

Lembar Kerja Peserta Didik

LKPD

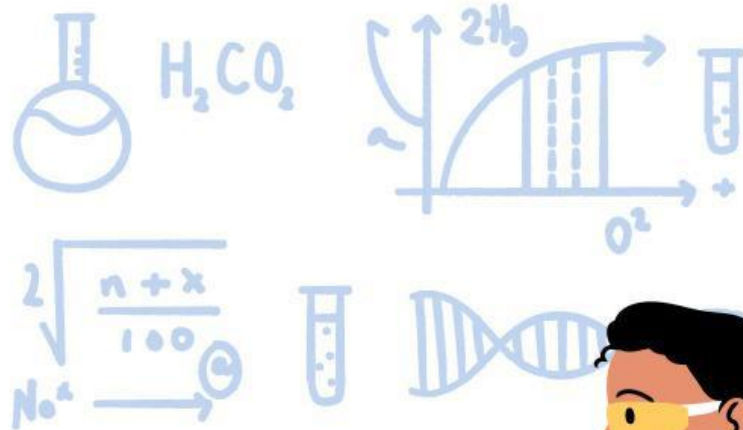
BAB: GENETIKA

MATERI: REKAYASA GENETIKA

NAMA :

KELAS :

KELOMPOK :



PENDAHULUAN

A. Apersepsi

Pertanyaan	Jawaban
Apakah yang kamu ketahui tentang genetik?	
Apakah kamu tahu dan pernah menggunakan SMS?	
Apakah kamu tahu dan pernah menggunakan NCBI	
Penyakit-penyakit genetik apa yang kamu ketahui?	
Apa yang kamu ketahui tentang penyakit obesitas?	
Bagaimana peran bioteknologi dalam pengembangan obat?	

Tontonlah video berikut

a) Genetika

https://youtu.be/8rbMQwzmQrk?si=A1_AuTa2CTlmMoDO



b) Gen Obesitas

https://youtu.be/jufMNsJxD-4?si=fw_y7cOnXVMqyrlk



c) Bioteknologi Pengembangan Obat

https://youtu.be/PN_laYMtTdU?si=IqmbOEDc7wP7AGCu



INVESTIGASI

Obesitas atau kegemukan berlebih adalah masalah kesehatan besar di seluruh dunia. Tidak hanya membuat orang merasa tidak nyaman, tapi juga meningkatkan risiko terkena penyakit serius seperti diabetes, jantung, dan kanker. Selain pola makan dan gaya hidup, para ilmuwan juga menemukan bahwa gen (faktor keturunan) ikut berperan dalam menyebabkan obesitas. Artinya, ada orang yang memang lebih mudah gemuk karena faktor genetik.

Obesitas adalah masalah global yang terus meningkat dan berkontribusi terhadap berbagai penyakit kronis seperti diabetes tipe 2, gangguan kardiovaskular, dan kanker. Faktor genetik diketahui berperan signifikan dalam kecenderungan terhadap obesitas, namun masih banyak gen yang belum ter karakterisasi secara tuntas.

a. Identifikasi dan Eksplorasi Gen Obesitas

1. Melakukan identifikasi gen FTO, PPARG, ADRB3, dan FABP2 yang berperan dalam obesitas dengan mencari informasi mengenai lokasi gen, fungsi, serta kaitannya dengan penyakit metabolik.
2. Mengunduh sekuens gen FTO, PPARG, ADRB3, dan FABP2 dalam format FASTA, baik berupa sekuens DNA maupun protein.

Berikut merupakan data mengenai masing-masing gen obesitas pada manusia

Simbol	Nama	Lokasi	Jaringan/Ekspresi	Fungsi	Patologi Penyakit
FTO	FTO α -ketoglutarate dependent dioxygenase	16q12.2	Otak, kelenjar adrenal, dan 25 jaringan lainnya	Membalikkan kerusakan DNA dan RNA terakumulasi oleh demetilasi oksidatif	Hubungan yang kuat dengan BMI, risiko obesitas dan T2DM
PPARG	peroxisome proliferator activated receptor γ	3p25.2	Ekspresi bias pada lemak, kandung kemih, usus besar, lambung, dan sembilan jaringan lainnya	Membantu dalam mengatur transkripsi berbagai gen; pengatur diferensiasi adiposit	obesitas, DM, aterosklerosis, kanker
ADRB3	adrenergic receptor β 3	8p11.23	Ovarium, kandung kemih, plasenta, dan dua jaringan lainnya	Memediasi aktivasi adenilat siklase yang diinduksi katekolamin melalui aksi protein G; terlibat dalam regulasi lipolisis dan termogenesis	obesitas dan gangguan terkait berat badan
FABP2	fatty acid-binding protein 2	4q26	Usus halus, usus dua belas jari, usus besar	Protein pengikat asam lemak, penyerapan, metabolisme intraseluler, pengangkutan asam lemak rantai panjang; dapat bertindak sebagai sensor lipid untuk mempertahankan homeostasis energi	obesitas, penyakit ginjal, gangguan metabolisme

1. Buka situs NCBI melalui peramban Google Chrome atau akses langsung melalui tautan berikut: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene>.
2. Pada kolom pencarian (search bar), ketik nama gen yang berkaitan dengan obesitas, misalnya "FTO".
3. Setelah hasil pencarian ditampilkan, pilih gen FTO yang berasal dari Homo sapiens.
4. Gulir halaman ke bawah hingga Anda menemukan bagian berlabel "FASTA", kemudian klik pada tautan tersebut.
5. Setelah halaman FASTA terbuka, klik tombol "Send to" yang biasanya terletak di bagian kanan atas.
6. Pilih opsi "Gene Features" dari menu yang tersedia.
7. Terakhir, klik tombol "Create File" untuk mengunduh file dalam format FASTA.

The screenshot displays the UCSC Genome Browser interface for the NC_000016.10 (Chromosome 16) reference assembly. The main track shows the genomic region from 33,650,000 to 34,150,000 bp. Key features include:

- Genes:** FTO, HNRNPA2B1, HNRNPA2B2.
- Biological Regions:** enhancer, exon, intron.
- Annotations:** RefSeq, Ensembl, ClinVar, RNA-seq.
- Right Sidebar:** ClinVar, Conserved Domains, dbVar, Full text in PMC, Functional Class, GAP, Gene neighbors, Genes with a similar H3K4me3 profile, Genome, GEO Profiles, GTR, MedGen, Nucleotide, OMIM, Protein, PubChem Compound, PubChem Substance, PubMed, PubMed (GeneRIF).

Nucleotide [Advanced](#)

FASTA

Homo sapiens chromosome 16, GRCh38.p14 Primary Assembly

NCBI Reference Sequence: NC_000016.10

[GenBank](#) [Graphics](#)

>NC_000016.10:53703963-54121941 Homo sapiens chromosome 16, GRCh38.p14 Primary Assembly

```
CTACGCTCTTCAGCTGCTCGGACCTGGGAAATCTCTCTGTGCTAAATCCCTGGGCTCGCGGGTGTGCG
CGCGGTGCACTCTGGGAGTGTGATGTTTTCTACTCAGAGGGAGAAATGCTCTCAGACGGGACGAGGACGC
TGAGAGAACTACATGCAAGGAGCGGGGCTCAGGGCGAGGGATCTACGAGGATTTGCGGTGGCGAAGCGGCG
TTTAGTGGCAGCATGAAGCGCACCCCGACTGCGAGGAAACGAGAGCGGAGCTAAGGATATGTCGGGCTC
CCGGGCGCTGAGATCTTCGTGCGCTGTGAGCAAGGATCAGGGAACGGAAAGGCTTGGTTGATGGCGGA
CGCGATGCGCGGTGTTAAATGAAGGATGACAGGGCTTGTGACGAAAGGACCTGGAGATATTAGAGGGG
ATGTTACAAATTCGTGCTCTCAGGATCAGGCGCAAGCTTGTGGATCGGCTCAAAAATGAGAGCGCAAG
ATACCCATCTCTCTGCTCTCTCTGCTCATTTCTTGGTAAATTTGTGCGCATCCCTGTGCTCTCAAGT
TTACGGGATCTCAGATGACTGTGATCATACCAAGCTGTGCTTTCTCATATGGTCTCTGAGGACTGAGAT
CGGCTTAGATGAAATATCTGTGCACTGCTGTGCTTTCTTGGAAACATTTGCTCCGTGACCGCTGATA
ACAGTTGTGCTTTTAGCGCTGTGGATATGAATCTTTAACTACATTTGCTCTCTACCTTTGATGTTCT
AGCTCTGGTAGTGCCATTCCATGGGATGACATAAATGGCAACAGAGATTTAAAGGCAATTTATT
GTGGGTGAGGACCTGATTAAGTGCATAATATTTAAATATTTCAATATCTGTCACAGCAGATGCAAG
ATGATATTATACAGATGGGATATAAAATACAGCCCAAGCTTCACAGATGAAGAACTGAGGCTCAGAAACA
TTGAGTGTGTTCTTCTCTCATCTCCCAAACTCAGATCGCTGTGATTTGTCTAGCTATATTGGGAAATG
CCCACTTTTTTTTTTTCATCTCCACTACCTTGGACCAAGCTACCAATATCTTTAAATAGACTGTGG
AATAGCTATTGATTGGCTACACTCACTCTACACCCCTAACTTAACTCTCTCTCACTCTCTCTCTCTCT
CTCAACTACCATCTCTCTCTGACACCATAGAGTAAGATCTCGTGAAATGCAATATAAATATGTCCTC
TTTCTTTCTCTTACTCTGCAACCACTGTGTTTTAAATATTTCCATGCTCTCTGCTCTCTAGGATA
AAGGCAAACTTACATTTGCTCAAGATCTGCTGATCTGGACCTACTGCTTTCAACACCCGCTGAT
GATATGACACTCTGCTCTGCTCAGCAGCTCACTTTGGCTCTTAAAGGCTCACTCTTCACTATACTTTA
TCGGGCTCTCAGGGCTTTGACATGTGATTTGCTGCTACTCTATGTTAGGCAAAATTTGGCAGTGAATA
ACAGTGTGTTAAATACGTAGACAGCTGTTGCTTTCTAGAAATTTCACTCTACAGTGAGGTCTGTTAGG
GCAATACACTAAGGATTTAAATATAAAATCTGCTCTATATGACCTGAGTATTGTCAGTATTCTGTAAG
AAGGCAAAATTTCTAGTGTAGCTGATATGATGCTGATATGATTAAGGATAGCTCAAGGAT
```

☐ Complete Record
☐ Coding Sequences
☒ Gene Features

Download gene features.

Format
FASTA Nucleotide

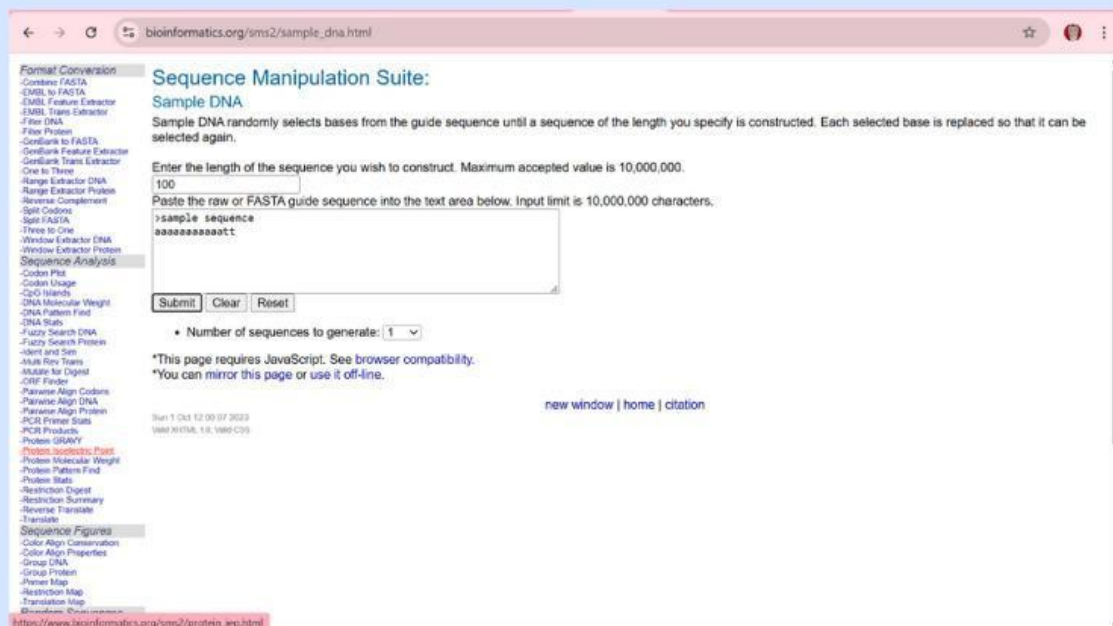
c. Tahapan-tahapan menggunakan SMS (Sequence Manipulate Suite)

1. Klik link untuk mengakses website SMS (Sequence Manipulate Suite)

<https://www.bioinformatics.org/sms2/>



2. Selanjutnya, klik Sample DNA



3. Kemudian, sequence DNA yang sebelumnya sudah di dapat pada website NCBI

bioinformatics.org/sms2/sample_dna.html

Sequence Manipulation Suite:
Sample DNA
Sample DNA randomly selects bases from the guide sequence until a sequence of the length you specify is constructed. Each selected base is replaced so that it can be selected again.

Enter the length of the sequence you wish to construct. Maximum accepted value is 10,000,000.
100

Paste the raw or FASTA guide sequence into the text area below. Input limit is 10,000,000 characters.

K3986389.1 Synthetic construct Homo sapiens clone
ccsbroadin_15979 FTO gene, encodes complete protein
GTTCTGTGACACAAATTGATGAGCAATGCTTTTATATATGCAACTTTGTACAAAAAGTT
GGCATGTC
ATGCCAGGGCAGAGAGGAGTGTGTTGGTCCAGTCACGAATTGCCCCGAACATTACCTGCTGATC
AGAAAGCCA

Submit Clear Reset

Number of sequences to generate: 1

*This page requires JavaScript. See browser compatibility.
*You can mirror this page or use it off-line.

new window | home | citation

Sun 1 Oct 12 00:07 2023
VMM XHTML 1.0 VMM CSS

4. Kemudian, klik Submit dan nantinya akan muncul hasil potongan DNA

about:blank

Sample DNA results

>sampled sequence 1 consisting of 100 bases.
GGGAGTCCCGGCTCCTGGCAAGACCTNCCAATTATGATGATCACTGTGGATGGGTAAAG
TCTCCTTGGATATGAATGTCCAGATCCTTACTAGACGTC

new window | home | citation

Sun 1 Oct 12 00:07 2023
VMM XHTML 1.0 VMM CSS

5. Selanjutnya, dilakukan perlakuan yang sama oleh 3 gen lainnya

6. Translate → Menerjemahkan sekuens DNA menjadi protein.

- Reverse Complement → Untuk memahami orientasi rantai DNA.
- ORF Finder → Menemukan kerangka baca terbuka (Open Reading Frames) pada gen target.
- GC Content → Menilai kestabilan gen berdasarkan kadar GC.
- Protein Stats → Mengetahui berat molekul, komposisi asam amino.

Tujuan: Menyaring kandidat target dan menyiapkan data untuk docking molekul obat.

7. Desain dan Pemodelan Molekul Obat Awal (Konseptual)

- Berdasarkan protein target dari FTO, PPARG, ADRB3, dan FABP2, sekuens protein yang telah dianalisis dapat dijadikan dasar desain obat.
- Senyawa bisa dipilih berdasarkan literatur atau basis data obat seperti DrugBank (langkah ini di luar NCBI/SMS, tapi bersifat tambahan).

JAWABAN:

Harap jawab pertanyaan berikut lagi.

Pertanyaan	Jawaban
Apakah yang kamu ketahui tentang genetik?	
Apakah kamu tahu dan pernah menggunakan SMS?	
Apakah kamu tahu dan pernah menggunakan NCBI	
Penyakit-penyakit genetik apa yang kamu ketahui?	
Apa yang kamu ketahui tentang penyakit obesitas?	
Bagaimana peran bioteknologi dalam pengembangan obat?	

Mari kita lihat kembali jawaban Anda sebelum dan sesudah kegiatan ini. Jika jawaban Anda kini lebih lengkap dan jelas, selamat! Artinya pemahaman Anda meningkat.

Namun jika belum ada perubahan, jangan khawatir. Itu tandanya masih ada ruang untuk belajar. Silakan pelajari kembali materinya dan jangan ragu untuk berdiskusi dengan guru atau teman. Terus semangat, karena pemahaman akan datang seiring usaha!