

## Peran Bioinformatika dalam Bidang Kedokteran

*Teresa Liliana Wargasetia*

*Bagian Biologi, Fakultas Kedokteran, Universitas Kristen Maranatha*

### **Abstrak**

*Bioinformatika merupakan kajian yang memadukan disiplin ilmu biologi molekuler, matematika dan teknik informasi. Bioinformatika berperan dalam bidang klinis dalam bentuk informasi klinis, identifikasi mutasi gen-gen penyebab penyakit, terapi gen, dan pengobatan individual sesuai profil genetik setiap pasien. Bioinformatika juga berperan dalam identifikasi agen penyakit baru, diagnosis penyakit baru dan dalam penemuan obat. Aplikasi dari bioinformatika dalam penemuan obat ini menggunakan pendekatan genomik untuk identifikasi target-target obat dan desain senyawa untuk obat yang akan berikatan dengan DNA target.*

*Bioinformatika merupakan suatu bidang interdisipliner yang saling menunjang dengan disiplin ilmu lain. Bidang yang terkait dengan bioinformatika adalah biofisik, biologi komputasi, informatika medis, informatika kimiawi, genomik, proteomik, farmakogenomik dan farmakogenetik.*

*Sarana utama bioinformatika adalah berbagai perangkat lunak yang didukung oleh basis data yang tersedia pada world wide web. Bioinformatika merupakan disiplin ilmu yang sedang berkembang dengan pesat dan para ahli terus menyempurnakan program-program perangkat lunak yang kompleks untuk mencari, memilah-milah, menganalisis, memprediksi, dan menyimpan data-data biologi molekuler yang terus bertambah jumlahnya.*

**Kata kunci:** *Bioinformatika, genom, proteomik, farmakogenetik, farmakogenomik*

### **Pendahuluan**

Bioinformatika adalah aplikasi dari alat komputasi dan analisis untuk menginterpretasikan data-data biologi.<sup>1</sup> Dewasa ini, bioinformatika berkembang menjadi kajian yang memadukan disiplin ilmu biologi molekuler, matematika dan teknik informasi.<sup>2</sup>

Kajian bioinformatika tidak lepas dari perkembangan biologi molekuler modern yang ditandai de-

ngan 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 teknologi informasi melalui perangkat-perangkat keras maupun lunak.

Kelahiran bioinformatika diawali dengan perkembangan bioteknologi di era tahun 70-an, ketika seorang ilmuwan AS melakukan inovasi dalam mengembangkan teknologi DNA rekombinan. Berkat penemuan ini lahir perusahaan bioteknologi pertama di dunia, yaitu Genetech di AS yang memproduksi hormon insulin dalam bakteri.

Bioteknologi modern ditandai dengan kemampuan para ahli dalam memanipulasi DNA. Untai DNA yang mengkode protein disebut gen. Gen ditranskripsikan menjadi mRNA, kemudian mRNA ditranslasikan menjadi protein. Protein sebagai produk akhir berperan menunjang seluruh proses kehidupan, antara lain sebagai katalis reaksi biokimia dalam tubuh (enzim), berperan serta dalam sistem pertahanan tubuh (antibodi), menyusun struktur tubuh dari ujung rambut hingga ujung kaki (protein keratin menyusun rambut; protein aktin, miosin dan sebagainya membentuk otot). Arus informasi dari DNA ke RNA kemudian protein disebut dogma sentral dalam biologi molekul.

Pada tahun 1977, urutan DNA suatu jenis virus yang mempunyai 5.000 nukleotida dan sekitar 11 gen berhasil dibaca secara menyeluruh. Kemajuan besar dalam bidang bioinformatika adalah rampungnya proyek pemetaan genom manusia (*Human Genome Project*) sehingga urutan DNA manusia yang terdiri atas 3 milyar basa telah diketahui pada tanggal

24 April 2003. Rampungnya proyek tersebut membawa perubahan besar dalam riset dan aplikasi bioinformatika dalam masa yang disebut sebagai masa pasca genom.<sup>2</sup>

Saat ini terdapat milyaran data nukleotida tersimpan dalam basis data DNA dari bank-bank gen di AS, Inggris, dan Jepang. Pada beberapa tahun terakhir, telah terjadi ledakan dalam jumlah informasi biologis yang tersedia. Jumlah berbagai basis data melipat ganda setiap 15 bulan dan tersedia data sekuen genom lengkap lebih dari 100 organisme.<sup>3</sup>

### **Bioinformatika dalam Bidang Klinis**

Bioinformatika dalam bidang klinis sering disebut sebagai informasi klinis. Aplikasi dari informasi klinis ini berbentuk manajemen data-data klinis dari pasien melalui *Electrical Medical Record* (EMR) yang dikembangkan oleh Clement J. McDonald dari *Indiana University School of Medicine* pada tahun 1972. McDonald pertama kali mengaplikasikan EMR pada 33 orang pasien diabetes. Sekarang EMR telah diaplikasikan pada berbagai penyakit. Data yang disimpan meliputi data analisis diagnosis laboratorium, hasil konsultasi dan saran, foto *rontgen*, detak jantung, dan lain-lain. Dengan data-data ini dokter akan dapat menentukan obat yang sesuai dengan kondisi pasien.<sup>2</sup>

Aplikasi klinis bioinformatika dapat dilihat dalam jangka

pendek, menengah dan panjang. Pada jangka pendek, analisis bioinformatika dari proyek genom manusia menghasilkan identifikasi gen-gen penyebab penyakit dan target-target obat dapat ditemukan secara simultan. Bioinformatika memungkinkan identifikasi gen-gen yang rentan terhadap mutasi dan menjelaskan jalur patogenik yang terlibat pada penyakit dan menyediakan kesempatan untuk pengembangan target terapi. Baru-baru ini, target-target potensial pada kanker telah diidentifikasi dari profil ekspresi gen.

Proyek genom manusia yang menghasilkan urutan DNA manusia lengkap sangat berpengaruh pada kehidupan manusia. Diprediksikan bahwa di tahun 2020, daftar produk gen manusia yang lengkap dapat menyediakan obat baru dan memungkinkan terapi gen untuk penyakit gen tunggal menjadi suatu hal yang rutin.

Pada jangka panjang, analisis bioinformatika yang terintegrasi dari data genomik, patologik dan klinis pada uji-uji klinis akan memungkinkan reaksi obat dari individu dapat diketahui dengan menggunakan tes genetik yang sederhana. Terutama, farmakogenetik (menggunakan informasi genetik untuk pengobatan secara individual) kelihatannya membawa era baru pada pengobatan individual, pasien akan membawa “kartu hijau” dengan profil genetiknya sendiri untuk obat-obat tertentu sehingga terapi menjadi sangat

individual dan pengobatan yang mengarah pada target ini bebas dari efek samping.<sup>1</sup>

### **Bioinformatika untuk Identifikasi Agen Penyakit Baru**

Bioinformatika juga merupakan sarana yang sangat penting untuk identifikasi agen penyakit yang belum diketahui penyebabnya. Banyak sekali penyakit baru yang muncul dalam dekade ini, di antaranya yaitu SARS (*Severe Acute Respiratory Syndrome*).

Pada awalnya, penyakit ini diduga disebabkan oleh virus influenza karena gejalanya mirip dengan gejala influenza. Namun ternyata dugaan ini salah karena virus influenza tidak terisolasi dari pasien. Perkiraan lain penyakit ini disebabkan oleh jamur *Candida* karena jamur ini terisolasi dari pasien. Tapi perkiraan ini juga salah. Akhirnya ditemukan bahwa sebagian besar pasien SARS terisolasi virus yang morfologinya mirip dengan virus *Corona*. Urutan DNA pada genom virus ini kemudian dibaca dan hasil analisisnya menunjukkan bahwa penyebab SARS adalah virus *Corona* yang telah bermutasi bila dibandingkan dengan virus *Corona* yang ada selama ini.

Pada basis data bank-bank gen, EMBL (*European Molecular Biology Laboratory*) dan DDBJ (*DNA Data Bank of Japan*) telah tersedia data urutan DNA beberapa virus *Corona* yang digunakan untuk mendesain primer yang digunakan

untuk amplifikasi DNA virus SARS ini. Perangkat lunak untuk mendesain primer tersedia, baik yang gratis maupun yang komersial. Contoh yang gratis adalah *Webprimer* yang disediakan oleh *Stanford Genomic Resources* (<http://genome-www2.stanford.edu/cgi-bin/SGD/web-primer>), *GeneWalker* yang disediakan oleh *Cybergene AB* (<http://www.cybergene.se/primerdisain/genewalker>) dan sebagainya. Untuk yang komersial ada *Primer Disainer* yang dikembangkan oleh *Scientific & Education Software*, dan perangkat-perangkat lunak untuk analisis DNA lainnya seperti *Sequencher* (*GeneCodes Corp.*), *SeqMan II* (*DNA STAR Inc.*), *Genetyx* (*GENETYX Corp.*), *DNASIS* (*HITACHI Software*) dan lain-lain.

Hasil proses pencarian kesamaan urutan DNA (*homology alignment*) virus SARS dengan virus lainnya memperlihatkan bahwa genom virus *Corona* penyebab SARS berbeda dengan virus *Corona* lainnya. Bioinformatika dapat digunakan untuk analisis sejauh mana suatu virus berbeda dengan virus lainnya.<sup>2</sup>

### **Bioinformatika untuk Diagnosis Penyakit Baru**

Terdapat beberapa cara untuk mendiagnosis suatu penyakit antara lain isolasi agen penyebab penyakit dan analisis morfologinya, deteksi antibodi yang dihasilkan dari infeksi dengan teknik *enzyme-linked immunosorbent assay*

(ELISA) dan deteksi gen dari agen penyebab penyakit dengan *Polymerase Chain Reaction* (PCR).

Teknik PCR merupakan teknik yang banyak digunakan saat ini karena teknik ini relatif sederhana, praktis dan cepat. Dalam teknik PCR, desain primer untuk amplifikasi DNA merupakan unsur yang penting. Desain primer memerlukan data urutan DNA dari genom agen dan perangkat lunak untuk melakukan desain primer. Untuk agen yang mempunyai genom RNA harus dilakukan transkripsi balik (*reverse transcription*) dahulu dengan menggunakan enzim *reverse transcriptase*. Transkripsi balik dan PCR bisa dilakukan sekaligus melalui teknik RT-PCR (*Reverse Transcription-PCR*).

Teknik PCR bersifat kualitatif, namun *sejak* beberapa tahun yang lalu dikembangkan teknik lain yaitu *Real Time PCR* yang bersifat kuantitatif. Hasil *Real Time PCR* dapat menunjukkan kuantitas suatu agen di dalam tubuh pasien. Pada *Real Time PCR* selain diperlukan primer juga diperlukan probe yang didesain sesuai dengan urutan DNA agen yang dideteksi. Untuk hal itu, penggunaan perangkat lunak atau program bioinformatika sangat diperlukan.<sup>2</sup>

### **Bioinformatika untuk Penemuan Obat**

Baru-baru ini, ada perubahan pada cara obat dikembangkan yang disebabkan pada peningkatan pemahaman biologi molekuler.

Pada waktu yang lalu, molekul-molekul organik sintetik diujikan pada hewan atau pada preparat organ utuh. Ini dapat digantikan dengan pendekatan target molekuler di mana uji tapis *in vitro* senyawa melawan protein rekombinan yang dimurnikan atau *cell line* yang dimodifikasi secara genetik. Perubahan ini mempunyai konsekuensi perlunya pengetahuan yang lebih baik mengenai dasar molekuler penyakit.<sup>3</sup>

Cara untuk menemukan obat biasanya dilakukan dengan menemukan zat atau senyawa yang dapat menekan perkembangan suatu agen penyebab penyakit. Target obat dapat berupa enzim-enzim yang diperlukan untuk memperkembangkan suatu agen. Mula-mula yang harus dilakukan adalah analisis struktur dan fungsi enzim-enzim tersebut. Kemudian mencari atau mensintesis zat atau senyawa yang dapat menekan fungsi dari enzim-enzim tersebut.

Analisis struktur dan fungsi enzim dilakukan dengan cara mengganti asam amino tertentu dan menguji efeknya. Dahulu analisis penggantian asam amino dilakukan secara acak sehingga memerlukan waktu yang lama. Setelah bioinformatika berkembang, data-data protein bebas diakses oleh siapapun, baik data urutan asam amino seperti yang terdapat pada SWIS-PROT (<http://www.ebi.ac.uk/swissprot/>) maupun struktur 3D protein yang tersedia di *Protein Data Bank* (PDB) (<http://www.resb.org/pdb/>).

Enzim yang sedang dipelajari dapat dibandingkan urutan asam aminonya dengan urutan protein pada basis data yang tersedia sehingga dapat diperkirakan asam amino yang berperan untuk aktivitas (*active site*) dan kestabilan enzim tersebut.

Setelah *active site* dan asam amino yang berperan dalam kestabilan enzim diketahui, kemudian dicari senyawa yang dapat berinteraksi dengan asam amino tersebut. Dengan memanfaatkan data yang ada di PDB, maka struktur 3 dimensi suatu enzim dan *active site* dari suatu protein dapat diketahui, sehingga dapat diperkirakan bentuk senyawa yang akan berinteraksi dengan *active site* tersebut. Cara pencarian senyawa yang tepat sebagai obat tersebut dinamakan "docking" dan cara ini telah banyak digunakan oleh perusahaan farmasi untuk strategi penemuan obat baru.<sup>2</sup>

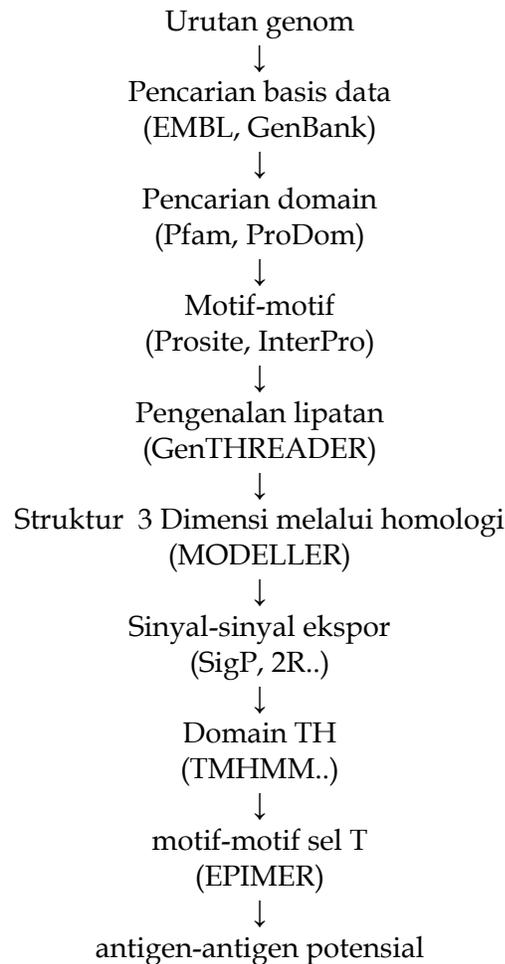
Farmakogenomik adalah aplikasi dari pendekatan genomik dan teknologi pada identifikasi dari target-target obat. Farmakogenomik berakar pada farmakogenetik. Farmakogenetik merupakan studi hubungan antara genotip individu dan kemampuan individu tersebut untuk memetabolisme senyawa asing. Cakupan farmakogenetik cukup luas, dan seperti halnya kedokteran molekuler, bertujuan untuk mendeteksi, memonitor dan menangani penyebab molekuler dari penyakit. Farmakogenetik melibatkan aplikasi teknologi geno-

mik seperti sekuen-sing gen, genetik statistik, dan analisis ekspresi gen terhadap obat pada perkembangan klinik dan uji-uji klinik. Karena berbagai penyakit berkembang sebagai hasil dari gen-gen yang gagal untuk berperan dengan benar, farmakogenetik dapat mengidentifikasi gen-gen atau lokus-lokus yang terlibat dalam menentukan respon dari obat yang diberikan. Melalui cara ini, karakterisasi genetik dari populasi pasien menjadi bagian yang tak terpisahkan dari penemuan obat dan proses pengembangan obat. Farmakogenetik bertujuan menemukan molekul baru dan target terapi baru serta untuk menjelaskan gen-gen yang menentukan kemanjuran dan toksisitas dari pengobatan spesifik.<sup>4</sup>

Semua obat yang dipasarkan dewasa ini hanya sekitar 500 buah produk gen. Genom manusia yang diperkirakan 30.000 hingga

40.000 gen sekarang memunculkan kesempatan baru untuk penemuan obat. Kemajuan pada bidang genomik dan pengurutan DNA menyebabkan penemuan target obat tidak lagi menjadi masalah namun sekaligus merupakan tantangan. Studi penemuan target obat ini terus berkembang sehingga fokus dari bioinformatik pada proses penemuan obat telah berganti dari identifikasi target menjadi validasi target.<sup>3</sup>

Pengetahuan tentang lokasi subselular protein-protein dari agen penyebab penyakit sangat berguna untuk desain suatu vaksin, baik untuk pencegahan maupun terapi, karena protein-protein permukaan atau yang disekresikan berkaitan dengan komponen-komponen antigenik. Gambar 1 menjelaskan bagaimana protein-protein antigenik dapat ditemukan.<sup>5</sup>



Gambar 1. Skema untuk mengidentifikasi protein-protein yang berpotensi sebagai antigen dengan menggunakan sarana bioinformatik untuk menganalisis data genom. Basis data atau program yang digunakan dicantumkan di dalam tanda kurung (modifikasi dari Cole 2002).

Setelah target-target obat yaitu protein-protein agen penyakit yang berperan sebagai enzim, antigen dan sebagainya diketahui, maka dicari atau disintesis zat atau senyawa yang dapat menekan fungsi dari protein-protein tersebut. Senyawa-senyawa yang da-

pat ber-ikatan dengan DNA target secara spesifik terus dipelajari. Senyawa obat tersebut harus memenuhi sejumlah kriteria untuk dapat efektif dalam mengobati penyakit pada manusia. Senyawa-senyawa itu harus dapat ditranspor secara aktif melalui membran

sel dan resisten terhadap degradasi intrasel. Spesifisitas urutan harus tinggi dan panjang urutan target harus cukup panjang untuk memberikan *gene targeting* yang efektif. Afinitas ikatan haruslah cukup tinggi untuk memungkinkan obat menghambat peran fungsional dari urutan DNA yang menjadi targetnya. Dua kelas besar dari senyawa yang digunakan untuk obat adalah:

1. Senyawa yang mirip asam nukleat.

Senyawa yang mirip asam nukleat seperti peptide nucleic acids (PNAs) dapat membentuk hibrid yang stabil dengan RNA maupun DNA. PNAs terdiri atas homopirimidin yang membentuk tripleks dengan DNA untai ganda. PNAs menghambat polimerisasi DNA, polimerisasi RNA, transkripsi balik dan pengikatan faktor transkripsi.

2. Ligan yang berikatan dengan lekuk pada struktur DNA.

Ligan-ligan yang berikatan dengan lekuk minor pada struktur DNA mempunyai karakteristik yaitu bentuk annular yang dibentuk oleh cincin aromatik yang cocok dengan bentuk kurva dari lekuk minor DNA, muatan kation yang menyediakan afinitas untuk potensial elektrostatis negatif pada lekuk, dan memiliki atom-atom yang mendonorkan atau menerima ikatan H. Ligan-ligan ini dapat menginhibisi pengikatan faktor transkripsi, aktivitas to-

poisomerase I dan II dan aktivitas helikase. Ligan-ligan ini juga mempengaruhi arsitektur inti dan menghambat transkripsi dan replikasi.<sup>6</sup>

Kelompok kerja mengenai aplikasi genomik pada obat dan diagnostik telah dibentuk oleh Komite Patogenesis dan Aplikasi Genomik di bawah Komite Penelitian Dasar dan Strategis WHO untuk memajukan aplikasi pendekatan genomik untuk:

- Identifikasi dan validasi target baru dari obat atau insektisida menggunakan informasi genomik dalam kaitan dengan teknologi baru, namun tidak terbatas pada *RNA interference*, sistem gen yang diinduksi, *genome-wide mutagenesis*, analisis ekspresi genom, dan bioinformatik dengan fokus khusus pada African trypanosomiasis, penyakit Chagas, leishmaniasis, malaria, tuberculosis, dan vektor serangga yang relevan.
- Identifikasi dan validasi target berguna dalam mengembangkan diagnostik untuk African trypanosomiasis.
- Pengembangan uji untuk infeksi leprosy awal melalui kombinasi metode genomik dan molekuler.
- Penggunaan pendekatan baru untuk mengidentifikasi interaksi target dan ligan yang berkaitan dengan pertumbuhan organisme atau progresi penyakit, dan penggunaan informasi genom untuk mengi-

- identifikasi target obat atau insektisida yang terkait.
- Analisis organisme resisten obat dan respon terhadap kemoterapi menggunakan pendekatan genomik menyeluruh seperti *transcriptional profiling*, proteomik dengan tujuan mengidentifikasi target obat baru dan memahami mekanisme resistensi.
  - Perkembangan model sel utuh untuk uji tapis obat atau insektisida baru dan pengawasan target.
  - Identifikasi target obat atau insektisida baru yang potensial melalui analisis genom.
  - Identifikasi target pada vektor serangga melalui penggunaan genomik dan aplikasinya untuk mencegah penyebaran penyakit.
  - Perkembangan metode analisis genom fungsional, termasuk ekspresi gen yang diinduksi dan pendekatan mutagenesis genom menyeluruh, untuk identifikasi dan validasi target obat atau insektisida.<sup>7</sup>

Walaupun usaha penemuan obat baru tersebut harus diteliti dahulu melalui eksperimen di laboratorium, namun dengan bioinformatika maka semua proses menjadi lebih efisien, baik dari segi waktu maupun finansial.<sup>2</sup>

### Cabang-cabang Ilmu yang Terkait dengan Bioinformatika

- Biofisik

Biofisik adalah sebuah bidang interdisipliner yang mengaplikasikan teknik-teknik dari ilmu fisika untuk memahami struktur dan fungsi biologi. Biologi molekuler merupakan pengembangan dari biofisik. Biofisik terkait dengan bioinformatika karena penggunaan teknik-teknik dari ilmu fisika untuk memahami struktur membutuhkan penggunaan teknologi informasi.

- Biologi komputasi  
Biologi komputasi merupakan bagian dari bioinformatika yang berfokus pada gerak evolusi, populasi dan biologi teoritis dalam molekul dan sel. Pada penerapan biologi komputasi, model-model statistika untuk fenomena biologi sering dipakai.
- Informatika medis  
Informatika medis lebih memperhatikan struktur dan algoritma untuk pengolahan data medis.
- Informatika kimiawi  
Informatika kimiawi adalah kombinasi dari sintesis kimia, penyaringan biologis dan penggalian data yang digunakan untuk penemuan dan pengembangan obat.
- Genomik  
Genomik adalah bidang ilmu yang bahkan sudah ada sebelum rampungnya urutan DNA genom. Genomik mencakup analisis dan perbandingan seluruh komponen genetik dari satu spesies atau lebih.

- Biologi matematis  
Biologi matematis menangani masalah biologi namun metode penanganan masalah tidak perlu secara numerik dan tidak perlu diimplementasikan dalam perangkat lunak maupun keras.
- Proteomik  
Proteomik merupakan ilmu yang mempelajari semua protein di dalam sel, himpunan dari semua bentuk isoform dan modifikasi dari semua protein, interaksi di antara protein, deskripsi struktur protein, dan kompleks-kompleks orde tingkat tinggi dari protein.
- Farmakogenomik  
Farmakogenomik adalah aplikasi dari pendekatan genomik dan teknologi pada identifikasi dari target-target obat.
- Farmakogenetik  
Tiap individu mempunyai respon yang berbeda terhadap obat, sebagian orang memberikan respon positif, sebagian menunjukkan sedikit perubahan pada kondisi mereka dan ada juga yang mendapatkan efek samping atau reaksi alergi. Farmakogenetik adalah bagian dari farmakogenomik yang menggunakan bioinformatika untuk mengidentifikasi hubu-

ngan-hubungan genomik, contohnya SNP (*Single Nucleotide Polymorphisms*) dan karakteristik dari profil respon pasien tertentu, kemudian informasi-informasi tersebut digunakan untuk pengembangan terapi. Secara mengherankan pendekatan tersebut ternyata dapat digunakan untuk “menghidupkan kembali” obat-obatan yang sebelumnya dianggap tidak efektif, namun ternyata manjur pada sekelompok pasien tertentu.<sup>2</sup>

### **Sarana dan Analisis Bioinformatika**

Sarana utama untuk para ahli bioinformatika adalah perangkat lunak komputer dan internet. Aktivitas mendasar adalah analisis urutan DNA dan protein menggunakan berbagai program dan basis data yang tersedia pada *world wide web*. Bioinformatika adalah disiplin ilmu yang sedang berkembang dan para ahli bioinformatika sekarang menggunakan program-program perangkat lunak yang kompleks untuk mencari, memilah-milah, menganalisis, memprediksi, dan menyimpan data urutan DNA dan protein.<sup>1</sup>

**Tabel 1. Beberapa website bioinformatika yang dapat diakses secara gratis melalui internet<sup>1</sup>**

Inststitusi	Alamat dan Keterangan
National Center for Biotechnology Information	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/</a> Sarana bioinformatika dan basis data
National Center for Genome Resources	<a href="http://www.ncgr.org/">www.ncgr.org/</a> Pengembangan kolaborasi, data, dan perangkat lunak
GenBank	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank">www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank</a> Menyimpan dan mengarsipkan urutan DNA
Unigene	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Unigene">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Unigene</a> Koleksi urutan gen yang berisi data lokasi gen pada kromosom
European Bioinformatic Institute	<a href="http://www.ebi.ac.uk/">http://www.ebi.ac.uk/</a> Pusat untuk penelitian dan pelayanan dalam bioinformatika, pengaturan basis data biologis
Ensembl	<a href="http://www.ensembl.org/">http://www.ensembl.org/</a> Basis data keterangan otomatis pada genom
BioInform	<a href="http://www.bioinform.com/">http://www.bioinform.com/</a> Pelayanan bioinformatika global
SWISS-PROT	<a href="http://www.expasy.org/sprot/">http://www.expasy.org/sprot/</a> Basis data protein penting dengan data urutan protein dari semua organisme dengan keterangan lengkap (fungsi, struktur, dan variasi)
International Society for Computational Biology	<a href="http://www.iscb.org/">www.iscb.org/</a> Betujuan memajukan pemahaman sains dari sistem hidup melalui komputasi, mempunyai <i>link-link</i> bioinformatik yang berguna

Cara termudah untuk mengidentifikasi basis data adalah dengan mencari sarana bioinformatik dan basis data dengan menggunakan mesin pencari (*search engine*) yang banyak digunakan.

Cara lain untuk mengidentifikasi sumber-sumber bioinformatika adalah melalui *link-link* basis data dan indeks pencari yang disediakan oleh basis data publik. Sebagai contoh, *National Center for*

*Biotechnology Information* ([www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)) menyediakan *Entrez browser* yang merupakan sistem pengambil basis data terintegrasi yang menyediakan integrasi antara basis data urutan DNA dan protein.

Salah satu sarana pencari yang sederhana dan banyak digunakan adalah BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*, di [www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/)). Perangkat lunak ini mempunyai kemampuan untuk mencari basis data untuk gen-gen dengan struktur nukleotida yang sama dan menyediakan perbandingan dari DNA atau urutan asam amino yang tidak diketahui dengan ratusan bahkan ribuan urutan DNA atau asam amino dari manusia atau organisme lain hingga kesamaan ditemukan. Adanya kesamaan yang disebut homologi ini berkaitan dengan divergensi dari nenek moyang yang sama atau mempunyai fungsi yang sama.<sup>1</sup>

### Simpulan

Bioinformatika adalah teknologi pengumpulan, penyimpanan, analisis, dan aplikasi dari data-data biologi terutama biologi molekuler. Bioinformatika berperan dalam bidang klinis dalam bentuk informasi klinis, identifikasi mutasi gen-gen penyebab penyakit, terapi gen, dan pengobatan individual sesuai profil genetik setiap pasien di masa mendatang. Bioinformatika berperan dalam identifikasi agen penyakit baru, diagnosis pe-

nyakit baru, dan dalam penemuan obat. Aplikasi dari bioinformatika dalam penemuan obat ini memunculkan bidang ilmu baru yaitu farmakogenomik yang menggunakan pendekatan genomik untuk identifikasi target-target obat. Setelah target-target obat berupa protein-protein agen penyebab penyakit diketahui, maka dicari atau disintesis zat atau senyawa yang dapat menekan fungsi dari protein-protein tersebut. Senyawa yang digunakan untuk obat dapat dibagi menjadi dua kelas besar yaitu senyawa yang mirip asam nukleat dan ligan yang berikatan dengan lekuk pada struktur DNA.

Bioinformatika merupakan suatu bidang interdisipliner yang saling menunjang dengan disiplin ilmu lain. Bidang yang terkait dengan bioinformatika adalah biofisik, biologi komputasi, informatika medis, informatika kimiawi, genomik, proteomik, farmakogenomik dan farmakogenetik.

Sarana utama bioinformatika adalah sejumlah perangkat lunak yang didukung oleh basis data yang tersedia pada *world wide web*. Sejumlah program perangkat lunak dapat diakses secara gratis melalui internet sehingga kegiatan pencarian, analisis, prediksi dan penyimpanan data-data biologi molekuler dapat dilakukan dengan relatif mudah. Bioinformatika merupakan bidang ilmu yang sedang berkembang pesat karena informasi biologis terus bertambah dengan cepat dan para ahli terus

menyempurnakan sarana-sarana pendukung yang ada.

### Daftar Pustaka

1. **Bayat, A.** 2002. *Science, Medicine, and the Future: Bioinformatics*. BMJ 324:1018-1022.
2. **Aprijani, D. A. & Elfaizi, M. A.** 2004. *Bioinformatika: Perkembangan, Disiplin Ilmu dan Penerapannya di Indonesia*. <http://bebas.vlsm.org/v06/Kuliah/SistemOperasi/2003/50/Bioinformatika.pdf>. Accessed on 4/6/05.
3. **Raghava G. P. S.,** 2005. *Bioinformatics Web. Bioinformatics and Drug Discovery*. <http://www.geocities.com/bioinformaticsweb/drugdiscovery.html?200519>. Accessed on 3/19/2005.
4. **Emilien, G., Ponchon, M., Caldas, C., Isacson, O., Maloteaux, J.M.** 2000. *Impact of Genomics on Drug Discovery and Clinical Medicine*. QJ Med 93:391-423.
5. **Cole, S.T.** 2002. *Comparative Mycobacterial Genomics as a Tool for Drug Target and Antigen Discovery*. European Respiratory J. Suppl. 36, 78s-86s.
6. **Turner, P.R.& Denny, W.A.** 2000. *The Genome as a Drug Target: Sequence Specific Minor Groove Binding Ligands*. Current Drug Targets I:1-14.
7. **Oduola, A.M.J.** 2004. *Special Programme for Research & Training in Tropical Diseases*. UNICEF/UNDP/World Bank/WHO.

