li> <li>• mengerutkan kantung kemih</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• memperbesar pupil</li> <li>• menghambat aliran ludah</li> <li>• mempercepat denyut jantung</li> <li>• mengecilkan bronkus</li> <li>• menghambat sekresi kelenjar pencernaan</li> <li>• menghambat kontraksi kandung kemih</li> </ul>

## 2.2. Sistem Endokrin

Sistem endokrin adalah sistem kontrol kelenjar tanpa saluran (ductless) yang menghasilkan hormon yang tersirkulasi di tubuh melalui aliran darah untuk mempengaruhi organ-organ lain. Hormon bertindak sebagai "pembawa pesan" dan dibawa oleh aliran darah ke berbagai sel dalam tubuh, yang selanjutnya akan menerjemahkan "pesan" tersebut menjadi suatu tindakan. Sistem endokrin terdiri dari sekelompok organ yang fungsi utamanya adalah menghasilkan dan melepaskan hormon-hormon secara langsung ke dalam aliran darah. Organ utama dari sistem endokrin antara lain: hipotalamus, kelenjar hipofisa, kelenjar tiroid,

kelenjar paratiroid, pulau langerhans pada pankreas, timus, kelenjar adrenal, buah zakar (testis), dan indung telur (ovarium) (Gambar 4).



Gambar 4. Organ-organ utama system endokrin

Sebagian besar hormon merupakan protein yang terdiri dari rantai asam amino dengan panjang yang berbeda-beda. Sisanya merupakan steroid, yaitu zat lemak yang merupakan derivat dari kolesterol. Hormon dalam jumlah yang sangat kecil bisa memicu respon tubuh yang sangat luas. Hormon terikat kepada reseptor di permukaan sel atau di dalam sel. Ikatan antara hormon dan reseptor akan mempercepat, memperlambat atau merubah fungsi sel. Pada akhirnya hormon mengendalikan fungsi dari organ secara keseluruhan, antara lain :

- 1) Mengendalikan pertumbuhan dan perkembangan, perkembangbiakan dan ciri-ciri seksual
- 2) Mempengaruhi cara tubuh dalam menggunakan dan menyimpan energi
- 3) Mengendalikan volume cairan dan kadar air dan garam di dalam darah.

Beberapa hormon hanya mempengaruhi satu atau dua organ, sedangkan hormon yang lainnya mempengaruhi seluruh tubuh. Misalnya, TSH dihasilkan oleh kelenjar hipofisa dan hanya mempengaruhi kelenjar tiroid. Sedangkan

hormon tiroid dihasilkan oleh kelenjar tiroid, tetapi hormon ini mempengaruhi sel-sel di seluruh tubuh. Insulin dihasilkan oleh sel-sel pulau pankreas dan mempengaruhi metabolisme gula, protein serta lemak di seluruh tubuh.

Jika kelenjar endokrin mengalami kelainan fungsi, maka kadar hormon di dalam darah bisa menjadi tinggi atau rendah, sehingga mengganggu fungsi tubuh. Untuk mengendalikan fungsi endokrin, maka pelepasan setiap hormon harus diatur dalam batas-batas yang tepat. Tubuh perlu merasakan dari waktu ke waktu apakah diperlukan lebih banyak atau lebih sedikit hormon. Hipotalamus dan kelenjar hipofisa melepaskan hormonnya jika mereka merasakan bahwa kadar hormon lainnya yang mereka kontrol terlalu tinggi atau terlalu rendah. Hormon hipofisa lalu masuk ke dalam aliran darah untuk merangsang aktivitas di kelenjar target. Jika kadar hormon kelenjar target dalam darah mencukupi, maka hipotalamus dan kelenjar hipofisa mengetahui bahwa tidak diperlukan perangsangan lagi dan mereka berhenti melepaskan hormon. Sistem umpan balik ini mengatur semua kelenjar yang berada dibawah kendali hipofisa.

Hormon tertentu yang berada dibawah kendali hipofisa memiliki fungsi yang memiliki jadwal tertentu. Misalnya, suatu siklus menstruasi wanita melibatkan peningkatan sekresi LH dan FSH oleh kelenjar hipofisa setiap bulannya. Hormon estrogen dan progesteron pada indung telur juga kadarnya mengalami turun-naik setiap bulannya. Mekanisme pasti dari pengendalian oleh hipotalamus dan hipofisa terhadap bioritmik ini masih belum dapat dimengerti. Tetapi jelas terlihat bahwa organ memberikan respon terhadap semacam jam biologis. Faktor-faktor lainnya juga merangsang pembentukan hormon. Prolaktin (hormon yang dikeluarkan oleh kelenjar hipofisa) menyebabkan kelenjar susu di payudara menghasilkan susu. Isapan bayi pada puting susu merangsang hipofisa untuk menghasilkan lebih banyak prolaktin. Isapan bayi juga meningkatkan pelepasan oksitosin yang menyebabkan mengkerutnya saluran susu sehingga susu bisa dialirkan ke mulut bayi. Kelenjar semacam pulau pankreas dan kelenjar paratiroid, tidak berada dibawah kendali hipofisa. Mereka memiliki sistem sendiri untuk merasakan apakah tubuh memerlukan lebih banyak atau lebih sedikit hormon. Misalnya kadar insulin meningkat segera setelah makan karena tubuh

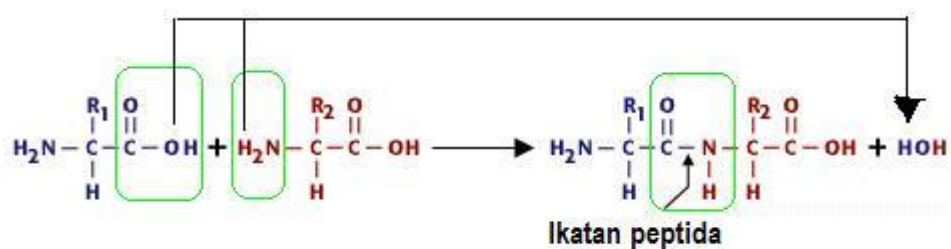
harus mengolah gula dari makanan. Jika kadar insulin terlalu tinggi, kadar gula darah akan turun sampai sangat rendah.

### III. BIOINFORMATIKA DALAM JARINGAN

Saat ini, biologi telah berkembang tidak lagi di alam makro atau mikro, tetapi sudah merambah ke tingkat molekuler. Karena itu, disiplin bioinformatika juga berkembang ke arah tersebut dengan banyak menyajikan data biofisik dari molekul protein dan asam nukleat yang menjadi sentral dalam perkembangan ilmu bioinformatika. Hal ini jelas sebab kedua senyawa tersebut menjadi kunci dalam proses kehidupan.

#### 2.1. Karakter molekul dari protein

**Protein** (asal kata *protos* dari bahasa Yunani yang berarti "yang paling utama") adalah senyawa organik kompleks berbobot molekul tinggi yang merupakan polimer dari monomer-monomer asam amino yang dihubungkan satu sama lain dengan ikatan peptida (Gambar 4). Protein berperan penting dalam struktur dan fungsi semua sel makhluk hidup. Kebanyakan protein merupakan enzim atau subunit enzim. Jenis protein lain berperan dalam fungsi struktural atau mekanis, seperti misalnya protein yang menyusun struktur tubuh dan sendi sitoskeleton. Protein terlibat dalam sistem kekebalan (imun) sebagai antibodi dan sistem kendali dalam bentuk hormon.



Gambar 4. Ikatan peptida

Proses mencari dan menyusun data dilakukan terhadap berbagai molekul protein dengan berbagai jenis asam amino dengan urutan yang spesifik. Proses ini berguna untuk meramalkan konformasi molekul protein yang baru ditemukan dengan mengacu pada molekul protein yang telah diketahui konformasi

molekulnya. Mengetahui konformasi molekul protein bisa diketahui secara eksperimental terhadap protein tersebut atau dengan peramalan atau simulasi komputer terhadap protein tersebut. Hasilnya dicocokkan dengan konformasi molekul protein tersebut. Dari sini dapat diukur seberapa cermat kemampuan program komputer tersebut untuk meramalkan konformasi molekul protein.

Peramalan atau simulasi komputer ini merupakan disiplin dalam bidang bioinformatika dengan peranan dan bantuan ahli komputer untuk mencocokkan hasil program komputer terhadap struktur hipotetik dari suatu protein yang dibandingkan dengan struktur protein sesungguhnya. Peramalan juga dilakukan terhadap molekul protein hipotetik, yaitu molekul protein yang didesain dengan urutan dan jenis asam amino tertentu dengan menggunakan komputer.

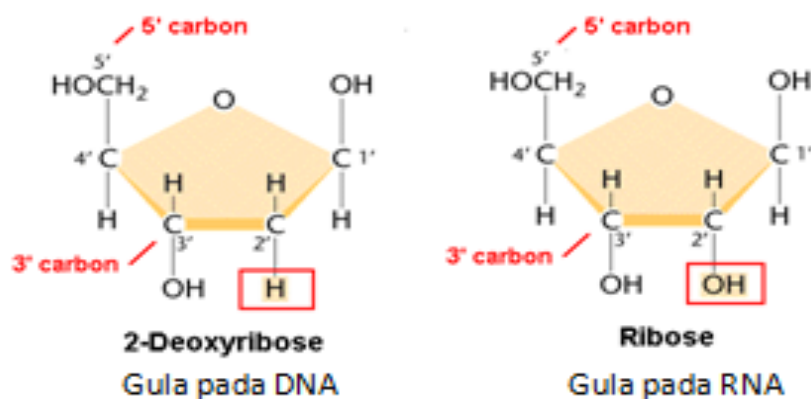
Hal lain yang menjadi sentral pengamatan dari suatu protein ialah tingkat keragamannya dengan protein serupa, tetapi berasal dari organisme lain. Contohnya adalah usaha untuk melihat tingkat keragaman struktur hormon insulin manusia dan insulin kera. Logikanya jika semakin mirip jenis dan urutan asam amino kedua hormon tersebut maka tingkat kekerabatan makhluk tersebut semakin dekat pula. Ini yang diusahakan untuk mendobrak hipotesis evolusi dari Charles Darwin.

Membandingkan, meramal, dan mengurut asam amino penyusun protein saat ini sudah dilakukan dengan berbagai program komputer hasil pengembangan disiplin bioinformatika. Sudah tidak jamannya lagi membandingkan sifat tersebut secara manual, sebab akan banyak menyita waktu dan hasilnya tidak efisien. Kajian mengenai mekanisme interaksi antara protein dan reseptornya juga sudah dikembangkan dalam teknik bioinformatika. Dalam hal ini dibahas mekanisme hipotetik (peramalan manusia) mengenai interaksi antara molekul protein dengan karakter tertentu dan reseptornya yang juga terdiri dari berbagai jenis biomolekul seperti protein, lipid dan lain-lain termasuk membran sel tempat reseptor tersebut berada.

## **2.2. Data Asam Nukleat**

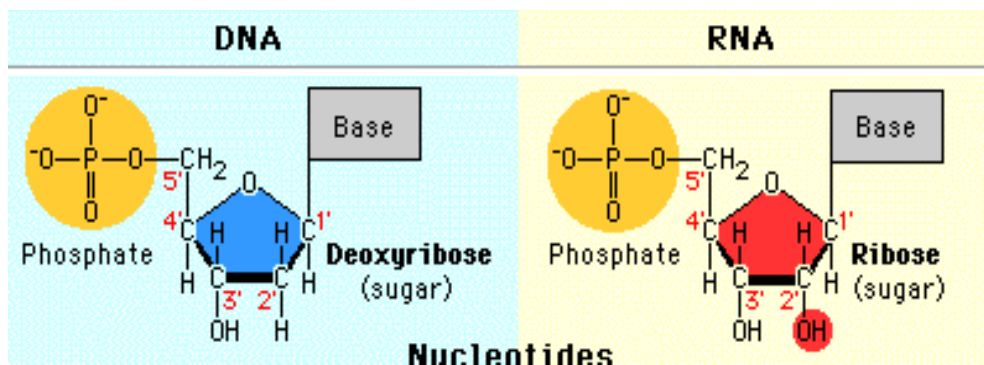
Asam nukleat adalah suatu polimer nukleotida (polinukleotida) yang berperan dalam penyimpanan serta pemindahan informasi genetik. Disebut asam

karena memiliki sifat asam dan nukleat mencerminkan tempatnya yaitu di dalam inti sel (nukleus). Namun, pada organisme prokariot (sel tidak berinti), asam nukleatnya terdapat di dalam sitoplasma. Di dalam sel terdapat dua jenis asam nukleat (berdasarkan gula yang dikandungnya), yaitu asam deoksiribonukleat (DNA), gulanya deoksiribosa dan asam ribonukleat (RNA), gulanya ribosa. Satu-satunya perbedaan diantara kedua gula ini adalah bahwa deoksiribosa tidak memiliki satu atom oksigen pada karbon nomor duanya yang membuat namanya menjadi deoksi (Gambar 5).



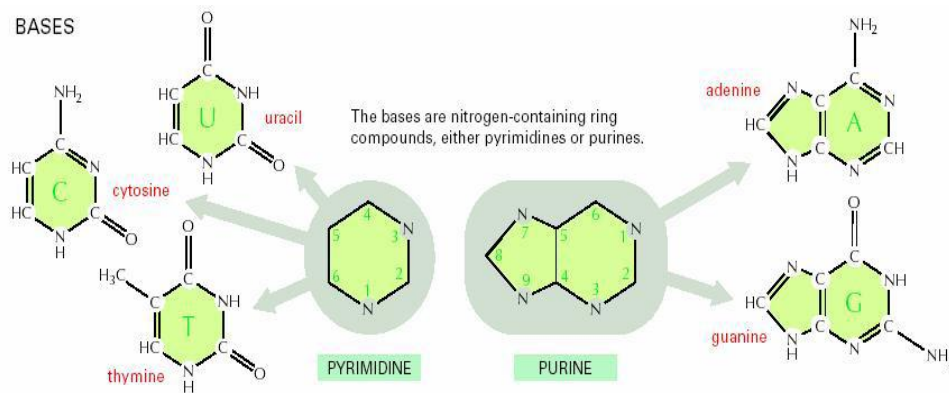
Gambar 5. Gula pentosa pada molekul DNA dan RNA

DNA dan RNA merupakan polimer linier, tidak bercabang dan tersusun dari subunit-subunit yang disebut nukleotida. Masing-masing nukleotida terdiri dari tiga bagian, yaitu gula berkarbon 5 (pentosa), basa organik heterosiklik yang disebut basa nitrogen (mengandung karbon, nitrogen dan berbentuk datar) dan gugus fosfat bermuatan negatif, yang membuat polimer bersifat asam (Gambar 6).



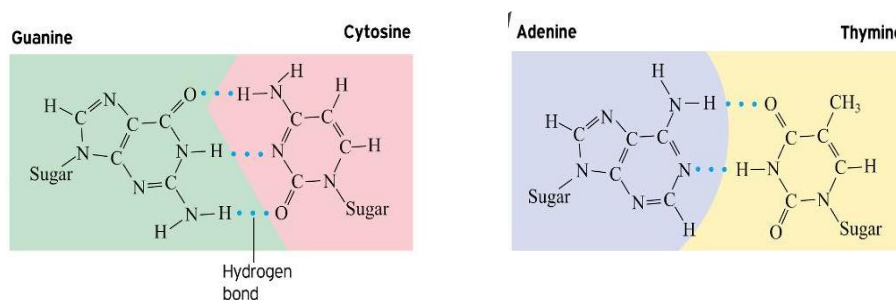
Gambar 6. Struktur molekul nukleotida pada DNA dan RNA

Basa nitrogen, baik pada DNA maupun pada RNA, dapat dikelompokkan menjadi dua golongan, yaitu **purin** dan **pirimidin** (Gambar 7). Basa purin mempunyai dua buah cincin (bisiklik), sedangkan pirimidin hanya mempunyai satu cincin (monosiklik). Pada DNA, dan juga RNA, purin terdiri atas **adenin (A)** dan **guanin (G)**. Akan tetapi, untuk pirimidin ada perbedaan antara DNA dan RNA. Kalau pada DNA basa pirimidin terdiri atas **sitosin (C)** dan **timin (T)**, pada RNA tidak ada timin dan sebagai gantinya terdapat **urasil (U)**. Timin berbeda dengan urasil hanya karena adanya gugus metil pada posisi nomor 5 sehingga timin dapat juga dikatakan sebagai 5-metilurasil.



Gambar 7. Struktur basa pirimidin dan purin

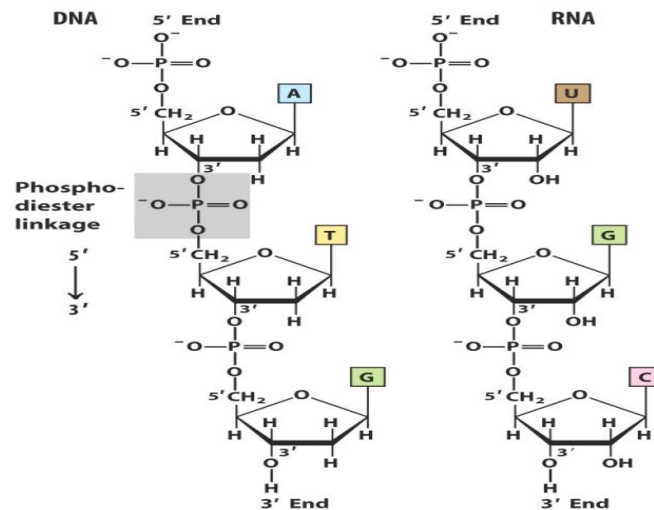
Keempat basa-basa tersebut berikatan secara spesifik tergantung pasangannya melalui ikatan hidrogen. **A** dengan **T** pada DNA atau **A** dengan **U** pada RNA melalui 2 buah ikatan hidrogen, sementara **C** dengan **G** melalui 3 ikatan hidrogen (Gambar 8). Adanya ikatan hidrogen tersebut menjadikan kedua rantai polinukleotida terikat satu sama lain dan saling **komplementer**. Artinya, begitu sekuens basa pada salah satu rantai diketahui, maka sekuens pada rantai yang lainnya dapat ditentukan.



Gambar 8. Ikatan hidrogen diantara pasangan basa

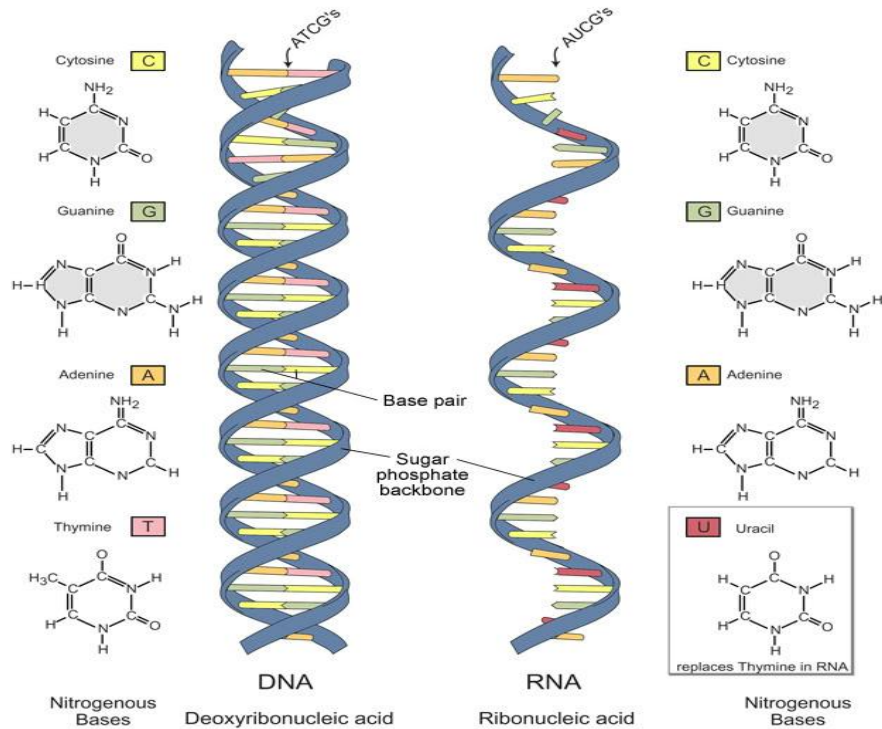


Monomer nukleotida pada DNA maupun RNA berikatan satu sama lain melalui ikatan fosfodiester antara gugus hidroksil (OH) di atom C nomor 3'nya dengan gugus fosfat dari nukleotida berikutnya (Gambar 9). Oleh karena itu, suatu polinukleotida tersusun atas kerangka gula-fosfat yang berselang-seling dan mempunyai ujung 5'-P dan 3'-OH. Adanya ujung-ujung tersebut menjadikan rantai polinukleotida linier mempunyai arah tertentu.



Gambar 9. Ikatan fosfodiester pada rantai polinukleotida

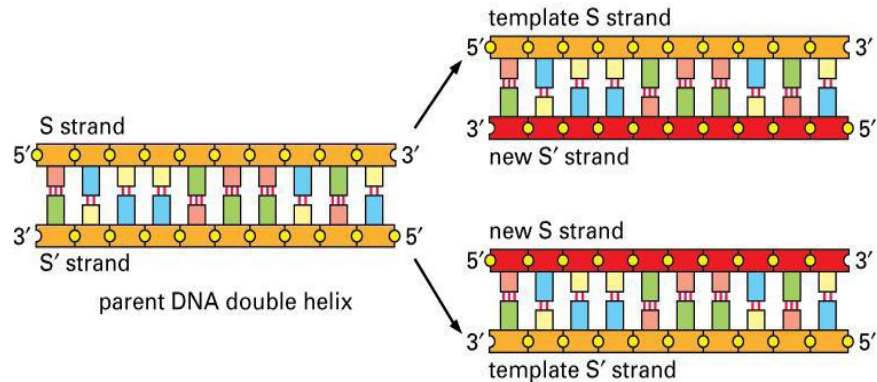
DNA terdapat dalam bentuk heliks ganda (double helix) yang seragam dengan rantai-rantai komplementer yang berpilin satu sama lain membentuk tangga spiral ke arah kanan, sedangkan molekul-molekul RNA disintesis dari cetakan DNA sebagai untai tunggal (Gambar 10). Namun, untai tunggal RNA juga dapat melipat ke rantainya sendiri dan membentuk pasangan basa komplementer yang menghasilkan struktur sekunder yang unik. Kedua untai komplementer dari heliks ganda DNA bekerja dengan arah yg berlawanan atau antiparalel. Jika salah satu rantai dibaca dari ujung fosfat 5'-nya, maka rantai lainnya akan dibaca dari ujung hidroksil 3'-nya. Ujung 3' membawa gugus -OH bebas pada posisi 3' dari cincin gula, dan ujung 5' membawa gugus fosfat bebas pada posisi 5' dari cincin gula. Heliks ganda DNA akan membawa satu putaran setiap 10 pasangan basa (sekitar 3,4 nm).



Gambar 10. Rantai DNA dan RNA

Basa yang berpasangan terletak di tengah molekul, membentuk rongga hidrofobik sehingga lebar heliks menjadi sekitar 2 nm. Bentuk DNA tersebut dikatakan berada dalam bentuk B atau bentuk yang sesuai dengan model asli Watson-Crick. Bentuk yang lain, misalnya bentuk A, akan dijumpai jika DNA berada dalam medium dengan kadar garam tinggi. Pada bentuk A terdapat 11 pasangan basa dalam setiap putaran spiral. Selain itu, ada pula bentuk Z, yaitu bentuk molekul DNA yang mempunyai arah pilinan spiral ke kiri. Berbagai macam bentuk DNA ini sifatnya fleksibel, artinya dapat berubah dari yang satu ke yang lain bergantung kepada kondisi lingkungannya.

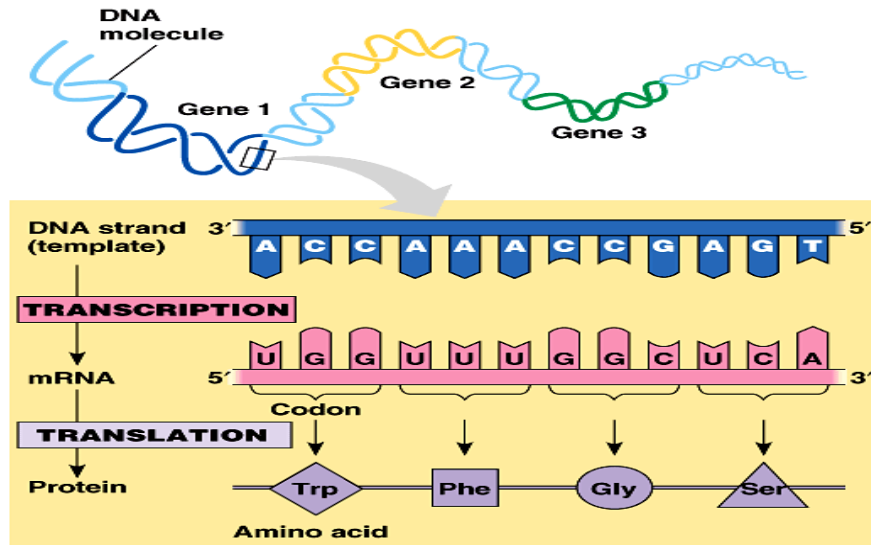
DNA dobel heliks dapat dikopi secara persis karena masing-masing untai mengandung sekuen nukleotida yang persis berkomplemen dengan sekuen untai pasangannya. Masing-masing untai dapat berperan sebagai cetakan untuk sintesis dari untai komplemen baru yang identik dengan pasangan awalnya (Gambar 11).



Gambar 11. Replikasi DNA

Telah dijelaskan sebelumnya bahwa untai tunggal RNA juga dapat melipat ke rantainya sendiri dan membentuk pasangan basa komplementer yang menghasilkan struktur sekunder yang unik (ikatan hidrogen dalam molekulnya sendiri =intramolekuler). Adanya modifikasi struktur RNA menyebabkan adanya perbedaan fungsi. Berdasarkan fungsinya, dikenal 3 jenis RNA yaitu: **RNA duta atau messenger (mRNA); RNA transfer (tRNA) dan RNA ribosom (rRNA).**

- mRNA bertugas menerima informasi/keterangan genetik dari DNA. Proses ini dinamakan transkripsi dan berlangsung dalam nukleus. Berfungsi sebagai perantara antara DNA kromosom dan asam amino sitoplasma. Berperan penting dlm pembuatan protein
- tRNA bertugas mengikat asam amino yang terdapat dalam sitoplasma. Sebelum dapat diikat oleh tRNA, asam amino bereaksi terlebih dahulu dengan ATP supaya berenergi dan aktif. tRNA membawa asam amino yg diikat itu ke ribosom. Disinilah berlangsung perubahan informasi genetik yang dinyatakan oleh urutan basa dari mRNA ke urutan asam amino dalam protein yang dibentuk. Proses perubahan ini disebut Translasi
- rRNA bertugas mensintesa protein dengan menggunakan asam amino. Proses ini berlangsung dalam ribosom dan hasil akhirnya adalah polipeptida. Untuk lebih jelasnya dapat dilihat pada Gambar 12.



Gambar 12. Aliran informasi genetic dari DNA→RNA→protein

Beberapa informasi yang didapat dari struktur asam nukleat antara lain :

1. Cetak biru atau data mendasar suatu organisme terdapat pada asam nukleatnya.
2. Asam nukleat memberi informasi mengenai kemampuan suatu organisme bertahan di berbagai lingkungan hidup selama evolusinya.
3. Asam nukleat dapat bersifat sebagai jam molekul suatu organisme yang menerangkan bagaimana sejarah panjang evolusi organisme tersebut ditinjau dari molekul penyusunnya.
4. Asam nukleat mengimpormasikan mengenai gen yang tidak terekspresi, atau sisa gen yang sudah tidak terekspresi lagi . Manusia memiliki gen demikian dan ini memberi kontribusi terhadap besarnya ukuran genom manusia.
5. Asam nukleat memberi informasi mengenai sifat suatu gen tertentu pada manusia dan membandingkannya dengan sifat gen itu pada berbagai hewan. Proses perbandingan ini sangat penting untuk berbagai tujuan seperti pengobatan dan proses transplantasi jaringan.
6. Asam nukleat dapat memberi informasi mengenai interaksi antara protein dan asam nukleat.

#### IV. Kemajuan dalam Bioinformatika dan Komputasi

Bioinformatika dan komputasi mengalami kemajuan sangat pesat dalam tahun 1990-an sampai tahun 2000. Kemajuan ini ditandai dengan ditemukannya berbagai teknologi seperti [rekayasa genetika](#), [kultur jaringan](#), rekombinan [DNA](#), pengembangbiakan [sel induk](#), [kloning](#), dan lain-lain. Teknologi ini memungkinkan kita untuk memperoleh penyembuhan penyakit-penyakit genetik maupun kronis yang belum dapat disembuhkan, seperti [kanker](#) ataupun [AIDS](#). Penelitian di bidang pengembangan sel induk juga memungkinkan para penderita *stroke* ataupun penyakit lain yang mengakibatkan kehilangan atau kerusakan pada jaringan tubuh dapat sembuh seperti sediakala.

Di bidang [pangan](#), dengan menggunakan teknologi rekayasa genetika, kultur jaringan dan rekombinan DNA, dapat dihasilkan tanaman dengan sifat dan produk unggul karena mengandung zat [gizi](#) yang lebih jika dibandingkan tanaman biasa, serta juga lebih tahan terhadap hama maupun tekanan lingkungan. Penerapan bioteknologi di masa ini juga dapat dijumpai pada pelestarian [lingkungan hidup](#) dari [polusi](#). Sebagai contoh, pada penguraian [minyak bumi](#) yang tertumpah ke laut oleh bakteri, dan penguraian zat-zat yang bersifat toksik (racun) di sungai atau laut dengan menggunakan bakteri jenis baru. Kemajuan di bidang bioteknologi tak lepas dari berbagai kontroversi yang melingkupi perkembangan teknologinya. Sebagai contoh, teknologi [kloning](#) dan [rekayasa genetika](#) terhadap tanaman pangan mendapat kecaman dari bermacam-macam golongan.

Kemajuan lainnya adalah kemajuan ilmu kimia kombinatorial yaitu ilmu kimia yang membahas berbagai cara dalam proses penemuan molekul yang memiliki keunikan tertentu. Sifat unik dari setiap molekul sangat penting dalam perkembangan ilmu kimia itu sendiri dan ilmu lain yang berhubungan dengan ilmu kimia seperti farmakologi, biokimia, dan lain-lain. Jika kita melihat kembali pada ilmu kimia organik, kita tahu bahwa atom karbon dapat membentuk berbagai senyawa karbon. Belum lagi adanya berbagai isomer dalam senyawa karbon maka akan menambah keragaman senyawa karbon itu sendiri. Contohnya, jika kita perhatikan pada molekul monosakarida (heksosa). Dari heksosa dapat kita jumpai dua kelompok besar monosakarida berdasarkan gugus fungsional yang dimilikinya, yaitu kelompok aldosa dan ketosa. Jika perhatian kita tujukan

pada aldosa, maka kita dapat menemukan 16 jenis aldosa berdasarkan isomer optiknya. Hal ini disebabkan tiap molekul aldosa memiliki empat atom karbon asimetrik.

Semakin banyak jumlah atom karbon yang membentuk senyawa organik, maka semakin beragam senyawa organik tersebut. Keragaman ini dapat dilihat bagaimana caranya atom karbon berikatan satu sama lainnya. Selain itu keragaman juga dapat dilihat dari kemampuan unsur lain seperti oksigen, hidrogen, dan nitrogen berikatan dengan atom karbon. Karena begitu beragamnya struktur kimia organik, mempelajarinya bukan suatu proses yang sederhana. Perlu bantuan sistem komputer untuk membantu mempelajari keragaman tersebut.

Penggunaan komputer dalam ilmu kimia kombinatorial adalah untuk menghasilkan pustaka molekul sebagai informasi dasar dan merancang struktur molekul tertentu dengan sifat tertentu pula. Sebagai contoh menghambat pematangan buah dapat dilakukan dengan menghambat enzim yang memicu proses pematangan tersebut. Untuk menghambat enzim pematangan tersebut perlu diberi molekul tertentu yang dapat berikatan dengan enzim tersebut. Proses pencarian molekul tersebut memerlukan pengetahuan ilmu kimia kombinatorial dan dilakukan dengan bantuan komputer.

Molekul yang digunakan harus memiliki persyaratan tertentu. Contohnya sebagai penghambat enzim pematangan buah tidak boleh berikatan permanen dengan enzim tersebut. Hambatan ini tidak bersifat permanen dan dapat lepas setelah sekian waktu tertentu. Selain itu, molekul tersebut tidak bersifat racun terhadap manusia. Proses hambatan pematangan buah ini memiliki nilai komersial tinggi karena buah tersebut dapat ditransport dalam jangka waktu tertentu dan tidak membutuhkan suhu terlalu dingin. Biologi pun dalam perkembangannya memerlukan pemahaman kimia kombinatorial, tetapi ditekankan kepada kajian struktur biomolekul yang menyusun mahluk hidup.

Dalam bidang klinis dapat berupa manajemen data-data klinis dari pasien melalui Electrical Medical Record (EMR). Data yang disimpan meliputi data analisa diagnosa laboratorium, hasil konsultasi dan saran, foto rontgen, ukuran detak jantung, dll. Dengan data ini dokter akan bisa menentukan obat yang sesuai dengan kondisi pasien dan lebih jauh dengan dibacanya genom manusia, akan

memungkinkan untuk mengetahui penyakit genetik seseorang, sehingga penanganan pasien menjadi lebih akurat. Bioinformatika juga menyediakan alat yang sangat penting untuk identifikasi penyakit baru, diagnosa penyakit baru, pencangkokan organ-organ tubuh, bayi tabung, dan penemuan obat-obatan.

#### DAFTAR PUSTAKA

Aprijani, D.A dan M.A. Elfaizi. 2004. **Bioinformatika : Perkembangan, Disiplin Ilmu dan Penerapannya di Indonesia.**

<http://klikbelajar.com>. Sistem Saraf dan Hormon pada Mahluk Hidup.  
Dikunjungi tgl 29 Agustus 2011

<http://www.fp.unud.ac.id/biotek/wp-content/uploads/2009/02/metabolisme-dna.pdf>. Replikasi DNA. Dikunjungi tgl 5 September 2011

Feriyawati, L. Dr. 2005. Anatomi system saraf dan peranannya dalam regulasi kontraksi otot rangka. Fakultas Kedokteran Universitas Sumatra Utara

Hidayat, T. dan A. Pancoro. 2008. Kajian Filogenetika Molekuler dan Peranannya dalam Menyediakan Informasi Dasar untuk Meningkatkan Kualitas Sumber Genetik Anggrek. *Jurnal AgroBiogen* 4(1):35-40

Rahayu, T. 2007. Peranan teknologi informasi dalam bioinformatika. *Bina Widya* 18(2).

Witarto A.B., Dr. M.Eng. 2003. **Bioinformatika : Mengawinkan Teknologi Informasi dengan Bioteknologi.** Laboratorium Rekayasa Protein, Pusat penelitian Bioteknologi-LIPI.