



Dr. Ir. Sholeh Avivi, MSI. merupakan putra pertama pengasuh Pondok Pesantren Putri El-Aniesah Kaliwates Jember dari pasangan KH. A. Fauzan Shofwan dan Ibu

Nyai Hj. Lilik Maslihah. Lahir di Lamongan pada tanggal 21 Juli 1969. Pendidikan Madrasah di MIN PGAN 6Th Jember (1982), SMP A. Wahid Hasyim Tebuireng Jombang (1985) dan SMAN 1 Jember (1988). Pendidikan S1 (1993), S2 (1995) dan S3 (2000), di selesaikan dari Institut Pertanian Bogor. Menikah dengan Nurul Muanasah SAg., dan di karunia 4 orang anak. Bidang riset yang di tekuni adalah Pemuliaan Tanaman dengan memanfaatkan Bioteknologi Rekayasa Genetika. Penelitian Disertasi menghasilkan tanaman transgenik tembakau dan kacang tanah yang mengandung gen PStV. Sebagian penelitian Disertasi di kerjakan penulis di Queensland Agricultural Biotechnology Centre, Universty of Queensland, Australia pada tahun 1998. Penulis di terima mengabdikan di Program Studi Agronomi Fakultas pertanian Universitas Jember pada tahun 2000. Minat meneliti bidang Rekayasa Genetika lebih intens di lakukan saat bergabung di Center for Development of Advances Sciences and Technology (CDAST) UNEJ, meneliti tebu toleran genangan (Grant Kemenristek DIKTI 2014-2016) dan singkong toleran cekaman air (Grant Kemenristek DIKTI 2016-2018).

“Training on The Development and Implementation of Genome Editing in Plant” di selesaikan penulis pada tahun 2018 di Gyeongsang National University (GNU), Korea Selatan. Mulai tahun 2019 dengan memanfaatkan teknologi Genom Editing penulis meneliti tomat tinggi sucrose (Grant Penguatan Program IDB, 2019) bekerjasama dengan Prof. Jae-Yean Kim, GNU. Jabatan penulis di mulai dari menjadi ketua Center for Bisafety (C-Bios) tahun 2002-2005, ketua lab Genetika dan Pemuliaan tanaman pada tahun 2005-2006, di lanjutkan menjadi sekretaris PS Magister Agronomi tahun 2007-2008. Saat ini penulis di percaya memegang amanah menjadi Sekretaris Lembaga Pengembangan Pembelajaran dan Penjaminan Mutu (LP3M) UNEJ sejak tahun 2017. Buku “Membangun Negeri dengan Singkong (Building The Country With Cassava)” selesai tahun 2018. Buku “Bioteknologi-Rekayasa Genetika Tanaman” dan Buku “Pemuliaan Tanaman: Aplikasi dan Prospek” diselesaikan pada tahun 2019. Buku Teks “Wawasan Lingkungan dan Pertanian Industrial”, Buku Teks “Rekayasa Gen dan Bioinformatika”, Buku Monograf “Rekombinasi DNA Transformasi Gen Metode Agrobacterium dan Bombardment”, dan Buku Monograf “Genom Editing Analisa DNA & Protein” diselesaikan pada tahun 2020. Buku Teks Fisiologi Benih Tanaman Perkebunan, Buku Teks “Fisiologi & Metabolisme Benih” dan Buku Teks “Bioinformatika & Biostatistika Manfaatnya dalam Penelitian Bioteknologi” diselesaikan pada tahun 2021.

Anggota APPTI No. 002.115.1.05.2020

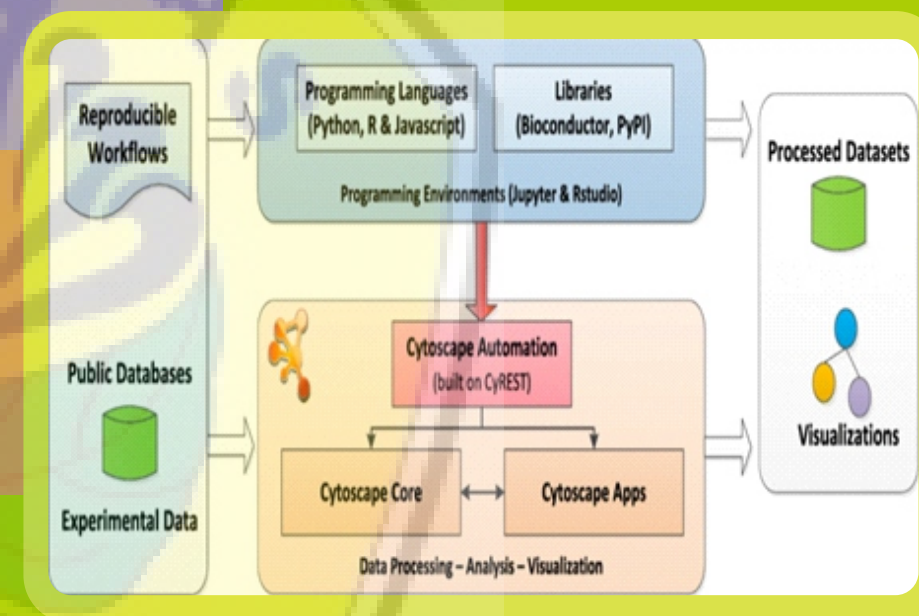
Anggota IKAPI No. 127/JTI/2018

Jember University Press
 Jl. Kalimantan 37 Jember 68121
 Telp. 0331-330224, psw. 0319
 E-mail: upt-penerbitan@unej.ac.id



BIOINFORMATIKA & BIOSTATISTIKA

Manfaatnya dalam Penelitian Bioteknologi



Cytoscape Automation Ecosystem (Otasek et al., 2019)

Penulis :
 Sholeh Avivi
 Didik Pudji Restanto
 Alfian Futuhul Hadi, dkk

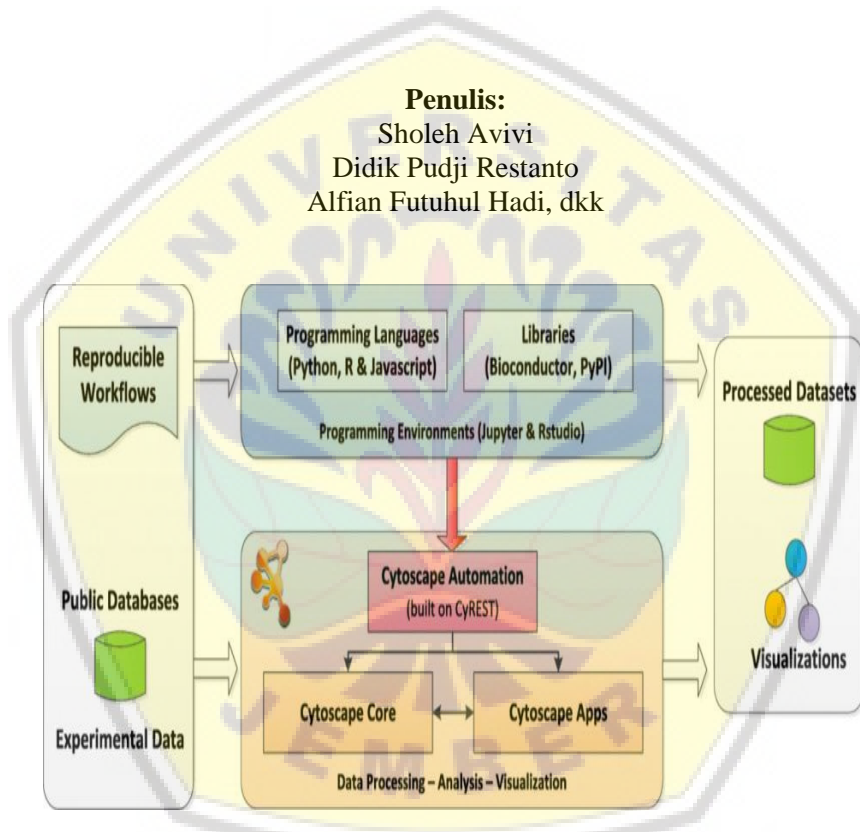


Membangun Generasi
 Menuju Insan Berprestasi

BUKU TEKS

BIOINFORMATIKA & BIOSTATISTIKA

Manfaatnya dalam Penelitian Bioteknologi



Cytoscape Automation Ecosystem (Otasek et al. 2019)

UPT PENERBITAN DAN PERCETAKAN
UNIVERSITAS JEMBER

2021

BIOINFORMATIKA & BIostatistika
Manfaatnya dalam Penelitian Bioteknologi

Penulis:

Sholeh Avivi
Didik Pudji Restanto
Alfian Futuhul Hadi
Muhammad Mufarrij Fuad Ulfi
Wulan Arum Hardiyani
Ika Wahyuni
Riska Ayu Febrianti
Faizah Yusky Zamzami
Lailly Nur Uswatul Hasanah
Nurul Istinaroh
Leny Yulia Widia Sari
Nufan Muwafiq Sukiran

Desain Sampul dan Tata Letak

Risky Fahriza, M. Arifin, M. Hosim

ISBN: 978-623-6039-25-0

Penerbit: UPT Percetakan & Penerbitan Universitas Jember

Redaksi:

Jl. Kalimantan 37, Jember 68121, Telp. 0331-330224, Voip. 00319
e-mail: upt-penerbitan@unej.ac.id

Distributor Tunggal:

UNEJ Press, Jl. Kalimantan 37, Jember 68121,
Telp. 0331-330224, Voip. 0319; *e-mail:* upt-penerbitan@unej.ac.id

Hak Cipta dilindungi Undang-Undang. Dilarang memperbanyak tanpa ijin tertulis dari penerbit, sebagian atau seluruhnya dalam bentuk apapun, baik cetak, *photoprint*, maupun *microfilm*.

PRAKATA

Alhamdulillah, segala puji penulis panjatkan ke hadirat Allah SWT, dengan perkenan, rahmat dan karunia-Nya buku ini dapat penulis selesaikan. Bagi penulis, buku “BIOINFORMATIKA & BIOSTATISTIKA, Manfaatnya dalam Penelitian Bioteknologi” ini merupakan suatu anugerah yang diperoleh melalui kerja keras dan disiplin. Penulisan buku ini tidak akan terwujud tanpa komitmen dan peran pihak-pihak yang terlibat didalamnya.

Bioteknologi merupakan bidang ilmu yang saat ini tengah mengalami perkembangan yang sangat pesat serta banyak diaplikasikan di berbagai bidang keilmuan lain seperti kedokteran, farmasi dan pertanian. Meskipun teknik dan metode yang digunakan dalam ilmu bioteknologi terus berkembang seiring dengan perkembangan teknologi yang juga semakin pesat, bukan berarti tidak memerlukan ilmu-ilmu lain yang dibutuhkan dalam prosesnya seperti ilmu Bioinformatika & Biostatistika.

Penulis menyampaikan terima kasih kepada semua pihak yang telah membantu penyusunan buku ini. Penulis juga menyampaikan terima kasih kepada sahabat-sahabat penulis atas doa dan dorongan semangat untuk kelancaran penyusunan buku ini.

Penulis menyadari bahwa penulisan hasil penelitian ini masih jauh dari kesempurnaan. Oleh karena itu, saran dan kritik yang membangun penulis harapkan untuk perbaikan dalam tulisan-tulisan selanjutnya. Semoga karya ini bermanfaat untuk civitas akademika secara umum.

Jember, 6 Januari 2020

Penulis

KATA PENGANTAR

Buku ini berisi materi-materi yang terkait ilmu biostatistika dan bioinformatika. Penulis menyajikan materi-materi yang sangat aplikatif sebagai bahan penunjang penelitian di bidang Bioteknologi. Sebagaimana telah diketahui bahwa dalam melakukan penelitian, ilmu statistika atau biostatistika adalah ilmu yang wajib dipahami. Materi yang terkait biostatistika yang disajikan dalam buku ini adalah topik-topik yang relevan dan sering digunakan dalam penelitian di Bidang Bioteknologi mulai dari topik dasar mengenai pentingnya standart eror dalam penelitian, bagaimana merancang plot yang sesuai dengan kaidah-kaidah statistika, serta bagaimana menggunakan metode analisis quantitative traits loci (QTL).

Selain ketiga materi tersebut, disajikan pula materi dengan topik metode morfometrik, materi penggunaan ImageJ yang sangat berguna untuk mengolah dan menyajikan morfologi spesimen maupun gambar-gambar hasil penelitian. Perkembangan bioinformatika hingga aplikasi beberapa tool-tool bioinformatika yang sangat relevan dengan penelitian di bidang bioteknologi seperti bagaimana analisis RAPD, bagaimana mengedit sekuen dan mengkonstruksi pohon filogenetik, serta bagaimana memprediksi target bahan aktif obat menggunakan NSP.

Berdasarkan ulasan singkat mengenai konten yang disajikan di dalam buku ini, menurut saya buku ini adalah buku yang sangat ideal dijadikan sebagai bahan bacaan juga sebagai acuan mahasiswa yang hendak melakukan penelitian di bidang Bioteknologi. Materi-materi yang disajikan dalam buku ini tidak hanya bersifat naratif sehingga tidak membosankan bagi pembacanya, tetapi juga sangat aplikatif dengan disertai step-step dalam penggunaannya.

Kendati demikian, buku ini juga tidak bisa dijadikan satu-satunya acuan. Pembaca juga perlu untuk mencari referensi lain untuk mendapatkan informasi lain yang kemungkinan tidak disajikan di dalam buku ini. Saya sangat mengapresiasi penulis yang terdiri dari Dosen beserta mahasiswa magister bioteknologi yang telah berjuang keras untuk menyusun buku yang sangat bagus ini. Semoga buku ini bisa bermanfaat bagi penulis dan pembaca.

Jember, Januari 2021

Dr. Ir. Sholeh Avivi, M.Si.

DAFTAR ISI

PRAKATA	iii
KATA PENGANTAR	iv
DAFTAR ISI	v
DAFTAR GAMBAR	xi
DAFTAR TABEL	xxii
BAB 1	1
PERKEMBANGAN BIOINFORMATIKA	1
Faizah Yusky Zamzami, Sholeh Avivi.....	1
1.1 Pendahuluan	1
1.2 Bioinformatika.....	2
1.3 Sejarah dan Perkembangan Bioinformatika.....	9
1.4 Database Bioinformatika	10
1.5 Tools Bioinformatika	12
1.6 Tujuan Bioinformatika	13
1.7 Penerapan Bioinformatika.....	14
1.8 Penutup	16
1.9 Daftar Pustaka	16
BAB 2	19
BIOSTATISTIKA DAN APLIKASINYA	19
Muhammad Mufarrij Fuad Ulfi, Sholeh Avivi.....	19

2.1	Pendahuluan	19
2.2	Pengenalan Statistika.....	20
2.3	Pengenalan Biostatistika.....	21
2.4	Jenis Statistika	22
2.5	Komponen dan Syarat-syarat statistika	23
2.6	Terapan Biostatistika.....	25
2.7	Penutup.....	34
2.8	Daftar Pustaka	34

BAB 3..... 37

STATISTIKA DAN PERANCANGAN PERCOBAAN BIOTEKNOLOGI..... 37

Alfian Futuhul Hadi.....	37
3.1 Statistika dan Penelitian Bioteknologi.....	37
3.2 Konsep Dasar Inferensia dalam Statistika.....	37
3.3 Memahami Statistika: Gambar Besar Statistika	41
3.4 Perlunya Perancangan Percobaan.....	43
3.5 Beberapa Istilah dalam Perancangan Percobaan	45
3.6 Prinsip Dasar Perancangan Percobaan	48
3.7 Error/Galat dan Kesimpulan Statistika	50
3.8 Tingkat Keyakinan Kesimpulan Statistika	55
3.9 Penutup.....	58
3.10 Daftar Pustaka	60

BAB 4..... 61

ESTIMASI ERROR DAN STANDARD ERROR PADA PENELITIAN 61

Wulan Arum Hardiyani, Alfian Futuhul Hadi, Sholeh Avivi.....	61
4.1 Pendahuluan	61

4.2	Estimasi Error dan Cara Mengontrol Error	62
4.3	Standar Error pada Penelitian.....	64
4.4	Menghitung Standar Error pada Beberapa Metode	69
4.5	Penutup.....	80
4.6	Daftar Pustaka	80
BAB 5.....		82
QUANTITATIVE TRAITS LOCI/ QTL.....		82
	Ika Wahyuni, Sholeh Avivi	82
5.1	Pendahuluan	82
5.2	Definisi Quantitative Traits Locus	82
5.3	Marker Assisted Selection (MAS).....	88
5.4	RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism)	92
5.5	RAPD atau (Randomly Amplified Polymorphic DNA).....	93
5.6	SCAR (Sequence Characterized Amplified Region) dan STS (Sequence Tagged Sites)	95
5.7	SSR (Mikrosatelit).....	95
5.8	AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphisms).....	103
5.9	SNP (Single Nucleotide Polymorphisms)	105
5.10	Peta Genetik	105
5.11	Penutup.....	110
5.12	Daftar Pustaka	111
BAB 6.....		113
MARKA MOLEKULER RAPD		113
(RANDOM AMPLIFIED POLYMORPHIC DNA).....		113
	Riska Ayu Febrianti, Sholeh Avivi, Didik Pudji Restanto	113
6.1	Pendahuluan	113
6.2	Definisi RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)...	113

6.3	Sejarah RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)....	115
6.4	Prinsip Analisis RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA).....	116
6.5	Tipe Marker.....	118
6.6	Penutup.....	133
6.7	Daftar Pustaka	134
BAB 7		138
EDIT SEKUEN DNA DAN KONSTRUKSI FILOGENETIK		138
	Lailly Nur Uswatul Hasanah, Sholeh Avivi	138
7.1	Pendahuluan	138
7.2	Edit sekuen DNA hasil sekuensing menggunakan software BioEdit.....	139
7.3	Mencari padanan sekuen di GeneBank melalui BLAST NCBI	152
7.4	Konstruksi pohon filogenetik menggunakan software MEGA	156
7.5	Interpretasi pohon filogenetik.....	163
7.6	Penutup.....	164
7.7	Daftar Pustaka	165
BAB 8.....		167
CYTOSCAPE APLIKASINYA DI BIDANG BIOMEDIS		167
	Nurul Istinaroh, Didik Pudji Restanto, Sholeh Avivi	167
8.1	Pendahuluan	167
8.2	Cytoscape	167
8.3	JavaScript	171
8.4	Fitur Inti Pada Cytoscape 3 (Manual Cytoscape 3.6.0).....	172
8.5	Interoperabilitas.....	173
8.6	Input Data pada Cytoscape.....	173

8.7	Kegunaan Cytoscape	173
8.8	Contoh Pemakaian Cytoscape pada penelitian	174
8.9	Tahapan Menggunakan Cytoscape (Modul Cytoscape pada Workshop Informatika 3 – 5 September 2020 oleh Wisnu Ananta Kusuma).....	175
8.10	Penutup	185
8.11	Daftar Pustaka	185

BAB 9 187

IMAGE J APLIKASI MIKROBIOLOGI..... 187

Leny Yulia Widia Sari, Sholeh Avivi, Didik Pudji Restanto	187	
9.1	Pendahuluan	187
9.2	Sejarah ImageJ	187
9.3	Image J	189
9.4	SciJava.....	190
9.5	Kegunaan.....	192
9.6	Reproduksibilitas.....	192
9.7	Kinerja ImageJ	193
9.8	Implementasi	194
9.9	Bagian ImageJ.....	194
9.10	Pengaplikasian Image J	197
9.11	Isi Folder Image J	203
9.12	Troublehooting	204
9.13	Penutup.....	205
9.14	Daftar Pustaka	205

BAB 10..... 207

MORFOMETRI KARAKTER MORFOLOGI..... 207

Nufan Muwafiq Sukiran, Sholeh Avivi, Didik Pudji Restanto.....	207	
10.1	Pendahuluan	207

10.2	Morfometri	209
10.3	Morfometri Tradisional	211
10.4	Morfometrik geometris berbasis landmark.....	212
10.5	Morfometrik geometris berbasis Procrustes	213
10.6	Diffeomorphometry	214
10.7	Analisis Outline	215
10.8	Analisis Data	215
10.9	Contoh Uji Morfometrik pada Ikan Keureling (Tor tambroides Bleeker 1854)	216
10.10	Contoh uji morfometri menggunakan aplikasi Image J.....	218
10.12	Penutup.....	230
10.13	Daftar Pustaka	230
DAFTAR ISTILAH/GLOSARIUM		234
Indeks.....		239
BIOGRAFI PENULIS 1		241
BIOGRAFI PENULIS 2.....		242
BIOGRAFI PENULIS 3.....		243
BIOGRAFI PENULIS 4.....		245
BIOGRAFI PENULIS 5.....		245
BIOGRAFI PENULIS 6.....		246
BIOGRAFI PENULIS 7.....		247
BIOGRAFI PENULIS 8.....		247
BIOGRAFI PENULIS 9.....		248
BIODATA PENULIS 10		248
BIOGRAFI PENULIS 11.....		249
BIOGRAFI PENULIS 12.....		250

DAFTAR GAMBAR

Gambar 1. 1	Interaksi disiplin ilmu dengan bioinformatika (Webster, Poyner and Cunliffe, 2002).....	2
Gambar 1. 2	Klasifikasi domain biologis (Larrañaga et al., 2006).....	3
Gambar 1. 3	Evolusi database GenBank (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/statistics/).	4
Gambar 1. 4	4 Mekanisme analisis dengan teknik Microarray (Moreau, 2002).....	7
Gambar 1. 5	Perkembangan Bioinformatika (Kanehisa and Bork, 2003)	10
Gambar 1. 6	Website GenBank Amerika Serikat-NCBI (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/).....	11
Gambar 1. 7	Website EMBL-EBI (https://www.ebi.ac.uk/services)....	12
Gambar 1. 8	Website dari DDBJ Center (https://www.ddbj.nig.ac.jp/index-e.html).....	12
Gambar 1. 9	Diagram alir identifikasi antigen potensial dengan menggunakan pendekatan bioinformatics (Cole, 2002) ..	14
Gambar 2. 1	Ilustrasi perbedaan statistika deskriptif dan statistika inferensial (https:// sciencestruck. com/ descriptive- vs-inferential-statistics).	22
Gambar 2. 2	Ilustrasi perbedaan data statistik kualitatif dan statistik kuantitatif (https:// medium. com/ @rndayala/ data- levels-of-measurement-4af33d9ab51a).	23
Gambar 2. 3	Ilustrasi perbedaan populasi dan sampel (https://medium.com/@jrendz/statistika-dasar-1aea1acc341e).....	25

Gambar 3. 1	Big Picture of Statistics	41
Gambar 3. 2	Simulator Sampling Acak dengan Pemulihan	51
Gambar 3. 3	Peluang Rataan Sample: Sample yang berpeluang paling besar untuk terpilih adalah sample yang memiliki nilai rata-rata ($\bar{x}=5.5$) yang paling dekat dengan rata-rata populasi yang sebenarnya ($\mu=5.6$).	52
Gambar 3. 4	Variasi antar Sample dan konstruksi Statistical Thinking: Sampling Variation dan Standard Error of The Mean.	52
Gambar 3. 5	Bentuk selang kepercayaan $1 - \alpha$ bagi μ	55
Gambar 3. 6	Trade off: Lebar Selang Kepercayaan vs Tingkat Keyakinan.....	57
Gambar 4. 1	Model pengacakan pada RAL.	63
Gambar 4. 2	Model pengacakan pada RAK.	63
Gambar 4. 3	Proses dari statistika inferensia) (Lee et al, 2015).	64
Gambar 4. 4	Penulisan rumus Excell (Sumber: Mic. Excel).	67
Gambar 4. 5	Syntax ketika macro diaktifkan untuk menghitung rata-rata dan standar error pada variabel HISEI.....	68
Gambar 4. 6	Hasil dari perhitungan atau output dari syntax Gambar 2.5 (OECD, 2003).....	69
Gambar 4. 7	Tabel statistik yang tersedia (OECD, 2003)	69
Gambar 4. 8	Hasil simulasi dengan $\mu = 0.2$, $\sigma = 1$ SE ($\hat{\mu}$) dan estimasi dari SE ($\hat{\mu}$) dari parametric dan nonparametric bootstrap.76	
Gambar 4. 9	Hasil simulasi dengan $\mu = 0.2$, $\sigma = 1$; SE ($\hat{\sigma}$) dan estimasi dari SE ($\hat{\sigma}$) dari parametric dan nonparametric bootstrap77	

Gambar 5. 1	Pemetaan Lokus Quantitative Trait Locus. (https://www.nature.com/scitable/topicpage/quantitative-trait-locus-qt-analysis-53904/).....	83
Gambar 5. 2	Klasifikasi Marker	88
Gambar 5. 3	Marker Berbasis DNA	91
Gambar 5. 4	Ilustrasi prosedur kerja metode Terminal RFLP (Grüntzig et al., 2002).	92
Gambar 5. 5	Tahapan dan pemotongan urutan DNA marka RFLP. (https://www.researchgate.net/figure/Restriction-fragment-length-poly-morphism-RFLP-procedure-1-Extract-DNA-from_fig1_337589428).....	93
Gambar 5. 6	Penanda molekular RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) (https://generasibiologi.com/2016/03/penanda-molekular-rapd.html).	94
Gambar 5. 7	Sekuen DNA Mikrosatelit (http://suyatnorindang.blogspot.com/2018/12/pengertian-dan-jenis-marka-penanda.html).	97
Gambar 5. 8	Workflow Genotyping Mikrosatelit (https://www.youtube.com/watch?v=r-8SXTHzJFU&t=58s&ab_channel=CDGenomics).....	97
Gambar 5. 9	Campuran Primer SSR untuk amplifikasi DNA (https://www.youtube.com/watch?v=r-8SXTHzJFU&t=58s&ab_channel=CDGenomics).	98
Gambar 5. 10	Kapiler pada (PCR Polymerase Chain Reaction) (https://www.youtube.com/watch?v=r-8SXTHzJFU&t=58s&ab_channel=CDGenomics).....	99
Gambar 5. 11	Kromosom Jagung (https://www.youtube.com/watch?v=dl0ITCBxNgE&ab_channel=GenomicsLab.).....	100

Gambar 5. 12	Isolasi Genomic DNA (https://www.youtube.com/watch?v=dl0ITCBxNgE&ab_channel=GenomicsLab).....	101
Gambar 5. 13	Hasil Gel-Plate setelah analisis dengan PCR (https://www.youtube.com/watch?v=dl0ITCBxNgE&ab_channel=GenomicsLab).	102
Gambar 5. 14	Linkage Maps Construction (https://www.youtube.com/watch?v=dl0ITCBxNgE&ab_channel=GenomicsLab)	103
Gambar 5. 15	. Prosedur Marker AFLP (http://suyatnorindang.blogspot.com/2018/12/pengertian-dan-jenis-marka-penanda.html).	104
Gambar 5. 16	Urutan pada DNA dalam Identifikasi Single Nucleotide Polymorphisms (http://suyatnorindang.blogspot.com/2018/12/pengertian-dan-jenis-marka-penanda.html)..	105
Gambar 5. 17	Skema Rekombinan Kromosom selama Proses Meiosis (Reflinur dan Puji Lestari, 2015).	106
Gambar 5. 18	Alur Pembentukan Populasi Mapping (Collard et al., 2005).	107
Gambar 6. 1	Metode analisis T-RFLP (Panigrahi et al., 2019).	120
Gambar 6. 2	Ilustrasi skematik analisis RAPD (Panigrahi et al., 2019)	123
Gambar 6. 3	Penggunaan fragmen RAPD polimorfik dan non polimorfik untuk pemindaian genom (Hadrys et al., 1992)	127
Gambar 6. 4	Contoh penentuan identitas taksonomi (Hadrys et al., 1992).....	128
Gambar 7. 1	Skema sekuen yang didapat setelah sekuensing DNA (Ilustrasi dibuat sendiri).....	139

Gambar 7. 2	Kromatogram hasil sekuensing (Screenshoot Software BioEdit).	140
Gambar 7. 3	Tampilan awal Bioedit (Screenshot Software BioEdit).	141
Gambar 7. 4	Kromatogram hasil sekuensing (Screenshoot dari Software BioEdit).	142
Gambar 7. 5	Proses menyalin sekuen (Screenshoot dari Software BioEdit dan Notepad).	143
Gambar 7. 6	Editing sekuen (Screenshoot dari Software BioEdit). ...	143
Gambar 7. 7	Pemindahan sekuen ke Notepad (Screenshoot dari Notepad).	144
Gambar 7. 8	Editing sekuen pada ujung akhir (Screenshoot dari Software BioEdit).	144
Gambar 7. 9	Pemindahan sekuen ke Notepad (Screenshoot dari Notepad).	145
Gambar 7. 10	Editing sekuen reverse (Screenshoot dari BioEdit)	145
Gambar 7. 11	Editing sekuen reverse (Screenshoot dari BioEdit)	146
Gambar 7. 12	Pemindahan sekuen ke Notepad (Screenshoot dari Notepad).	147
Gambar 7. 13	Editing sekuen reverse (Screenshoot dari BioEdit)	147
Gambar 7. 14	Sekuen forward dan reverse yang telah diedit (Screenshoot dari Notepad).	148
Gambar 7. 15	Proses aligment sekuen forward dan reverse (Screenshoot dari BioEdit).	149
Gambar 7. 16	Proses import sekuen dari Notepad untuk aligment sekuen forward dan reverse (Screenshoot dari BioEdit).....	149

Gambar 7. 17	Proses alignment sekuen forward dan reverse (Screenshoot dari BioEdit).	150
Gambar 7. 18	Proses alignment sekuen forward dan reverse menggunakan Align two sequences GLOBAL alignment (Screenshoot dari BioEdit).	150
Gambar 7. 19	Hasil alignment dan tampilan skor hasil alignment (Screenshoot dari BioEdit).	151
Gambar 7. 20	Proses pembuatan sekuen konsensus (Screenshoot dari BioEdit)	151
Gambar 7. 21	Tampilan hasil membuat sekuen konsensus dan disalin ke Notepad (Screenshoot dari Bioedit dan Notepad)	152
Gambar 7. 22	Tampilan tool BLAST pada web NCBI (Screenshoot dari website NCBI (http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi)	153
Gambar 7. 23	Memulai proses BLAST sekuen konsensus (Screenshoot dari website NCBI (http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi).....	154
Gambar 7. 24	Hasil BLAST sekuen konsensus (Screenshoot dari website NCBI (http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi).....	154
Gambar 7. 25	Graphic Summary sekuen konsensus dengan sekuen yang ada di NCBI (Screenshoot dari website NCBI (http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi).	155
Gambar 7. 26	Hasil pengunduhan sekuen yang telah di alignment dengan sekuen konsensus (Screenshoot dari Notepad).	155
Gambar 7. 27	Jenis-jenis alignment di Software MEGA X (Screenshoot dari Software MEGA X).....	156
Gambar 7. 28	Jenis-jenis test untuk pembuatan pohon filogenetik (Screenshoot dari Software MEGA X).....	157

Gambar 7. 29	Tampilan awal Software MEGA X (Screenshot dari Software MEGA X).....	159
Gambar 7. 30	Memulai alignment sekuen yang telah disimpan di Notepad sebelumnya (Screenshot dari Software MEGA X).....	159
Gambar 7. 31	Tampilan semua sekuen yang telah disimpan sebelumnya di Notepad sebelum dilakukan alignment (Screenshot dari Software MEGA X).....	160
Gambar 7. 32	Alignment menggunakan metode Clustal W (Screenshot dari Software MEGA X).....	160
Gambar 7. 33	Running proses alignment (Screenshot dari Software MEGA X).....	160
Gambar 7. 34	Hasil alignment (Screenshot dari Software MEGA X).	161
Gambar 7. 35	Proses penyimpanan hasil alignment dalam format .mas (Screenshot dari Software MEGA X).....	161
Gambar 7. 36	Proses untuk memulai mengkonstruksi pohon filogenetik (Screenshot dari Software MEGA X).....	162
Gambar 7. 37	Running analisis konstruksi menggunakan tes Neighbour Joining dan Metode Bootstrap 1000 (Screenshot dari Software MEGA X).....	162
Gambar 7. 38	Pohon filogenetik yang berhasil dikonstruksi dengan tes NJ dan Metode Bootstrap 1000 (Screenshot dari Software MEGA X).	163
Gambar 7. 39	Pohon filogenetik atau dendogram (Chenna et al., 2003)	164
Gambar 8. 1	Overview dari Cytoscape automation ecosystem (Otasek et al. 2019).....	168

Gambar 8. 2	Visualisasi ilustrasi jaringan yang dapat dibuat dengan Cytoscape (Cytoscape.org 2018).....	168
Gambar 8. 3	Cytoscape memvisualisasi jaringan biologi dengan node dan edge (Cytoscape.org 2018).	169
Gambar 8. 4	Cytoscape 3.5 desktop (Cytoscape.org 2018).....	171
Gambar 8. 5	Java jre 8 (Print screen dari www.oracle.com).....	175
Gambar 8. 6	Instalasi Java 8 (Print screen dari www.oracle.com).....	175
Gambar 8. 7	Cytoscape versi 3.4.0 sudah terinstal (Print screen dari aplikasi Cytoscape 3.4.0).....	176
Gambar 8. 8	Cara membuka aplikasi Cytoscape (Print screen dari aplikasi Cytoscape 3.4.0).....	176
Gambar 8. 9	Membuka Apps pada Cytoscape (Print screen dari aplikasi Cytoscape 3.4.0).	177
Gambar 8.10	Instalasi WordClud dan Network Analyzer (Print screen dari aplikasi Cytoscape 3.4.0).....	177
Gambar 8.11	Mengimpor file Excel (Print screen dari aplikasi Cytoscape 3.4.0).	178
Gambar 8.12	Memberi label pada node P1 (Print screen dari aplikasi Cytoscape 3.4.0).	179
Gambar 8.13	Memberi label pada node P2.	180
Gambar 8.14	Network interaksi antar protein dengan penyakit DM (Print screen dari aplikasi Cytoscape 3.4.0).	180
Gambar 8.15	Visualisasi PPI_DM.	181
Gambar 8.16	Memberi nama filter (Print screen dari aplikasi Cytoscape 3.4.0).....	181

Gambar 8.17	Menganti warna nod (Print screen dari aplikasi Cytoscape 3.4.0).....	182
Gambar 8.18	Hasil pewarnaan protein yang berasosiasi langsung dengan penyakit DM (Print screen dari aplikasi Cytoscape 3.4.0).	183
Gambar 8.19	Pencarian protein signifikan (Print screen dari aplikasi Cytoscape 3.4.0).	183
Gambar 8.20	Tabel protein signifikan (Print screen dari aplikasi Cytoscape 3.4.0).	184
Gambar 8.21	Table panel (Print screen dari aplikasi Cytoscape 3.4.0).	184
Gambar 8.22	Hasil pengurutan atribut (Print screen dari aplikasi Cytoscape 3.4.0).	185
Gambar 9. 1	Tool Bar Aplikasi Image J (Reinking, 2007).....	195
Gambar 9. 2	Instal aplikasi Image J dan java pada komputer	197
Gambar 9. 3	Menu yang tampak pada program Image J.....	198
Gambar 9. 4	Menu open pada Image J.....	198
Gambar 9. 5	Menu file file folder pada Image J.....	199
Gambar 9. 6	Tampilan saat gambar sudah dipilih pada ImageJ.....	199
Gambar 9. 7	Tampilan menentukan jarak antar titik pada Image J....	200
Gambar 9. 8	Tampilan menu set scale pad Image J.	200
Gambar 9. 9	Tampilan kolom baru pada Image J.....	201
Gambar 9. 10	Tampilan Untuk mengukur diameter pada zona hambatan pada Image J.	201

Gambar 9. 11	Memunculkan ukuran diameter pad Image J.....	202
Gambar 9. 12	Hasil pengukuran diameter pada Image J.....	202
Gambar 9. 13	Tampilan saat menyimpan file pada Image J.....	203
Gambar 9. 14	Tampilan saat file dibuka pada Image J.	203
Gambar 10. 1	Pengukuran morfometrik tradisional dari bentuk tubuh luar teleost, diadaptasi dari skema (Lagler et al., 1962).	210
Gambar 10. 2	Karakter traditional morphometric (Mayasari & Said, 2012).....	211
Gambar 10. 3	Pengukuran standart pada burung (Villela, 2013).	212
Gambar 10. 4	Pengukuran karakter morfometrik ikan keureling meliputi panjang dasar sirip anal (ABL), tinggi badan (BD), lebar badan (BW), tinggi pangkal ekor (CPD), panjang pangkal ekor (CPL), panjang dasar sirip dorsal (DBL), tinggi sirip dorsal (DFH), diameter mata (ED), tinggi kepala (HD), panjang kepala (HL), lebar kepala (HW), jarak antar mata (IW), panjang sirip ekor bagian bawah (LCLL), panjang sirip ekor bagian tengah (LMCL), panjang sirip ekor bagian atas (LUCL), panjang sungut rahang atas (MXBL), panjang sebelum sirip anal (PAL), panjang sirip dada (PCL), panjang sebelum sirip dorsal (PDL), panjang sebelum sirip perut (PPL), panjang sirip perut (PVL), panjang standar (SL), panjang sungut moncong (SNBL), panjang moncong (SNL), panjang total (TL) ((Akmal et al., 2018).....	216
Gambar 10. 5	Foto tegak lurus kaki katak.....	220
Gambar 10. 6	Tampilan foto dengan software ImageJ.....	220
Gambar 10. 7	Tampilan merubah foto dengan ImageJ	221

Gambar 10. 8	Tampilan setelah ukuran file berubah pada ImageJ.....	221
Gambar 10. 9	Tampilan menentukan skala pada ImageJ.	222
Gambar 10. 10	Tampilan set scale dialog box.....	222
Gambar 10. 11	Tampilan results dialog box.....	223
Gambar 10. 12	Tampilan setelah pengukuran ImageJ	223
Gambar 10. 13	Lokasi delapan titik yang ditentukan pada garis luar tubuh ikan untuk memperoleh data truss morfometrik. Titik-titik landmark mengacu pada (1) ujung mulut, (2) dahi, (3) pangkal sirip punggung, (4) pangkal sirip perut, (5) ujung sirip punggung, (6) ujung sirip anal, (7) pangkal atas sirip ekor, (8) pangkal bawah sirip ekor (Suharyanto, 2018).	225
Gambar 10.14	Pola persebaran karakter antar strain (A. Jantan, dan B. Betina)	229
Gambar 10.15	Dendrogram kesamaan morfometrik antar strain	230

DAFTAR TABEL

Tabel 3. 1	Daftar seluruh kemungkinan sample yang dapat terpilih.....	51
Tabel 4. 1	The predicted Value of the Probability That $y=1$ for a 50-Year-Old Woman (Dowd et al., 2014).....	73
Tabel 4. 2	The Partial Effect of Age on the Expected Value of the Probability That $y=1$ for a 50-Year-Old Woman (Dowd et al., 2014).....	73
Tabel 4. 3	The predicted Value of the Probability That $y=1$ Average over the Sample (Dowd et al., 2014).	73
Tabel 4. 4	The Partial Effect of Age on the Expected Value of the Probability That $y=1$ Average over the Sample (Dowd et al., 2014).....	73
Tabel 4. 5	Hasil Simulasi dengan $\mu = 0.2, \sigma = 1$	76
Tabel 4. 6	Rata-rata produktivitas dari Pekerja.....	78
Tabel 4. 7	Persentil produktivitas dari 1926 pengamatan tahun 2015 ...	78
Tabel 4. 8	Persentase Produktivitas tinggi dari Pekerja.....	78
Tabel 4. 9	Hasil dari estimasi SE dengan metode PB dan NPB	79
Tabel 5. 1	Peta genetik dan posisi fisik beberapa QTL yang berhubungan sifat toleransi keracunan AI (Tsutsui et al., 2012).	109
Tabel 8. 1	Contoh data pada file Excel.	178
Tabel 9. 1	Daftar Varian NIH Image dan ImageJ (Schneider et al., 2012).	190
Tabel 9. 2	Integrasi software ImageJ (Rueden et al., 2017).....	191

Tabel 10. 1	Nilai Karakter Morfometrik Ikan Keureling (Akmal et al., 2018).....	218
Tabel 10. 2	Skema persimpangan untuk jalur induk utama dari Jambi, Kalimantan Selatan dan Jawa Barat (Tasikmalaya) (Suharyanto, 2018).....	224
Tabel 10. 3	Deskripsi 16 karakter truss morfometrik yang diukur (Suharyanto, 2018).....	226
Tabel 10. 4	Keragaman ukuran panjang standar, simpangan baku dan koefisienkeragaman ikan gurami galur murni dan hasil persilangan.....	226
Tabel 10. 5	Pola keragaman tiap karakter morfometrik.....	227
Tabel 10. 6	Uji signifikansi pada 16 karakter morfometrik ikan gurami jantan strain galur murni dan strain hasil persilangan (Suharyanto, 2018).....	228
Tabel 10. 7	Uji signifikansi pada 16 karakter morfometrik ikan gurami betina strain galur murni dan strain hasil persilangan (Suharyanto, 2018).....	228
Tabel 10. 8	Uji signifikansi pada 16 karakter morfometrik ikan gurami tanpa membedakan kelamin strain galur murni persilangan (Suharyanto, 2018).....	229



BAB 1

PERKEMBANGAN BIOINFORMATIKA

Faizah Yusky Zamzami, Sholeh Avivi

1.1 Pendahuluan

Ilmu biologi molekuler mengalami perkembangan yang pesat seiring penemuan struktur DNA dan menjadi penyokong utama dalam bidang klinis dan pertanian. Hasil data eksperimen biologi molekuler diperlukan analisis untuk mendapatkan informasi yang berguna. Oleh sebab itu, dikembangkan ilmu bioinformatika untuk memenuhi kebutuhan tersebut.

Bioinformatika merupakan gabungan ilmu dengan pendekatan biologi molekuler, matematika, dan teknik informasi. Pertama kali, bioinformatika dikembangkan oleh Paulin Hogeweg pada tahun 1970an. Pemanfaatan bioinformatika yaitu untuk memecahkan masalah data biologi molekuler dengan metode statistika dan matematika. Pada mulanya, perkembangan bioinformatika menitikberatkan pada informasi sekuen DNA dan kemudian mengalami perkembangan yang pesat (Syahputra, 2015).

Pertumbuhan database observasi biologi, dibuktikan dengan adanya database DNA GenBank. Database tersebut merupakan *molecular biology* database *National Center for Biotechnology Information* yang pengoperasiannya dikendalikan oleh AS. Selain itu, terdapat pula GenBank EBI (*European Bioinformatics Institute*) di Inggris dan *Database Databank of Japan (DDBJ)* di Jepang. GenBank tersebut akan berkolaborasi secara internasional untuk menukar data informasi genetik, DNA, RNA, dan protein secara ekstensif.

BAB 2.

BIOSTATISTIKA DAN APLIKASINYA

Muhammad Mufarrij Fuad Ulfi, Sholeh Avivi

2.1 Pendahuluan

Inovasi adalah produk yang dihasilkan langsung dari gaya tertentu dalam penelitian, sesuatu yang baru. Konflik mendasar antara statistik deskriptif dan inferensial, pengujian hipotesis deduktif dan induktif, serta desain penelitian konfirmatori eksplorasi dan struktural eksplorasi terus berlanjut tanpa batasan. Peringatan dari akademisi dan kepentingan pendanaan penelitian telah gagal untuk mempengaruhi jalannya konflik ini secara efektif. Kita dapat mengambil keuntungan dari sejarah dan dasar konflik ini untuk membuat rekomendasi spesifik untuk tujuan administratif dan proses tinjauan model dalam pengambilan keputusan terkait pendanaan penelitian (Kern, 2013).

Terlepas dari konflik yang muncul oleh data yang tidak terolah dengan baik, statistika menjadi penting dalam aplikasi kehidupan nyata misalnya dalam pengembangan metode deteksi. Diperkirakan metode ini dapat mendeteksi kebenaran dengan probabilitas 88% dengan baik. Meskipun metode deteksi kebohongan tidak dapat diterima dalam mengadili kesalahan dalam kasus pidana, teknologi ini dapat digunakan untuk memberikan informasi tambahan penting bagi mereka yang mencoba menyelesaikan perselisihan secara adil (Shuster, 2018). Penerapannya dapat berguna dalam hal:

1. Membantu Departemen Sumber Daya Manusia menyelesaikan keluhan laporan kriminal;
2. Menyaring informan penjara dalam prosedur pidana; dan
3. Menilai dengan suara penuh, putusan bersalah dalam kasus kriminal besar yang membutuhkan waktu yang sangat lama untuk diselesaikan oleh juri.

Ketiga aplikasi ini harus dilihat sebagai contoh kolaborasi di antara mereka yang terlibat dalam adjudikasi penting, ahli dalam deteksi akurasi, dan ahli statistik dan biostatistik terapan.

BAB 3

STATISTIKA DAN PERANCANGAN PERCOBAAN BIOTEKNOLOGI

Alfian Futuhul Hadi

3.1 Statistika dan Penelitian Bioteknologi

Ben Hui Liu, seorang ahli genetika menulis sebuah buku legendaris berjudul *Statistical Genomics*. Dalam bab tentang *Statistics in Genomics*, Liu (1998) mengawali dengan menjelaskan dua aspek utama minat statistika dalam konstruksi peta genom, yaitu variasi pengambilan sampel (*sampling variation*) dan kesalahan atau galat eksperimental (*experimental error*). Variasi pengambilan sampel dikaitkan dengan komposisi populasi pemetaan, sedangkan kesalahan eksperimental dikaitkan dengan prosedur laboratorium. Aspek pertama menunjukkan bahwa usaha pemetaan genom sangat tergantung komposisi populasi yang menentukan *sampling variation*, *sampling variation* ini menjadi aspek terpenting dalam statistika. Bagian lain dalam bab ini akan menjelaskan bagaimana *sampling variation* menjadi bagian penting dari statistika dan penarikan kesimpulan.

Aspek kedua tentang *experimental error* dikaitkan dengan desain percobaan baik secara teknis di laboratorium maupun desain perbandingan secara statistika. Secara tidak langsung Liu telah menegaskan bahwa keterlibatan statistika dalam penelitian genomic adalah pada desain percobaan dan penarikan kesimpulan. Statistika menyediakan sarana untuk menganalisis data dan menarik kesimpulan genetik. Yang terpenting menurut Liu, Statistika menyediakan cara untuk mengevaluasi kualitas data eksperimen serta cara untuk mengkuantifikasi kepercayaan dalam kesimpulan genetik.

3.2 Konsep Dasar Inferensia dalam Statistika¹

Aspek statistika pertama dalam penelitian genomic, yaitu variasi pengambilan sampel (*sampling variation*) seperti disebutkan bagian

¹ Hadi, A.F. 2020. Tentang Survey Sampling & Quick Count. "Saung Belajar" Keluarga Mahasiswa Nahdlatul Ulama, IPB, Bogor (<https://saungbelajar.id/>).

BAB 4

ESTIMASI ERROR DAN STANDARD ERROR PADA PENELITIAN

Wulan Arum Hardiyani, Alfian Futuhul Hadi, Sholeh Avivi

4.1 Pendahuluan

Sebuah penelitian dapat menggunakan banyak metode, baik secara kuantitatif dan kualitatif. Penelitian dengan metode kualitatif dapat berupa pengumpulan data pada satu *background* ilmiah dengan merepresantisakan fenomena yang terjadi, cara mengambil data menggunakan *purposive dan snowball*. Penelitian secara kualitatif bersifat objektif dan hasil penelitiannya tidak melalui prosedur statistik (Anggito dan Setiawan, 2018). Penelitian dengan metode kuantitatif merupakan suatu kegiatan mengumpulkan, mengolah, dan menganalisa, serta menyajikan data berdasarkan jumlah atau banyaknya data yang dilakukan juga secara objektif untuk mengatasi suatu masalah. Hasil dari penelitian kuantitatif biasanya melalui prosedur statistik (Duli, 2019). Analisis data pada metode penelitian kuantitatif umumnya dapat menggunakan Microsoft excel atau menggunakan perangkat lunak SPSS (*Statistical Package for the Social Sciences*), kedua program komputer ini dapat memudahkan peneliti untuk mengolah data mentah hingga menjadi data yang siap dipergunakan dan mudah untuk dipahami.

Prosedur statistik pada penelitian kuantitatif dapat meliputi pembuatan desain penelitian, pengolahan data, dan analisis data. Pembuatan desain penelitian bertujuan untuk mempermudah peneliti dalam mengamati objek penelitiannya dan memudahkan peneliti untuk mempertimbangkan faktor-faktor yang dapat mempengaruhi penelitiannya, baik faktor biotik dan abiotik sehingga peneliti dapat mengestimasi error pada penelitiannya. Disamping pembuatan desain penelitian, studi teoritis/literatur juga harus dilakukan untuk mendukung konsep dan tujuan penelitian. Studi literatur ini dapat mengantarkan peneliti untuk membentuk hipotesis. Menurut Gomez (1984), setelah membentuk hipotesis, kegiatan yang selanjutnya dilakukan yaitu memverifikasi desain prosedur penelitian yang umumnya terdiri dari empat fase:

BAB 5.

QUANTITATIVE TRAITS LOCI/ QTL

Ika Wahyuni, Sholeh Avivi

5.1 Pendahuluan

Biostatistik merupakan hal yang sangat dibutuhkan di berbagai banyak bidang. Biostatistik sangat berperan dalam penggunaan data yang dapat memudahkan kita dalam mengolah angka maupun data lainnya. Penggunaan platform-platform serta metode dengan beberapa teknologi terbaru sekarang telah banyak digunakan bagi para peneliti dan hal tersebut memberikan dampak positif bagi berkembangnya dunia *Science* salah satunya biologi molekuler. Terdapat beberapa permasalahan pada tanaman, yaitu cara agar mendapatkan klon-klon yang unggul dan terbaru serta lamanya waktu yang kita butuhkan dalam tahap seleksi tanaman tersebut.

Solusi dari permasalahan tersebut adalah dengan memahami kembali tentang perkembangan di bidang Biologi Molekuler yaitu *Marker Assisted Selection* (MAS). Dalam prosesnya untuk mendapatkan MAS yang akurat maka dibutuhkan informasi tentang ketersediaan peta genetik. Pendekatan molekuler seperti pemetaan lokus sifat kuantitatif dapat diandalkan dalam rangka peningkatan hasil dan stabilitas pada tanaman. Jika kita ingin mengidentifikasi lokus yang berhubungan dengan karakter kuantitatif atau *Quantitative Trait Loci* (QTL), maka dapat dilakukan jika telah memperoleh peta tautan genetiknya. Peta tautan ini dapat mencerminkan bagaimana kondisi genom yang terdapat pada tanaman yang akan kita analisis. Teknologi tentang *Quantitative Traits Loci* (QTL) perlu dikembangkan guna dapat memecahkan permasalahan terkait penentuan sifat kuantitatif pada suatu organisme.

5.2 Definisi Quantitative Traits Locus

Lokus sifat kuantitatif atau dapat kita sebut sebagai QTL merupakan singkatan dari bahasa Inggrisnya yaitu *Quantitative Traits Locus*. Dalam penentuannya, QTL dapat dilakukan pengukuran antara variasi genotipe dan fenotipe. Variasi genotipe yang dipaparkan yaitu diukur pada penanda peta genetik yang kita digunakan. Sifat kuantitatif

BAB 6.

MARKA MOLEKULER RAPD (RANDOM AMPLIFIED POLYMORPHIC DNA)

Riska Ayu Febrianti, Sholeh Avivi, Didik Pudji Restanto

6.1 Pendahuluan

Secara konvensional, identifikasi dan karakterisasi tumbuhan obat sebagian besar didasarkan pada analisis morfologi, anatomis dan kimiawi tetapi dapat dipengaruhi oleh masalah lingkungan. Upaya lebih lanjut diperlukan untuk menciptakan kerangka genetik dan hubungan varietas termasuk varietas liarnya. Di antara berbagai penanda molekuler yang digunakan untuk menilai variabilitas genetik pada tanaman yaitu penanda/marker molekuler berbasis PCR seperti RAPD dan ISSR merupakan yang paling umum karena metode ini tidak memerlukan informasi urutan sebelumnya. Marker/penanda merupakan setiap sifat genetik yang dapat diidentifikasi dengan keyakinan dan kasus relatif serta dapat diikuti dalam pemetaan populasi yang disebut sebagai penanda genetik. Penanda genetik adalah lokasi spesifik pada kromosom yang didefinisikan oleh polimorfisme mata telanjang sebagai perbedaan mobilitas elektroforesis protein tertentu atau sebagai perbedaan urutan DNA tertentu. Suatu penanda harus bersifat polimorfik sehingga harus ada dalam bentuk yang berbeda-beda sehingga kromosom pembawa gen mutan dapat dibedakan dari kromosom dengan gen normal melalui penanda. Ada tiga jenis penanda yaitu penanda morfologis, penanda biokimia, dan penanda molekuler (Kasture et al., 2016).

6.2 Definisi RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)

Amplifikasi acak DNA polimorfik/ *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) adalah teknik berbasis PCR yang menggunakan primer acak yang mengikat ke situs nonspesifik pada DNA dan memperkuat DNA. RAPD juga didefinisikan oleh perbedaan antara individu dalam hal daerah DNA baik yang sedang diamplifikasi atau tidak diamplifikasi dalam reaksi berantai polimerase yang dipancing oleh urutan oligonukleotida acak. Fragmen yang diperkuat ini kemudian bermigrasi pada gel agarosa dan perbedaan pola pita diamati. Ini adalah teknik yang relatif sederhana dan lebih murah digunakan untuk studi keanekaragaman. RAPD telah berhasil digunakan untuk identifikasi *Escherichia coli* yang

BAB 7

EDIT SEKUEN DNA DAN KONSTRUKSI FILOGENETIK

Lailiy Nur Uswatul Hasanah, Sholeh Avivi

7.1 Pendahuluan

Analisis sekuen adalah istilah yang secara komprehensif mewakili analisis komputasi urutan DNA, RNA atau peptida, untuk mengekstrak pengetahuan tentang sifat, fungsi biologis, struktur dan evolusinya. Untuk melakukan analisis sekuens secara efisien, pertama-tama penting untuk memahami sumber datanya, yaitu, metode eksperimental berbeda yang digunakan untuk menentukan sekuens biologis. Kemudian perlu mengikuti strategi analitis, tergantung pada apakah sekuen genomik, transkriptomik atau proteomic (Prjibelski et al., 2018).

Database yang saat ini menyimpan data yang sangat besar pada biomolekul ini perlu diperiksa terlebih dahulu untuk mengetahui adanya urutan serupa, yang mungkin mengarahkan pengujian eksperimental untuk menyelidiki fungsional. Alat perangkat lunak dan layanan web sering digunakan untuk melakukan analisis bioinformatika. Setelah analisis sekuen DNA dan RNA penting untuk memahami bagaimana mereka dihubungkan oleh protein ke pemetaan genom. Molekul organik kecil atau metabolit yang penting bagi organisme untuk hidup dan tumbuh juga perlu dipelajari dalam konteks interaksinya dengan gen dan protein, melalui jalur metabolisme. Untuk menganalisis sekuen DNA perlu menggunakan beberapa tool atau software seperti software BioEdit, BLAST NCBI hingga software MEGA untuk konstruksi pohon filogenetik (Prjibelski et al., 2018).

BioEdit saat ini mendukung pengeditan simultan hingga 50 dokumen. Formulir kontrol utama berisi menu untuk membuka dokumen, membuat dokumen baru, mengatur opsi global seperti tabel warna, tabel kodon, dan preferensi analisis, dan pengelola jendela. Awalnya, setiap dokumen memiliki set menu lengkapnya sendiri untuk semua manipulasi yang terbatas pada dokumen itu, namun, ini telah ditinggalkan untuk beberapa antarmuka dokumen yang lebih tradisional. BioEdit tidak menggunakan memori fisik yang berlebihan (kecuali penyesuaian besar sedang diedit), tetapi tampaknya sedikit memakan sumber daya. BioEdit memiliki batas

BAB 8.

CYTOSCAPE APLIKASINYA DI BIDANG BIOMEDIS

Nurul Istinaroh, Didik Pudji Restanto, Sholeh Avivi

8.1 Pendahuluan

Shannon et al. (2003) menyatakan bahwa model jaringan biologis dengan menggunakan bantuan komputer merupakan landasan yang penting untuk mempelajari sistem biologi. Berbagai permodelan telah dikembangkan untuk mensimulasikan reaksi biokimia dan kinetika transkripsi gen, fisiologi seluler, dan kontrol metabolic. Model tersebut menjanjikan untuk mengubah penelitian biologi dengan menyediakan kerangka kerja untuk:

Secara sistematis menginterogasi dan secara eksperimental memverifikasi pengetahuan tentang suatu jalur.

Mengelola ratusan atau kemungkinan ribuan komponen dan interaksi seluler.

Mengungkapkan sifat-sifat yang muncul dan konsekuensi tak terduga dari konfigurasi jalur yang berbeda.

Bioinformatika dan biologi komputasi akhir-akhir ini sering digunakan peneliti untuk menafsirkan informasi biologi dan analisis, salah satunya adalah cytoscape. Cytoscape adalah salah satu alat analisis dan visualisasi biologi jaringan yang paling sukses, karena sifatnya yang interaktif dan perannya dalam menciptakan workflow yang dapat direproduksi, diskalakan dan dapat dibatasi (Otasek et al. 2019).

8.2 Cytoscape

Cytoscape adalah open source software yang digunakan untuk menganalisis dan memvisualisasikan jaringan biologis. Selain mengimpor jaringan dari berbagai sumber, Cytoscape memungkinkan pengguna untuk mengimpor data node tabel dan memvisualisasikannya ke jaringan.

Cytoscape adalah *open source software platform* untuk memvisualisasi jaringan interaksi molekuler dan jalur biologis dan mengintegrasikan jaringan inidengan anotasi, profil ekspresi gen, dan data lainnya. Meskipun cytoscape pada awalnya dirancang untuk penelitian biologi, sekarang cytoscape adalah platform umum untuk analisis dan visualisasi jaringan yang kompleks. Distribusi inti cytoscape menyediakan sekumpulan fitur

BAB 9

IMAGE J APLIKASI MIKROBIOLOGI

Leny Yulia Widia Sari, Sholeh Avivi, Didik Pudji Restanto

9.1 Pendahuluan

ImageJ merupakan software open source suatu program analisis gambar yang memiliki kemampuan tinggi dikembangkan oleh *National Institutes of Health* pada tahun 1997 untuk analisis gambar biomedis (Della Mea et al., 2017; Rueden et al., 2017). ImageJ adalah aplikasi diciptakan dengan berbagai sistem operasi terbuka dan memudahkan untuk plugin dan memperluas fungsionalitas untuk software (Reinking, 2007). Software ini dapat menampilkan pixel value yang dibutuhkan membuat analisa hasil pemindaian film yang dilakukan (Ari Surya Miharja, 2014). ImageJ dikembangkan berfungsi sebagai editor dan compiler Java yang dapat memproses dan menganalisis data set besar gambar dalam bidang ilmu kesehatan. Merupakan aplikasi online atau aplikasi dapat pula diunduh untuk penggunaan offline pada komputer, Aplikasi ini dapat digunakan di mana saja serta dapat digunakan pada komputer dengan virtual Java 1.5 atau yang lebih baru. ImageJ menjadi platform yang dapat dikhususkan untuk penggunaan dalam pemrosesan gambar dan area analisis tertentu (Della Mea et al., 2017).

Aplikasi ImageJ ini dapat diunduh pada type komputer Windows, Mac OS X dan Linux. Program Image J dapat menampilkan, mengedit, menganalisis, memproses, menyimpan dan mencetak 8-bit, Gambar 16-bit dan 32-bit. Selain itu aplikasi Imagej juga dapat membaca banyak format gambar termasuk TIFF, GIF, JPEG, BMP, DICOM, FITS dan 'raw'(Ferreira & Rasband, 2012).

9.2 Sejarah ImageJ

ImageJ adalah platform yang direferensikan untuk pemrosesan gambar, dikembangkan oleh *National Institutes of Health* (NIH). Menurut sejarah, pendahulu ImageJ, NIH Image, dikembangkan oleh Wayne Rasband pada tahun 1987 (Schroeder et al., 2020) Sejak rilis awal pada tahun 1997, ImageJ telah terbukti sangat penting dalam banyak upaya dan proyek ilmiah, terutama dalam ilmu kesehatan. Selama dua puluh tahun terakhir, program ini telah berkembang jauh melampaui cakupan yang

BAB 10

MORFOMETRI KARAKTER MORFOLOGI

Nufan Muwafiq Sukiran, Sholeh Avivi, Didik Pudji Restanto

10.1 Pendahuluan

Analisis bentuk memainkan peran penting dalam berbagai jenis studi biologis maupun yang lainnya. Berbagai proses biologis menghasilkan perbedaan bentuk antara individu atau bagiannya, seperti penyakit atau cedera, mutasi, perkembangan ontogenetik, adaptasi terhadap faktor geografis lokal, atau diversifikasi evolusioner jangka panjang. Perbedaan bentuk mungkin menandakan perbedaan dalam proses pertumbuhan dan morfogenesis, peran fungsional yang berbeda dimainkan oleh bagian yang sama, tanggapan yang berbeda terhadap tekanan selektif yang sama, atau perbedaan dalam tekanan selektif itu sendiri. Analisis bentuk adalah pendekatan untuk memahami penyebab beragam variasi morfologi dan transformasi.

Terkadang, perbedaan bentuk diringkas secara memadai dengan membandingkan antara bentuk yang diamati ke objek yang lebih dikenal seperti lingkaran, huruf alfabet. Organisme, atau bagian dari organisme, kemudian dicirikan kurang lebih sebagai bentuk melingkar, reniform, berbentuk C atau seperti bentuk sarung tangan. Perbandingan semacam itu bisa sangat berharga karena membantu kita memvisualisasikan organisme asing atau memusatkan perhatian pada komponen bentuk yang penting secara biologis. Namun, mereka juga bisa menjadi tidak jelas, tidak akurat atau bahkan menyesatkan, terutama jika bentuknya rumit dan tidak terlalu mirip dengan gambar yang sudah dikenal. Bahkan dalam situasi yang terbaik, kami masih tidak bisa mengatakan dengan tepat berapa banyak bentuk melingkar, reniform, atau Satu bentuk berbentuk C dibandingkan dengan yang lain. Saat kita membutuhkan ketepatan itu, kita berbalik untuk menggunakan pengukuran.

Morfometrik adalah cara kuantitatif untuk menunjukkan perbandingan bentuk yang selalu diminati ahli biologi. Hal ini tampaknya tidak menjadi masalah karena pendekatan morfologi yang pernah menjadi tipikal literatur kuantitatif tampak sangat berbeda dari deskripsi morfologi

DAFTAR ISTILAH/GLOSARIUM

- AFLP** : Amplified Fragment Length Polymorphism atau teknik berbasis PCR dengan menggunakan amplifikasi selektif berasal dari subset fragmen DNA yang telah dicerna untuk menghasilkan dan membandingkan sidik jari unik untuk genom target.
- Aligment** : Penjajaran urutan adalah cara mengatur urutan protein (atau DNA) untuk mengidentifikasi daerah kesamaan yang mungkin merupakan konsekuensi dari hubungan evolusioner antara urutan
- Biomolekuler** : Molekul yang terdapat pada organisme hidup untuk proses biologis.
- BLAST** : Situs web Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) di National Center for Biotechnology (NCBI) adalah sumber daya penting untuk mencari dan menyelaraskan urutan
- Blocking** : Salah satu teknik untuk memperkecil error dengan cara membuat blok atau grup yang berisikan satuan percobaan heterogen dan melakukan pengacakan pada blok tersebut sehingga dalam blok secara relatif bersifat homogen
- Boostrap** : Metode dengan basis sampling data dengan syarat pengembalian pada datanya dapat menyelesaikan statistik ukuran suatu sampel dengan harapan, suatu sampel dapat mewakili keseluruhan populasi yang sesungguhnya
- CLUSTAL W** : program yang umum digunakan untuk membuat beberapa perataan urutan.
- Contig** : Sebuah contig - dari kata "contiguous" - adalah rangkaian urutan DNA yang tumpang tindih yang digunakan untuk membuat peta fisik yang merekonstruksi urutan DNA asli dari suatu kromosom atau wilayah kromosom. Sebuah contig juga bisa merujuk ke salah satu sekuens DNA yang digunakan dalam membuat peta semacam itu

- Cytoscape : Software yang digunakan untuk menganalisis dan memvisualisasikan jaringan biologis.
- Diffeomorphometry : Analisis Morfometri yang berfokus pada perbandingan bentuk dan pembentukan dengan struktur metrik berdasarkan difeomorfisme, dan merupakan pusat bidang anatomi komputasi.
- Distribusi Multivariate Normal : Kombinasi linier dari elemen-elemennya adalah multivariat
- DSLR : Kamera Digital Single-lens Reflex, kamera digital yang menggabungkan mekanisme optik dan mekanisme kamera refleksi lensa tunggal dengan sensor pencitraan digital.
- Edge* : *Path* yang menghubungkan *node*.
- Epistasis : Interaksi antara dua atau lebih gen untuk membentuk suatu fenotipe
- Fenotipe : Sifat maupun ciri-ciri yang dapat diamati pada suatu organisme contohnya bentuk batang, bentuk daun dan lainnya.
- File FASTA : Ekstensi file .fasta digunakan untuk mendeskripsikan file yang ada hubungannya dengan urutan asam nukleat, DNA dan protein
- File MAS : menjadi file MEGA Alignment Sequence yang menyimpan informasi genetik, dalam biner, untuk digunakan dengan perangkat lunak MEGA
- Filogenik : Evolusioner dari genom untuk merekonstruksi pola hubungan evolusioner antara organisme hidup.
- GenBank : Database yang mengemas informasi tentang asam nukleat dan protein.
- Genomik : Ilmu biologi terkait genom atau asam nukleat pada organisme berdasarkan pada struktur, kegunaan, perkembangan, pemetaan, dan *editing* genom.
- Genotipe : Kondisi genetik pada suatu lokus ataupun seluruh bagian genetik yang terbawa oleh genom contohnya karakter perilaku, sifat dan lainnya.

- Homolog : Kesamaan karena nenek moyang bersama antara sepasang struktur atau gen dalam taksa yang berbeda. Contoh umum dari struktur homolog adalah tungkai depan vertebrata, di mana sayap kelelawar dan burung, lengan primata, sirip depan paus dan kaki depan vertebrata berkaki empat seperti anjing dan buaya semuanya berasal dari struktur leluhur tetrapoda yang sama.
- Inter-Korelasi : Hubungan timbal balik atau sebab-akibat antar suatu kelas data dengan kelas lainnya
- JavaScript : Bahasa pemrograman tingkat tinggi.
- MAS : *Marker Assisted Selection*. Proses seleksi tidak langsung di mana suatu sifat dipilih berdasarkan penanda (variasi morfologi, biokimia atau DNA / RNA) yang terkait dengan suatu sifat yang diminati misalnya produktivitas, ketahanan terhadap penyakit, abiotik toleransi stres, dan kualitas), bukan pada sifat itu sendiri.
- Matriks : Susunan unsur matematis yang berbentuk segi empat, ditulis di antara kurung, terdiri atas kolom dan baris
- Microsatelite* : Sekuen DNA yang terulang dan bersifat tandem atau berkali-kali, biasanya terdiri dari 6-10 nukleotida dan dapat ditemukan pada prokariotik maupun eukariotik.
- Morfologi : Ilmu yang mempelajari tentang bentuk tubuh hewan atau manusia. Ini adalah cabang biologi yang berhubungan dengan studi tentang bentuk organisme dan fitur struktural spesifiknya.
- Morfometri : Analisis kuantitatif suatu bentuk dan ukuran. Analisis morfometri umumnya digunakan pada organisme atau temuan fosil, dampak mutasi terhadap bentuk, dan perubahan bentuk akibat perkembangan usia. Morfometri merupakan kovarian antara faktor ekologi dan morfologi untuk memperkirakan parameter kuantitatif morfologi.
- Neighbour Joining Tree : Hubungan antar urutan menurut jarak genetiknya (kriteria fonetik) saja, tanpa memperhitungkan model evolusi.

- Node* : Elemen *graph* yang berisi informasi.
- Nonparametric* : Pada analisis statistik parameternya tidak diadukan sebagai acuan, tidak mensyaratkan bentuk sebaran dari populasi, apakah itu normal atau tidak
- Oligonukleotida : sekuens pendek polimer nukleotida yang digunakan sebagai primer pada teknik analisis deteksi molekuler.
- Omic : Cabang ilmu dari berbagai disiplin ilmu dalam biologi, biasanya diberi akhiran -omic seperti genomik, proteomik, metabolomik
- PCR : Polymerase Chain Reaction atau teknik sederhana yang memperkuat template DNA untuk menghasilkan banyak salinan fragmen DNA tertentu secara *in vitro*.
- QTL : *Quantitative Traits Loci*. Wilayah kromosom spesifik dari lokus genetik di mana urutan basa tertentu dalam penanda DNA secara statistik terkait dengan variasi sifat tersebut.
- RAPD : Random Amplified Polymorphic DNA atau teknik berbasis PCR yang menggunakan primer tunggal dan acak pendek (8-12 nukleotida) yang mengikat ke situs nonspesifik pada DNA dan memperkuat DNA.
- RFLP : Restriction Fragment Length Polymorphism atau teknik yang menggunakan pencernaan restriksi sederhana dari DNA yang dimurnikan dari bakteri dan variasi pola pita dalam pencernaan menunjukkan keragaman genetik.
- Sekuens : Urutan dari asam nukleat yang memberikan informasi genetik.
- Snowball* : Teknik pengambilan sampel untuk mengidentifikasi, dan memilih sampel pada suatu jaringan atau rantai hubungan yang saling berkesinambungan atau dari satu responden ke responden lain.
- Standar Deviasi : Pengukuran yang digunakan untuk mengukur jumlah variasi atau sebaran pada suatu populasi.

- Univariate Statistic* : Data yang diamati hanya mempunyai satu variabel tidak bebas pada setiap objek pengamatan
- Variabel Numeric* : Hasil variabel yang dihasilkan dari perhitungan pengukuran
- Varian : Distribusi probabilitas
- Visualisasi : Rekayasa pembuatan gambar, diagram atau animasi untuk menampilkan suatu informasi.



Indeks

A

AFLP, xiv, 90, 103, 104, 110, 116, 118,
120, 121, 234
alignent, xv, xvi, xvii, 8, 148, 149, 150,
155, 156, 159, 160, 161

B

Bakteriofaga, 235
biomolekuler, 6
BLAST, xvi, 11, 13, 138, 152, 153, 154,
156, 234
blocking, **63, 64**
Boostrap, xvii, 74, 162, 163

C

Clustal W, xvii, 160
Contig, 141, 142, 234
Cytoscape, xvii, xviii, xix, 167, 168, 169,
170, 171, 172, 173, 174, 175, 176,
177, 178, 179, 180, 181, 182, 183,
184, 185, 186, 235

D

Diffeomorphometry, 214, 232, 235
Distribusi multivariate normal
kombinasi linier dari elemen-
elemennya adalah multivariat, 70
Distribusi probabilitas, 66, 68, 74, 75, 77
DSLR, 219, 235

E

edge, xviii, 169, 170, 172, 173

Epistasis, 28, 235

F

fenotipe, 30, 33, 82, 84, 85, 86, 96, 106,
121, 235
File FASTA, 235
File MAS, 235
Filogenik, 235

G

GenBank, xi, 1, 4, 9, 10, 11, 139, 153,
156, 235
Genomik, 4, 125, 235
Genotipe, 26, 27, 97, 235, 246

H

Hasil variabel yang dihasilkan dari
perhitungan pengukuran, 67
Homolog, 236

I

Inter-Korelasi, 236

J

JavaScript, 171, 172, 185, 186, 191, 197,
236

M

mas, xvii, 161
Matriks, 236
Microsatelite, xiii, 97, 236

morfologi, iv, 86, 88, 91, 113, 207, 208,
209, 212, 216, 217, 224, 225, 230,
236
Morfometri, 209, 211, 230, 235, 236

N

Neighbour Joining Tree, 236
Node, 237
Nonparametric, 75, 237

O

Oligonukleotida, 114, 237
Omic, 237

P

PCR, xiii, xiv, 15, 84, 87, 90, 93, 95, 98,
99, 102, 113, 114, 115, 116, 117,
118, 119, 120, 121, 122, 123, 124,
125, 130, 131, 132, 133, 139, 165,
234, 237
Pengukuran yang digunakan untuk
mengukur jumlah variasi atau
sebaran pada suatu populasi, 64, 65,
66, 70

Q

QTL, iv, xxii, 60, 82, 83, 84, 85, 86, 89,
99, 109, 110, 111, 112, 130, 237

R

RAPD, iv, xiii, xiv, 90, 93, 94, 95, 111,
112, 113, 114, 115, 116, 117, 118,
121, 122, 123, 126, 127, 128, 129,
130, 131, 132, 133, 134, 135, 136,
237

RFLP, xiii, xiv, 90, 92, 93, 111, 116, 118,
119, 120, 129, 135, 136, 237

S

sekuens, 13, 95, 107, 117, 119, 120, 121,
133, 138, 152, 158, 234, 237
Snowball, 237
Standar Deviasi, 237

T

Teknik statistik dimana parameternya
tidak dijadukan sebagai acuan, tidak
mensyaratkan bentuk sebaran dari
populasi, apakah itu normal atau
tidak, 75, 76, 77
transgenik, 243

U

Univariate Statistic, 238
Univariate statistik
Data yang diamati hanya mempunyai
satu variabel tidak bebas pada
setiap objek pengamatan, 67

V

Variabel numeric
Hasil variabel yang dihasilkan dari
perhitungan pengukuran, 67
Variabel Numeric, 238
varian, 7, 26, 28, 54, 75, 116, 126, 130,
189
Varian Distribusi probabilitas, 66, 68,
74, 75, 77
Visualisasi, xviii, 168, 173, 174, 180, 181,
238, 246

BIOGRAFI PENULIS 1



Dr. Ir. Sholeh Avivi, MSi. merupakan putra pertama pengasuh Pondok Pesantren Putri El-Aniesah Kaliwates Jember dari pasangan KH. A. Fauzan Shofwan dan Ibu Nyai Hj. Lilik Maslihah. Lahir di Lamongan pada tanggal 21 Juli 1969. Pendidikan Madrasah di MIN PGAN 6Th Jember (1982), SMP A. Wahid Hasyim Tebuireng Jombang (1985) dan SMAN 1 Jember (1988). Pendidikan S1 (1993), S2 (1995) dan S3 (2000), di selesaikan dari Institut Pertanian Bogor. Menikah dengan Nurul Muanasah SAg., dan di karuniai 4 orang anak. Bidang riset yang di tekuni adalah Pemuliaan Tanaman dengan memanfaatkan Bioteknologi Rekayasa Genetika. Penelitian Disertasi menghasilkan tanaman transgenik tembakau dan kacang tanah yang mengandung gen PStV. Sebagian penelitian Disertasi di kerjakan penulis di Queensland Agricultural Biotechnology Centre, Universty of Queensland, Australia pada tahun 1998. Penulis di terima mengabdikan di Program Studi Agronomi Fakultas pertanian Universitas Jember pada tahun 2000. Minat meneliti bidang Rekayasa Genetika lebih intens di lakukan saat bergabung di Center for Development of Advances Sciences and Technology (CDAST) UNEJ, meneliti tebu toleran genangan (Grant Kemenristek DIKTI 2014-2016) dan singkong toleran cekaman air (Grant Kemenristek DIKTI 2016-2018). “Training on The Development and Implementation of Genome Editing in Plant” di selesaikan penulis pada tahun 2018 di Gyeongsang National University (GNU), Korea Selatan. Mulai tahun 2019 dengan memanfaatkan teknologi Genom Editing penulis meneliti tomat tinggi sucrose (Grant Penguatan Program IDB, 2019) bekerjasama dengan Prof. Jae-Yean Kim, GNU. Jabatan penulis di mulai dari menjadi ketua Center for Bisafety (C-Bios) tahun 2002-2005, ketua lab Genetika dan Pemuliaan tanaman pada tahun 2005-2006, di lanjutkan menjadi sekretaris PS Magister Agronomi tahun 2007-2008. Saat ini penulis di percaya memegang amanah menjadi Sekretaris Lembaga Pengembangan Pembelajaran dan Penjaminan Mutu (LP3M) UNEJ sejak tahun 2017. Buku “Membangun Negeri dengan Singkong (Building The Country With Cassava)” selesai tahun 2018. Buku “Bioteknologi-Rekayasa Genetika Tanaman” dan Buku “Pemuliaan Tanaman: Aplikasi dan Prospek” diselesaikan pada tahun 2019. Buku Teks “Wawasan Lingkungan dan Pertanian Industrial”, Buku Teks “Rekayasa Gen dan Bioinformatika”, Buku Monograf “Rekombinasi DNA Transformasi Gen

Metode Agrobacterium dan Bombardment”, dan Buku Monograf “Genom Editing Analisa DNA & Protein” diselesaikan pada tahun 2020. Buku Teks Fisiologi Benih Tanaman Perkebunan, Buku Teks “Fisiologi & Metabolisme Benih” dan Buku Teks “Bioinformatika & Biostatistika Manfaatnya dalam Penelitian Bioteknologi” diselesaikan pada tahun 2021.

BIOGRAFI PENULIS 2



Dr. Ir. Didik Pudji Restanto, MS. Merupakan putra ke dua dari pasangan H. Siroen Tjito Oetomo dengan Hj. Rusmiani SPd yang lahir 26 April 1965 di Madiun Jawa Timur. Pendidikan Sekolah Dasar di Saradan Madiun lulus 1976, SMP 1 Nganjul lulus tahun 1979, SMA Santo Bonaventura Madiun lulus 1983. Sarjana diselesaikan tahun 1988 di UPN Veteran Surabaya, Magister diselesaikan di IPB Bogor tahun 1990. Tahun 1993 sebagai staf pengajar di Unibersitas Surabaya Fakultas Farmasi sampai tahun 1994. Tada tahun yang sama diterima sebagai PNS di Fakultas Pertanian Universitas Jember pada program studi Agronomi (Laboratorium Kultur Jaringan). Pada tahun 1998 melanjutkan studi S3 Biochemistry and Molecular Sciences James Cook QLD Australia lulus tahun 2003. Menikah dengan Nurfika Asmaningrum, Phd dosen keperawatan Unej Jember. Bidang riset yang di tekuni adalah Kultur jaringan singkong untuk mendapatkan Freeable Embryonic Callus (FEC) sebagai bahan dalam pekerjaan transformasi, kultur jaringan anggrek untuk produksi masal anggrek hasil persilangan dan kultur jaringan tanaman porang untuk perbanyakan masal bibit dengan sistem bioreactor. Penelitian dalam bidang transformasi singkong dengan menggunakan gen SoSPS1 bergabung di Center for Development of Advances Sciences and Technology (CDAST) UNEJ, dengan pendanaan dari hibah pendukung IDB. Tahun 2017 dipercaya kolaborasi dengan Research Center Cassava Biotechnology Shanghai China, sehingga terjalin kolaborasi regional penelitian Cassava khususnya di transformasi DNA (program NDT IDB Unej). Penulis dipercaya menjabat ketua laboratorium Kultur Jaringan/Ecofisiologi mulai dari 2018 sampai sekarang. Buku yang telah diterbitkan ber ISBN Buku ajar Tehnik Perbanyakan In vitro (melalui pendekatan Bioteknologi) tahun 2018, buku teks Kultur Jaringan Anggrek (Perbanyakan, Konservasi dan perbaikan Tanaman) tahun 2019, dan Kultur Jaringan Singkong (Aplikasi dalam Transformasi DNA tahun 2020.

Banyak penelitian yang telah dipublikasikan sebagian besar tentang kultur jaringan terutama anggrek, singkong dan porang, selama ini penelitian didanai dari Ristekdikti, dana internal maupun dana sendiri. Dalam penelitian anggrek target utama adalah produksi massal secara klonal atau hasil selfing untuk mendapatkan tanaman yang seragam dan bermutu baik dan secara paralel program ini bisa memanfaatkan untuk menambah plasma nutfah anggrek di kampus Unej sebagai sarana edukasi yang asri dan alami.

BIOGRAFI PENULIS 3



Dr. Alfian Futuhul Hadi merupakan putra kesembilan muasis Masjid Sunan Kalijaga, Sumbersari Jember dari pasangan KH. Abd. Muchith Muzadi dan Ibu Nyai Hj. Siti Faridah. Lahir di Jember pada tanggal 19 Juli 1974. Lulus dari SDN Jember Lor 1 Jember (1987), SMP Negeri 3 Jember (1990) dan SMAN 1 Jember (1993). Pendidikan tinggi S1 (1998), pascasarjana S2 (2006) dan S3 (2012), diselesaikan di Institut Pertanian Bogor bidang *Statistika* terutama pada kekhususan Bometrika dan *Statistical Genetics*. Menikah dengan Halimatus Sa'diyah, M.Si. dan dikaruniai 5 orang anak. Penelitian disertasi tentang model statistika untuk pengujian multilokasi pada pelepasan varietas dengan pengamatan kategorik berupa ketahanan terhadap *stress* tertentu seperti hama/penyakit atau pun yang lain. Sebagian penelitian Disertasi di kerjakan penulis di *Department of Statistics, The University of Auckland, New Zealand*, pada tahun 2010-2011. Penulis menjadi pegajar tetap bidang Statistika pada Fakultas MIPA Universitas Jember (UNEJ) sejak tahun 2000, pada program studi Matematika. Juga menjadi pegajar Statistika dan Metode Penelitian pada beberapa program studi di berbagai fakultas di UNEJ, seperti Magister Matematika di FMIPA, Magister Agronomi dan Doktor Ilmu Pertanian di Fakultas Pertanian, Magister Teknik Sipil di Fakultas Teknik, Magister Pendidikan Matematika di FKIP, Magister Petanian Industrial, S1 Teknomogi Industri Pertanian dan S1 Teknologi Hasil Petanian di Fakultas Teknologi Pertanian serta S2 multidisipliner Magister Bioteknologi Program Pascasarjana UNEJ. Bidang riset yang di tekuni adalah Statistika dan Sains Data terutama tentang lingkungan hidup, pertanian, dan pemuliaan tanaman. Minat meneliti bidang Statistika untuk penelitian pemuliaan tanaman, melalui

Pengembangan Model Zero-Inflated Poisson dan Model Zero-Inflated Negative Binomial pada Serangan Hama/Penyakit Tanaman (Riset Dasar, Ristekdikti 2014-2015) dan Pengembangan Model Robust untuk Analisis Interaksi Genotipe \times Lingkungan Tanaman Pangan (Riset Dasar, Kemenristek DIKTI 2016-2017). Tahun 2017, penulis bergabung dengan Kelompok Riset *Quantitative Ecology & Environmental Statistics* dengan penelitian Pemodelan Perubahan Global pada Peramalan Curah Hujan (*Research Grant* UNEJ 2017-2018).

Komitmennya pada pengembangan Statistika dan Sains Data dilakukan dengan mendirikan Kelompok Riset **Data Science** pada 2019 pada program studi Matematika FMIPA UNEJ melalui penelitian (1) Pengembangan Model Jaringan Saraf Tiruan pada *Statistical Downscaling* untuk Data Extrem Rendah bagi Prediksi Bencana Kekeringan (Riset Dasar Ristekdikti 2019-2020), (2) Pengembangan Visualisasi Hasil Klasifikasi *Support Vector Machines* (SVM) pada Analisis Data Ekspresi Gen Guna Mendukung Riset Bioteknologi (Riset Grant UNEJ 2019), dan pada tahun ini riset tentang *Naïve Bayes Prediction* untuk Analisis Krisis Ekonomi di Masa Pandemi Covid-19 (Riset Grant UNEJ 2020). Penulis juga menjadi bagian pada riset tentang Inhibitor COVID-19 dari Kandidat Potensial Inhibitor Menggunakan *Molecular Docking* dan *Molecular Dynamics Simulation* (dalam Sistem Komputer Parallel) melalui Kelompok Riset *Computational Modeling & Data Analytics* di Fakultas MIPA Universitas Jember.

Penulis adalah editor sekaligus kontributor pada Buku “*Model AMMI: Kini dan Yang Akan Datang*” serta buku menjadi editor pada buku “*Sidik Peubah Ganda menggunakan SAS*” keduanya ditulis bersama Prof. Dr. Ir. A. Ansori Mattjik, penerbit IPB Press, 2012.

Kontribusi kecil penulis pada pengembangan software-R (komunitas *open source* internasional) yaitu fungsi RCIM pada *VGAM R-package* bersama Thomas W. Yee (*University of Auckland, NZ.*) tahun 2011 (<https://rdrr.io/cran/VGAM/man/Rcim.html>). Pernah menjadi tim perwakilan Indonesia pada *EAS-INDIA Workshop-2012 for Earthquake Risk Management*, November 2012, New Delhi bersama BNPB, juga menjadi peneliti tamu (*visiting researcher*) pada *La Trobe – Indonesia Collaboration Workshop 2017* yang diselenggarakan oleh *School of Engineering and Mathematical Sciences, La Trobe University, Australia*, Februari 2017 bersama kolaborator Matematikawan/Statistikawan Indonesia lain dari ITB, IPB, TelkomUni.

BIOGRAFI PENULIS 4



Muhammad Mufarrij Fuad Ulfi adalah putra pertama dari pasangan Budi Kasih Irianto dan Siti Wasilah. Lahir di Jember pada tanggal 21 November 1994. Pendidikan Dasar di SDN 4 Bangsalsari (2007), SMPN 1 Rambipuji (2010) dan SMAN 4 Jember (2013). Pendidikan S1 Mayor Biokimia dan Minor Agronomi dan Hortikultura (2017) diselesaikan dari Institut Pertanian Bogor dan saat ini sedang melanjutkan kuliah pada Program Magister Bioteknologi Universitas Jember. Menikah dengan Alfia Surya Rahmanda, dan di karuniai 1 orang anak. Bidang riset yang ditekuni adalah Bioteknologi Tanaman. Penelitian yang pernah diikuti meliputi bidang obat herbal pada peternakan, komponen absorbent bioorganik, bakteri pendegradasi limbah, rekayasa struktur protein untuk obat dan perakitan varietas padi baru dengan pendekatan bioteknologi modern.

BIOGRAFI PENULIS 5



Wulan Arum Hardiyani merupakan putri pertama dari Slamet Hariyadi dan Tutik Hariyani. Lahir di Jember, 7 Maret 1996. Pendidikan Sekolah Dasar di SDN Jember Kidul 02 (2002), SMPN 1 JEMBER (2008) dan SMAN 2 Jember (2011). Pendidikan S1 (2014) Fakultas Pertanian, Universitas Jember. Penulis sekarang sedang melanjutkan kuliah Magister S2 pada program studi Bioteknologi, Universitas Jember. Penulis mempunyai riwayat organisasi pada tahun 2016-2017 sebagai pengurus wakil bidang Rumah Tangga pada Himpunan Mahasiswa Program Studi (HMPS) Ikatan Mahasiswa Agroteknologi (IMAGRO) dan pada tahun yang sama menjabat sebagai pengurus bidang Sumber Daya Manusia (SDM) pada Unit Kegiatan Mahasiswa (UKM) Paduan Suara Mahasiswa (PSM) Corus Rusticarum. Penulis juga pernah menjadi partisipan dalam program “Study Visit Program” di *Faculty of Agriculture, Kasetsart University, Thailand*.

BIOGRAFI PENULIS 6



Ika Wahyuni yang sering di panggil dengan nama Ika, lahir 24 tahun yang lalu tepat tanggal 29 Oktober di kota kecil bernama Jember. Riwayat pendidikan Sekolah Dasar Gebang 03 Jember, SMPN 07 Jember, SMAN 2 Jember dan telah menamatkan pendidikan sarjana di Fakultas Teknologi Pertanian Universitas Jember pada tahun 2018. Tahun 2020, ia melanjutkan pendidikannya di jenjang S2 yaitu di bidang Bioteknologi Pascasarjana Universitas Jember.

Punya hobi olahraga terutama bulutangkis dan bersepeda, sekaligus sangat mencintai buku. Hal yang paling disukai adalah buku harga diskon. November 2018 telah menamatkan sarjana di Fakultas Teknologi Pertanian Universitas Jember. Menjadi anak pertama dari tiga bersaudara ini pernah mencicipi menjadi penulis terbaik di Event Cipta Puisi oleh Ikatan Remaja Muslim Indonesia dan CT Literation, sekaligus Top Ten penulis cerpen terbaik oleh Gajahlah Kebersihan. Terdapat beberapa riwayat organisasi yang baru-baru ini ia ikuti dan dapat menambah wawasan tentang pendidikan yaitu sebagai Pembina Hubungan Masyarakat Pemburu Beasiswa S2 di tahun 2020. Komunitas nasional ini bergerak di pendidikan untuk menciptakan pemimpin yang berjiwa sosial dan berwawasan luas. Menjadi Co-Founder di komunitas Generasi Jember adalah komunitas yang baru-baru ini ia resmikan bersama kerabat-kerabatnya yang berkelahiran di Jember. Tujuan didirikannya komunitas ini ialah untuk memfasilitasi generasi muda Jember dalam bidang *softskill* dan *hardskill* berbasis literasi digital.

Penulis menggeluti bidang kepenulisan semenjak tahun 2019, dan sempat mendapatkan beberapa penghargaan kecil sebagai penulis terbaik event lomba cipta puisi, tema “Tentang Diriku” oleh Ikatan remaja Muslim Indonesia. Karya lainnya yaitu sebagai penulis terbaik lomba cipta puisi Nasional “Sinar Hati Wanita” oleh CT ASHATI LITERARION yang telah dibukukan. Top ten penulis cerpen terbaik dicetak dalam Buku Fisik Gajahlah Kebersihan dengan judul cerpen “Indahnya Kota Kecilku” oleh Gajahlah Kebersihan serta menjadi karya yang baru saja terbit yaitu sebagai 30 besar karya terbaik lomba essay “Impianku Untuk Indonesia” oleh Ublik dan Travel Ngapak. Jika ingin bersilaturahmi atau memberikan saran serta kritik, silahkan berkirim surat via email: ika.wahyuni685@gmail.com, bisa juga follow Instagram: [Ikawwwahyuni](https://www.instagram.com/ikawwwahyuni).

BIOGRAFI PENULIS 7



“Riska Ayu Febrianti, lahir di Sidoarjo pada 19 Februari 1998. Saya telah menempuh pendidikan dasar di SDN Juwetkkenongo (2010), sedangkan pendidikan menengah di SMPN 1 Porong (2013) dan SMAN 1 Porong (2016), kemudian Pendidikan strata 1 di Program Studi Pendidikan Biologi Universitas Jember (2020). Saya merupakan seorang mahasiswa S2 di Program Studi Magister Bioteknologi Universitas Jember. Saya sangat tertarik dengan dunia menulis, literasi, dan sosial media.”

BIOGRAFI PENULIS 8



Faizah Yusky Zamzami, S.TP merupakan puteri pertama dari pasangan Bapak Sutrisno dan Ibu Huriatul Mardiyah. Lahir di Jember pada tanggal 2 Desember 1996. Pendidikan yang pernah di tempuh yaitu di Sekolah Dasar Kepatihan 1 Jember (2003-2006), SMP 2 Jember (2006-2009), SMAN 4 Jember (2009-2015), Pendidikan S1 di UNEJ-*Departement of Agricultural Product Technology* (2015-2019). Penelitian yang pernah dilakukan yaitu analisis karakteristik mutu kefir dengan variasi penambahan ekstrak cascara dan sukrosa. Pengalaman magang di Margo Utomo Eco Resort Kalibaru, Banyuwangi yang bertanggung jawab untuk inovasi produk kefir dari susu segar. Saat ini, masih bekerja sama dengan Margo Utomo Eco Resort untuk penelitian whey keju yang dihasilkan. Pengalaman organisasi diantaranya AGRITECHSHIP yang menjabat pada Departemen Kewirausahaan, HIMAGIHASTA (Himpunan Mahasiswa Teknologi Hasil Pertanian) pada Departemen Pengabdian Masyarakat, dan HMPPi (Himpunan Mahasiswa Peduli Pangan Indonesia). Selama masa studi S1 di Teknologi Hasil Pertanian, saya menjadi asisten laboratorium *Management and Security of Food and Agricultural Product* tahun 2017-2018. Prestasi yang pernah digapai diantaranya: menjadi Juara 3 *Business Model Canvas* (BMC), Juara 1 lomba Imatekta Photography, Juara 3 Video Competition Local Food Project, Finalis Paper Competition “Cipta

Guna Nusantara”, dan Finalis Video Competition STEI Tazkia. Selain itu, pernah menjadi pemateri dalam Seminar Kewirausahaan Fakultas Kesehatan Masyarakat UNEJ. Pernah mengikuti Workshop Entrepreneurship Kopertis Wilayah VII RISTEKDIKTI dan pelatihan HACCP, ISO 22000:2005, Halal yang dilaksanakan oleh Geonfield.

BIOGRAFI PENULIS 9



Lailly Nur Uswatul Hasanah, S.Si. merupakan putri dari pasangan Bapak Mafakir dan Ibu Susanti. Lahir di Jember pada tanggal 12 Maret 1996. Pendidikan yang pernah ditempuh yaitu di Madrasah Ibtidaiyah Salafiyah (MIS) Riyadlotul ‘Uqul Jatimulyo (2002-2008), SMPN 1 Jenggawah(2008-2011), SMAN Ambulu (2011-2014) dan S1 Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam (FMIPA) Universitas Jember (2014-2018). Pengalaman organisasi Pers Mahasiswa FMIPA Universitas Jember serta aktif dalam kegiatan-kegiatan kampus lainnya. Selama menempuh S1 penulis mendapat juara 3 dalam lomba Duta Lingkungan Hidup yang diadakan oleh jurusan Biologi FMIPA Universitas Jember. Selain itu, pada tahun 2018 mengikuti program pertukaran pelajar dengan Flensburg University of Applied Sciences, Germany dan pada tahun 2019 mengikuti program pertukaran pelajar dengan Biberach University of Applied Sciences, Germany. Penulis juga telah menulis dua buah buku pada tahun 2019 yang berjudul Genome Editing, Rekayasa Genetika dan Bioinformatika.

BIODATA PENULIS 10



Nurul Istinaroh, merupakan putri kedua dari pasangan Bapak Djuki (almarhum) dan Ibu Iriani Dewi Pertiwi. Lahir di Jombang pada tanggal 1 Februari 1979. Pendidikan Sekolah Dasar di SDN Bubutan IX No. 77 Surabaya (1991), SMP Negeri 2 Surabaya (1994) dan SMU Negeri 1 Surabaya (1997). Pendidikan D III (2000) diselesaikan di Program Studi Analisis Medis Fakultas Kedokteran Universitas Airlangga Surabaya

dan pendidikan S1 (2019) diselesaikan di Fakultas Pertanian Universitas Muhammadiyah. Menikah dengan M. Luki Firmansyah, dan di karuniai 1 orang anak. Saat ini penulis adalah Pranata Laboratorium Pendidikan di Laboratorium Biokimia Fakultas Kedokteran Universitas Jember. Penelitian yang pernah dilakukan adalah Pengaruh suhu dalam *freezer* terhadap stabilitas serum tikus yang disimpan di laboratorium(2019) dan Validasi metode CHOD-PAP pada uji kolesterol serum tikus dengan menggunakan serum tikus menggunakan reagen setengah volume (2020) yang dibiayai oleh DIPA Universitas Jember. Penelitian yang ditekuni bidang pengelolaan laboratorium sesuai tugas utama sebagai PLP. Penulis mulai mengabdikan di Fakultas Kedokteran Universitas Jember pada tahun 2005. Selain itu penulis juga menjadi anggota pada KEPK (Komite Etik Penelitian Kesehatan) Fakultas Kedokteran Universitas Jember sejak 2019 sampai dengan sekarang. Minat meneliti bidang pengelolaan laboratorium dan pengembangan profesi PLP dan bersama dengan Persatuan Pranata Laboratorium Pendidikan Indonesia (PPLPI).

BIOGRAFI PENULIS 11



Leny Yulia Widia Sari merupakan putri kedua dari bapak Nurhadi Saputro dan ibu Enik Kuswaidah lahir di Jember 07 Juli 1997. Pendidikan Sekolah Dasar di SDN Dukuhdempok 5 (2003-2009), SMP Negeri 1 Wuluhan (2009-2012), SMK Analis Kesehatan Jember (2012-2015). Pendidikan DIII Analis Medis Universitas Airlangga Surabaya lulus pada tahun 2018 dan Pendidikan D4 Analis Kesehatan (2019) di Poltekkes Kemenkes Surabaya. Penulis saat ini sedang menempuh pendidikan Magister S2 di program studi Bioteknologi, Universitas Jember. Menikah dengan Muhammad Fikri Abdillah. Saat ini penulis bekerja sebagai admin di program Studi Teknologi Laboratorium Medis Stikes Dr. Soebandi Jember. Penulis memiliki riwayat organisasi yaitu pernah tergabung di departemen pengabdian masyarakat BEM fakultas Vokasi Universitas Airlangga, pada tahun yang sama pula penulis tergabung di departemen kaderisasi dan pengembangan sumber daya mahasiswa di Himpunan Mahasiswa Analis Medis Universitas Airlangga. Pada tahun 2018-2019 selama satu periode penulis menjabat sebagai Wakil Ketua Umum di organisasi Dewan Pengurus Pusat Ikatan Mahasiswa teknologi Laboratorium Medik (DPP IMATELKI) sebelum tergabung di

pengurus pusat penulis menjadi salah satu anggota departemen *Research and Technology* di pengurus wilayah Jawa Timur IMATELKI.

BIOGRAFI PENULIS 12



Nufan Muwafiq Sukiran, S.Si merupakan putra dari pasangan Bapak Sukiran dan Ibu Jumak Atik, S.Pd . Lahir di Jember pada tanggal 6 Mei 1997. Pendidikan yang pernah di tempuh yaitu di SD Negeri 01 Ambulu (2003-2006), SMP Negeri 2 Ambulu (2006-2009), SMAN AMBULU (2009-2015), Pendidikan S1 di Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Jurusan Biologi Universitas Islam Malang (2015-2019). Pengalaman organisasi diantaranya menjadi anggota DPM FMIPA dan menjabat pada Komisi IV Humas dan Publikasi. Selama masa studi S1 di FMIPA UNISMA, Penulis juga sering mengikuti beberapa kali kegiatan lomba di fakultas MIPA UNISMA salah satunya adalah mengikuti lomba dalam rangka diesnatalis fakultas yaitu lomba duta lingkungan dan alhamdulillah bisa menjadi juara harapan. Selain itu, sering ikut dalam kepanitian kegiatan yang ada di fakultas seperti kepanitian wisuda fakultas, kepanitian diesnatalis fakultas masuk kedalam divisi Pubdekdok. Selain menjadi mahasiswa, penulis juga mempunyai hobi fotografi yang karyanya bisa di lihat di Instagram @nmsv_photography.