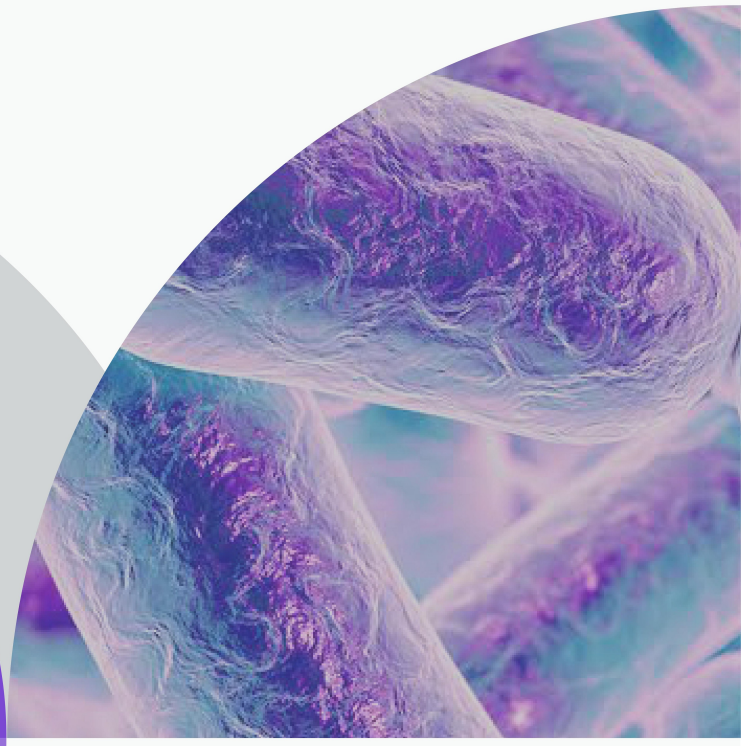
Didik Huswo Utomo
M. Ichsan
Jayarani F. Putri



PRINSIP DASAR DESAIN PRIMER DENGAN BIOINFORMATIKA

GLOBAL SCIENCE

PRINSIP DASAR DESAIN PRIMER DENGAN BIOINFORMATIKA

PRINSIP DASAR DESAIN PRIMER

DENGAN BIOINFORMATIKA

INBIO INDONESIA

PRINSIP DASAR DESAIN PRIMER DENGAN BIOINFORMATIKA

Penyusun:
Didik Huswo Utomo
M. Ichsan
Jayarani F. Putri

ISBN: 978-623-7442-02-8

Editor:
Tim Inbio Indonesia

Desain Sampul:
Rozali Syahputra

Penata Letak:
Tim Inbio Indonesia

Penerbit:
Global Science

Redaksi:
Edotel Office Jl. Veteran No. 17 Malang, Jawa Timur
Telp. 0812-1631-3133
Email: globalscience.cv@gmail.com

Cetakan pertama, Februari 2019

Hak cipta dilindungi undang-undang
Dilarang memperbanyak karya tulis ini dalam bentuk dan dengan cara apapun tanpa ijin tertulis dari penerbit

INBIO INDONESIA

A. PENGENALAN DATABASE BIOINFORMATIKA

1. Organisasi Data Biologi dalam Beberapa Database *On-Line*

Saat ini, banyak sekali data mentah yang berasal dari penelitian-penelitian biologi telah disimpan di berbagai jenis bank data, seperti: GenBank atau EMBL untuk penyimpanan sekuen asam nukleat/DNA). Semua bank data sebagaimana disebutkan di atas bersifat *free* (*open access*) sehingga semua ilmuwan dunia dapat mengakses data secara langsung melalui *world wide web* dan di sisi lain, setiap peneliti juga diperbolehkan untuk menambahkan data mentah baru yang didapatkan dari penelitian yang mereka lakukan di laboratorium pribadinya ke dalam bank data yang telah ada. Beberapa bank data lainnya, seperti trEMBL, berisi kumpulan sekuen asam amino penyusun suatu protein yang notabene adalah produk translasi dari semua sekuen DNA yang disimpan di dalam bank data EMBL.Sejauh ini, data biologi berupa sekuen DNA maupun sekuen protein relatif paling dominan keberadaannya dibandingkan jenis data-data biologi lainnya. Namun, keberadaan data lain (seperti: data penelitian yang menggunakan sistem *knock-out* gen tertentu, sistem *yeast two-hybrid screens*, analisis *microaaray*, penelitian terkait jalur metabolisme, dan lain-lain) relatif tidak bisa dinafikan. Mengingat fakta bahwa tren minat penelitian senantiasa mengalami pergeseran. Maka, data-data mentah yang relatif tidak terlalu dimanfaatkan di saat ini, masih sangat berpotensi untuk dimanfaatkan dikemudian hari. Dan hal ini merupakan tujuan yang paling utama di balik pembuatan berbagai jenis bank data yang ada saat ini Nilges dan Linge, 2014).

Data-data yang telah disimpan pada suatu database harus ditampilkan secara informatif dan sebisa mungkin harus mudah untuk diakses dan saling berkaitan (melalui sebuah *link*) dengan data lain yang tersimpan pada database yang sama maupun database lain. Sebuah bahasa pemrograman khusus telah dibuat untuk memfasilitasi tujuan sebagaimana disebutkan di atas, seperti: sistem pencarian sekuen(*sequence retrieval system;* SRS) dan sistem *Entrez*. Namun, salah satu hambatan yang relatif masih terus dicarikan solusi adalah terkait bagaimana membuat sebuah database yang tidak hanya berfungsi untuk menyimpan data, namun juga menyediakan beragam fungsi pendukung lainnya, seperti: *link* untuk menghubungkan dengan database yang lain, kolom pencarian sekuen yang homolog, program analisis data, dan lain- lain. Sebagai contoh, SWISSPROT berisi kumpulan sekuen protein yang telah diverifikasi sekaligus banyak sekali anotasi terkait fungsi suatu protein, sedangkan informasi terkait struktur 3D protein disimpan dalam database lain yang secara spesifik memang diperuntukkan untuk menyimpan berbagai informasi terkait struktur protein, salah satu contoh database dalam kategori ini adalah *protein data bank. Protein data bank* adalah database struktur

protein yang dikelola dan dikembangkan oleh *the Research Collaboratory for Structural Bioinformatics* (Nilges dan Linge, 2014).

Saat ini, para ilmuwan juga mulai mengembangkan beberapa database yang secara spesifik hanya menyimpan informasi tentang spesies tertentu, seperti: database ACEDB (menyimpan berbagai informasi tentang genom *C. Elegans*), database *FLYBASE* (menyimpan berbagai informasi tentang *D. Melanogaster*). Selain database di atas, ada juga beberapa database yang secara spesifik difungsikan untuk menyimpan berbagai literatur ilmiah (seperti: PubMed, MedLine, PubMed Center, dan lain-lain) yang juga disertai beberapa fungsi tambahan seperti: fungsi pencarian literatur ilmiah yang masih saling berkaitan melalui kumpulan algoritma yang mampu menganalisis tingkat kesamaan dalam penggunaan kata pada literatur-literatur yang sudah disimpan dalam database. Bahkan saat ini, algoritma berbasis pengenalan kata semacam ini telah berkembang dengan sangat pesat sehingga mampu mendeteksi keberadaan kata maupun kalimat yang tertera pada berbagai abstrak penelitian terkait fungsi suatu protein, terlebih untuk kata maupun kalimat yang berkaitan dengan interaksi protein dengan protein lainnya[1].Salah satu fungsi yang disediakan oleh beberapa database biologi *on-line* adalah analisa sekuen DNA menggunakan metode *alignment* dan BLAST.

2. Analisa Sekuen DNA

Data primer yang diperoleh dari megaproyek sekuensing genom manusia adalah sekuen DNA. Data berupa sekuen DNA semacam ini akan menjadi lebih berguna dan bermanfaat pasca dilengkapi dengan berbagai penjelasan (anotasi) yang disumbangkan oleh para ilmuwan berdasarkan hasil penelitian yang dilakukan oleh para ilmuwan yang menggunakan data sekuen DNA tersebut maupun penjelasan yang berasal dari *output* sebuah program tertentu. Berkaitan dengan hal ini, diperlukan beberapa tahapan analisis menggunakan perangkat-perangkat bioinformatika sehingga dari data sekuen DNA semacam ini, akan dapat ditarik suatu hubungan antara sekuen DNA tersebut dengan sekuen proteinnya. Beberapa tahapan analisis sebagaimana disebutkan di atas, diantaranya:

- Menentukan urutan yang tepat antara satu sekuen DNA dengan sekuen DNA lainnya hingga didapatkan rangkaian sekuen yang saling bersambung sebagaimana rangkaian sekuen DNA pada genom manusia.
- Menentukan sekuen DNA di mana proses transkripsi akan dimulai, sekuen DNA yang berfungsi sebagai promotor gen, sekuen DNA yang berfungsi sebagai *open reading frame* (ORF), dan sekuen mRNA di mana proses translasi akan dimulai.
- Menentukan lokasi ekson, intron, dan lokasi pemotongan mRNA.
- Mentranslasikan sebuah sekuen DNA (*coding* DNA) menjadi sebuah urutan asam amino (sekuen protein).

INBIO INDONESIA

4. Pilih Properties untuk menganalisis setiap primer.

Oligo Analyzer - 1.0.3 2/18/2015

Primer 1

Name : Primer 1
Primer : 5´-CGGACGGGTGAGTAATGTCT-3´
Reverse : 3´-TCTGTAATGAGTGGGCAGGC-5´
Length : 20 nt
Tm (basic) : 62.0 ºC
Tm (salt) : 60.5 ºC
Tm (NN) : 62.3 ºC
GC % : 55.0 %
dG : -38.1 kCal/mol
3'-tail GC % : 28.6 %
3'-tail dG : -9.9 kCal/mol
Molecular weight : 6275.1 g/mol
1 ml of the primer solution with an absorbance of 1 at 260 nm is 4.54 µM and contains 28.5 µg ssDNA

Primer 1 self annealing:

5'-CGGACGGGTGAGTAATGTCT-3'
||| :::
3'-TCTGTAATGAGTGGGCAGGC-5' dG: 0.30 kcal/mol

Primer 1 loops:

5'-CGGACGGGTG

||| A

3'-TCTGTAATG

dG: 0.42 kcal/mol

5. Pilih Multiplex untuk mengetahui potensi annealing antara dua primer.

Oligo Analyzer - 1.0.3 2/18/2015

Primer 2 - Primer 1 annealing:

5'-CTCAGACCAGCTAGGGATCG-3'
|||| : :

INBIO INDONESIA



GLOBAL SCIENCE

ISBN 978-623-7442-02-8

