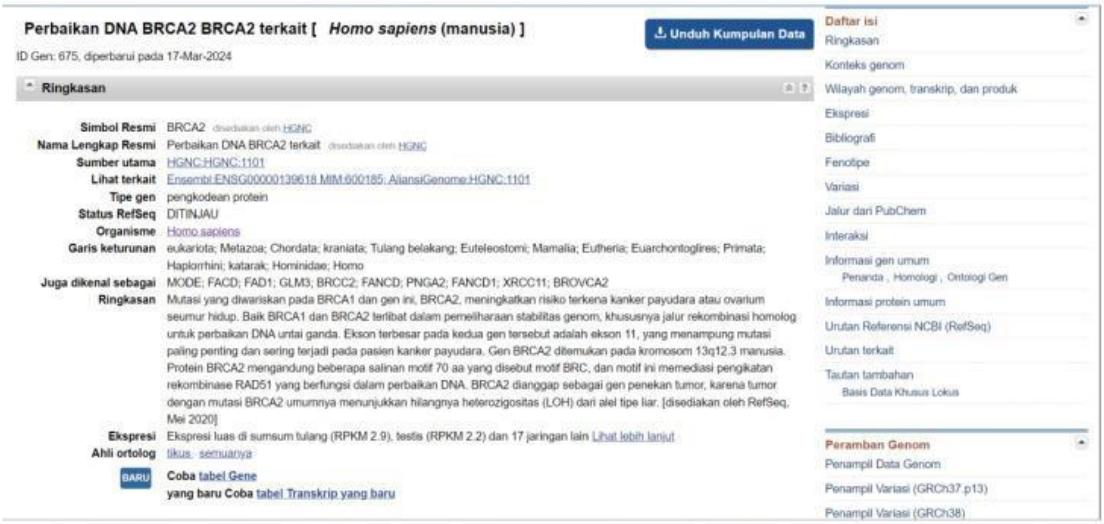
COMPUTATIONAL THINKING TEST USING BIOLOGICAL DATABASE

Nama	:	Jurusan	:
Jenis Kelamin	:	Semester	:
Umur	:	Universitas	:

1. Seorang peneliti ingin mengetahui database NCBI gen BRCA untuk data penelitiannya. Ia kemudian membuka laman https://www.ncbi.nlm.nih.gov/ dengan mengetik "BRCA *gene*" dan mengklik *search*. Kemudian muncul berbagai nama gen beserta ID-nya. Peneliti tersebut memilih gen BRCA2 dengan ID 675 seperti pada gambar berikut (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/675).



Terdapat beberapa pernyataan berkaitan dengan informasi pada gambar di atas:

1) Mutasi BRCA2 menyebabkan hilangnya homozigositas tipe liar
2) BRCA1 dan BRCA2 beresiko meningkatkan kanker payudara
3) Gen BRCA2 dapat menghambat poliferasi sel berlebih
4) Ekson 11, daerah mutasi yang sering terjadi pada kanker payudara
5) Motif BRC meningkatkan efek negatif dari mutasi gen

Apa saja informasi yang dapat diuraikan dari informasi di atas untuk membantu peneliti memahami mutasi pada gen BRCA2 ID 675?

a. 1, 2, dan 3
b. 3, 4, dan 5
c. 2, 3, dan 4
d. 2, 4, dan 5

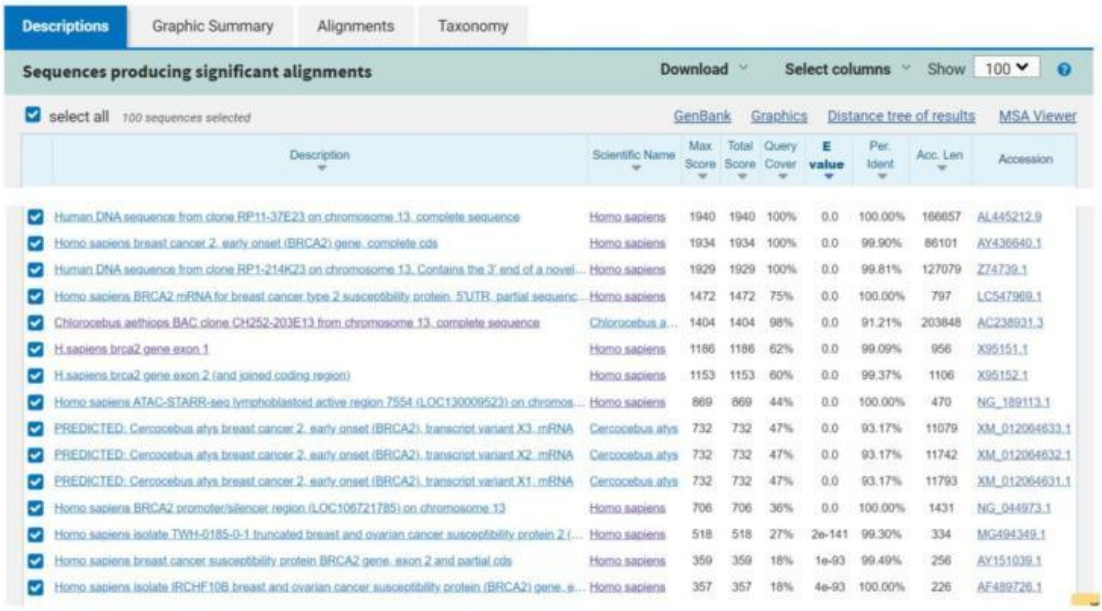
2. Masih pada laman yang sama dengan gambar di atas (soal nomor 1), peneliti menggulir laman tersebut ke bawah dan menemukan menu FASTA untuk mengetahui susunan

LIVEWORKSHEETS

nukleotida yang menyusun gen BRCA2 ID 675. Peneliti kemudian menyalin sejumlah baris susunan nukleotida tersebut seperti di bawah ini.

```
>NC_000013.11:sample
AGAGGCGGAGCCGCTGTGGCACTGCTGCGCCTCTGCTGCGCCTCGGGTGTCTTTTGCGGCGGTGGGTCGC
CGCCGGGAGAAGCGTGAGGGGACAGATTTGTGACCGGCGCGGTTTTTGTCAGCTTACTCCGGCCAAAAAA
GAACTGCACCTCTGGAGCGGGTTAGTGGTGGTGGTAGTGGGTTGGGACGAGCGCGTCTTCCGCAGTCCCA
GTCCAGCGTGGCGGGGGAGCGCCTCACGCCCCGGGTCGCTGCCGCGGCTTCTTGCCCTTTTGTCTCTGCC
AACCCCCACCCATGCCTGAGAGAAAGGTCCTTGCCCGAAGGCAGATTTTCGCCAAGCAAATTCGAGCCCC
GCCCCTTCCCTGGGTCTCCATTTCCCGCCTCCGGCCCGGCCTTTGGGCTCCGCCTTCAGCTCAAGACTTA
ACTTCCCTCCCAGCTGTCCCAGATGACGCCATCTGAAATTTCTTGGAAACACGATCACTTTAACGGAATA
TTGCTGTTTTGGGGAAGTGTTTTACAGCTGCTGGGCACGCTGTATTTGCCTTACTTAAGCCCCTGGTAAT
TGCTGTATTCCGAAGACATGCTGATGGGAATTACCAGGCGGCGTTGGTCTCTAACTGGAGCCCTCTGTCC
CCACTAGCCACGCGTCACTGGTTAGCGTGATTGAAACTAAATCGTATGAAAATCCTCTTCTCTAGTCGCA
CTAGCCACGTTTCGAGTGCTTAATGTGGCTAGTGGCACCGGTTTGGACAGCACAGCTGTAAAATGTTCCC
ATCCTCACAGTAAGCTGTTACCGTTCCAGGAGATGGGACTGAATTAGAATTCAAACAAATTTTCCAGCGC
TTCTGAGTTTTACCTCAGTCACATAATAAGGAATGCATCCCTGTGTAAGTGCATTTTGGTCTTCTGTTTT
GCAGACTTATTTACCAAGCATTGGAGGAATATCGTAGGTAAAAATGCCTATTGGATCCAAAGAGAGGCCA
ACATTTTTTGAAATTTTTAAGACACGCTGCAACAAAGCAGGTATTGACAAATTTTATATAACTTTATAAA
```

Salinan susunan nukleotida di atas dimasukkan ke dalam *box Nucleotida Blast* untuk mengetahui kekerabatan gen BRCA2 ID 675 dengan gen lainnya. Hasilnya muncul seperti gambar di bawah ini.



Descriptions | Graphic Summary | Alignments | Taxonomy

Sequences producing significant alignments — Download — Select columns — Show 100

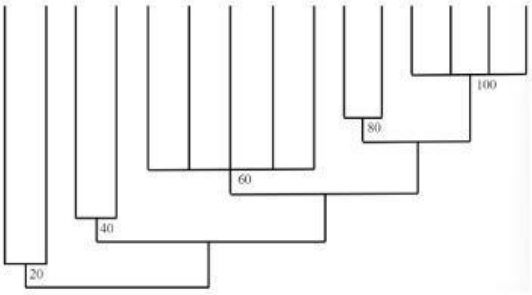
select all 100 sequences selected — GenBank | Graphics | Distance tree of results | MSA Viewer

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Human DNA sequence from clone RP11-37E23 on chromosome 13, complete sequence	Homo sapiens	1940	1940	100%	0.0	100.00%	166657	AL445212.9
Homo sapiens breast cancer 2, early onset (BRCA2) gene, complete cds	Homo sapiens	1934	1934	100%	0.0	99.90%	86101	AY436640.1
Human DNA sequence from clone RP1-214K23 on chromosome 13, Contains the 3' end of a novel...	Homo sapiens	1929	1929	100%	0.0	99.81%	127079	Z74739.1
Homo sapiens BRCA2 mRNA for breast cancer type 2 susceptibility protein, 5'UTR, partial sequenc...	Homo sapiens	1472	1472	75%	0.0	100.00%	797	LC547969.1
Chlorocebus aethiops BAC clone CH252-203E13 from chromosome 13, complete sequence	Chlorocebus a...	1404	1404	98%	0.0	91.21%	203848	AC238931.3
H.sapiens brca2 gene exon 1	Homo sapiens	1186	1186	62%	0.0	99.09%	956	X95151.1
H.sapiens brca2 gene exon 2 (and joined coding region)	Homo sapiens	1153	1153	60%	0.0	99.37%	1106	X95152.1
Homo sapiens ATAC-STARR-seq lymphoblastoid active region 7554 (LOC130009523) on chromos...	Homo sapiens	869	869	44%	0.0	100.00%	470	NG_189113.1
PREDICTED: Cercocebus atys breast cancer 2, early onset (BRCA2), transcript variant X3, mRNA	Cercocebus atys	732	732	47%	0.0	93.17%	11079	XM_012064633.1
PREDICTED: Cercocebus atys breast cancer 2, early onset (BRCA2), transcript variant X2, mRNA	Cercocebus atys	732	732	47%	0.0	93.17%	11742	XM_012064632.1
PREDICTED: Cercocebus atys breast cancer 2, early onset (BRCA2), transcript variant X1, mRNA	Cercocebus atys	732	732	47%	0.0	93.17%	11793	XM_012064631.1
Homo sapiens BRCA2 promoter/silencer region (LOC106721785) on chromosome 13	Homo sapiens	706	706	36%	0.0	100.00%	1431	NG_044973.1
Homo sapiens isolate TWH-0185-0-1 truncated breast and ovarian cancer susceptibility protein 2 (...	Homo sapiens	518	518	27%	2e-141	99.30%	334	MG494349.1
Homo sapiens breast cancer susceptibility protein BRCA2 gene, exon 2 and partial cds	Homo sapiens	359	359	18%	1e-93	99.49%	256	AY151039.1
Homo sapiens isolate IRCHF10B breast and ovarian cancer susceptibility protein (BRCA2) gene, e...	Homo sapiens	357	357	18%	4e-93	100.00%	226	AF489726.1

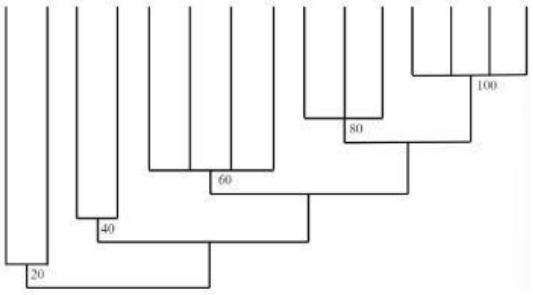
Dari hasil yang didapat, peneliti berencana akan mengkonstruksi pohon filogenetik beberapa sampel hasil pencarian berdasarkan persentase yang dimiliki tiap gen pada *Query cover*. Pilihlah gambar di bawah ini untuk membantu peneliti menentukan pola pohon filogenetik dari gambar di atas!

LIVEWORKSHEETS

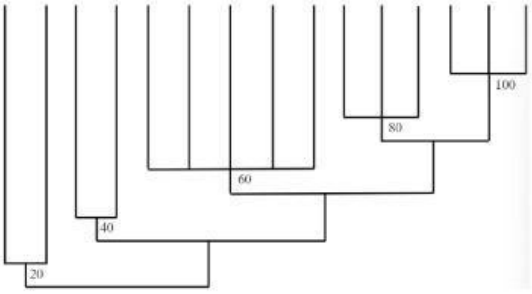
a. Gambar A



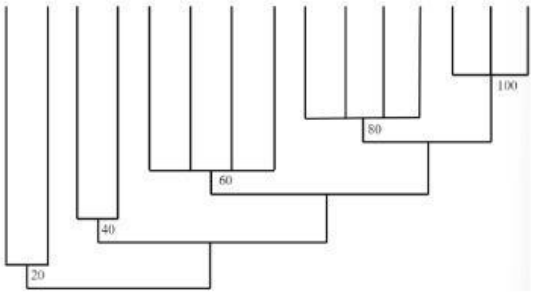
c. Gambar C



b. Gambar B



d. Gambar D



3. Dari susunan nukleotida yang peneliti salin dan masukkan ke dalam *box Nucleotida Blast* (soal nomor 2), menghasilkan data tentang kekerabatan gen BRCA2 ID 675 dengan gen lainnya. Ketika peneliti mengklik bagian menu *Alignments*, menunjukkan perbandingan susunan nukleotida gen BRCA2 ID 675 dengan salah satu organisme yang memiliki kemiripan dengannya seperti pada gambar di bawah ini.



Bagian yang dilingkari merupakan salah satu jenis mutasi yang dapat terjadi pada tahap replikasi DNA, analisislah jenis mutasi apa yang terjadi pada bagian tersebut!

LIVEWORKSHEETS

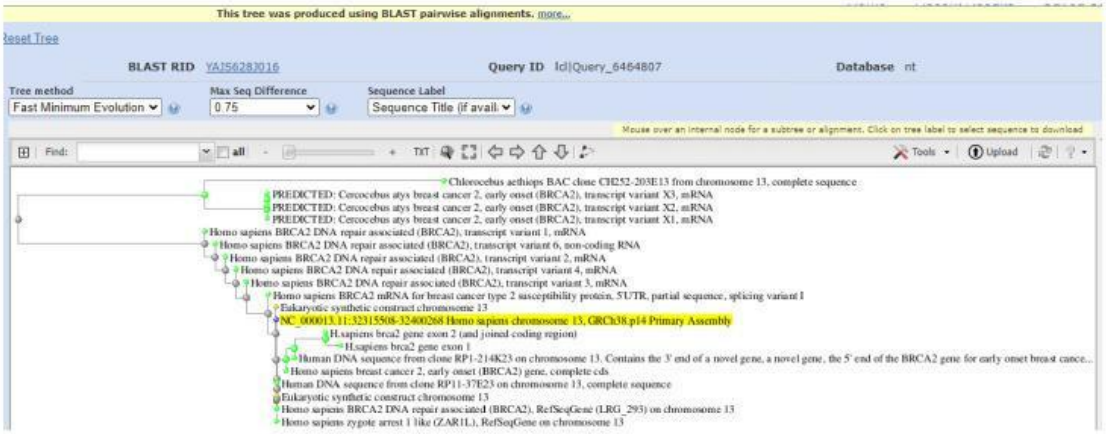
a. Transversi

b. Transisi

c. Delesi

d. Insersi

4. Dimas, peneliti dari BRIN, memanfaatkan website NCBI untuk mengetahui kekerabatan gen BRCA2 dengan gen lain pada organisme tertentu. Pada https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/675 ia mengklik FASTA (susunan nuleotida yang menyusun gen BRCA2) dan menyalinnya. Salinan tersebut kemudian ia masukkan ke dalam menu *Nucleotide Blast* (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome). Hasilnya memunculkan beberapa organisme yang memiliki kekerabatan dekat dengan gen BRCA2. Selanjutnya, Dimas mengklik menu *Distance Tree of Result* sehingga menampilkan pohon filogenetik seperti gambar di bawah ini.



Dimas memahami gambar di atas dan menuliskan hasil analisisnya di bawah ini.

1) Menuliskan jumlah perbedaan/hasil analisis tiap karakter
2) Menentukan karakter tiap organisme yang akan dianalisis
3) Menyusun pohon filogenetik sesuai tingkat kekerabatan
4) Menentukan nilai tertinggi (kekerabatan terdekat) sampai terendah
5) Menganalisis perbedaan karakter tiap organisme

Bantulah Dimas menyusun tahapan yang sistematis dalam menyusun pohon filogenetik seperti pada gambar di atas!

a. 1, 2, 5, 4, 3

b. 2, 5, 4, 1, 3

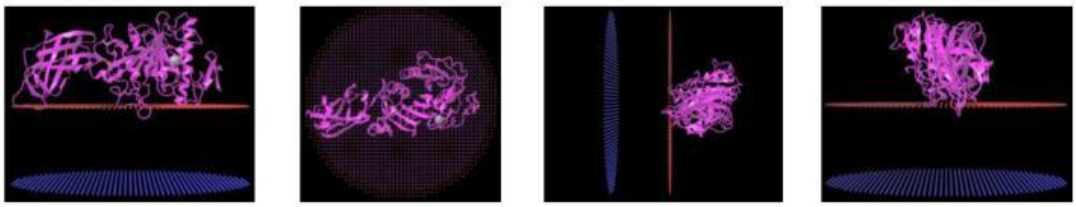
c. 2, 1, 5, 4, 3

d. 2, 5, 1, 4, 3

LIVEWORKSHEETS

5. Gambar di bawah ini menunjukkan struktur dari Enzim Lipase yang dapat diakses melalui menu *search* pada website NCBI dengan pilihan *structure*. Klik search lalu muncul banyak pilihan, salah satunya adalah gambar di bawah ini (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/icn3d/full.html?showanno=1&mmdbid=56257). Pada menu tersebut, *view* dari gambar dapat diubah untuk melihat bagian lain dari struktur enzim Lipase. Jika *view* awal diubah menjadi rotasi x → rotasi y → rotasi z, maka perubahan gambarnya dapat dilihat pada gambar di bawah.

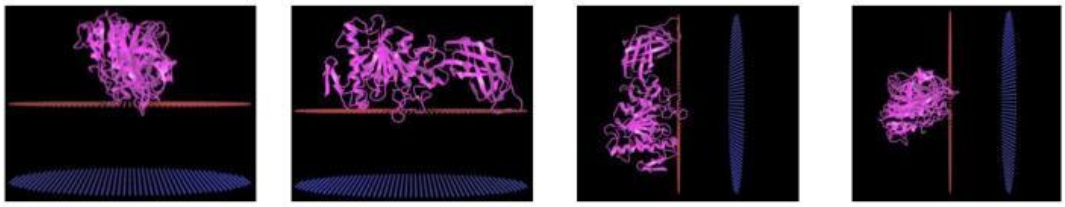
Awal **Rotasi x** **Rotasi y** **Rotasi z**



Jika kita ingin merubah rotasi dimulai dari rotasi z menjadi menjadi rotasi y → rotasi z → rotasi x, bagaimanakah bentuk perubahannya!

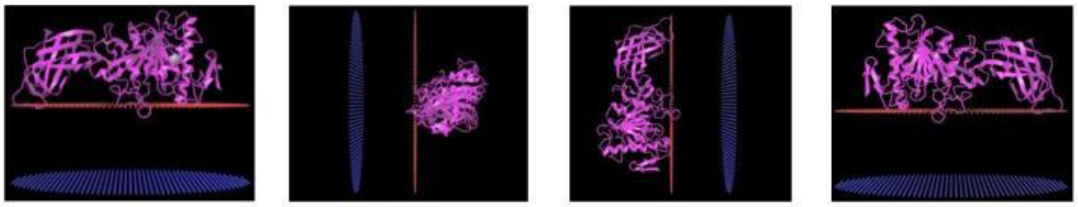
a. Gambar A

Rotasi z **Rotasi y** **Rotasi z** **Rotasi x**



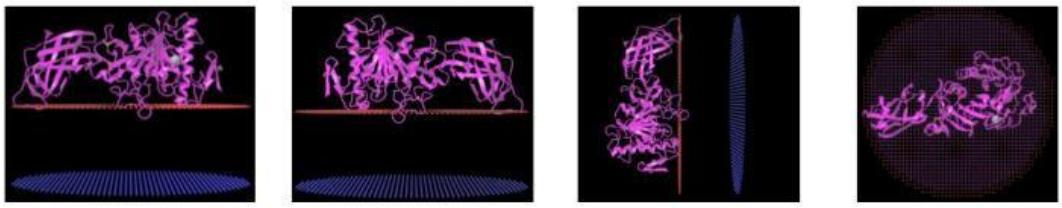
b. Gambar B

Rotasi z **Rotasi y** **Rotasi z** **Rotasi x**



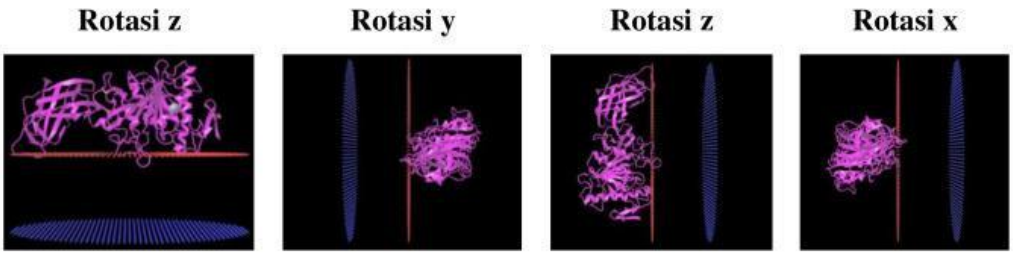
c. Gambar C

Rotasi z **Rotasi y** **Rotasi z** **Rotasi x**

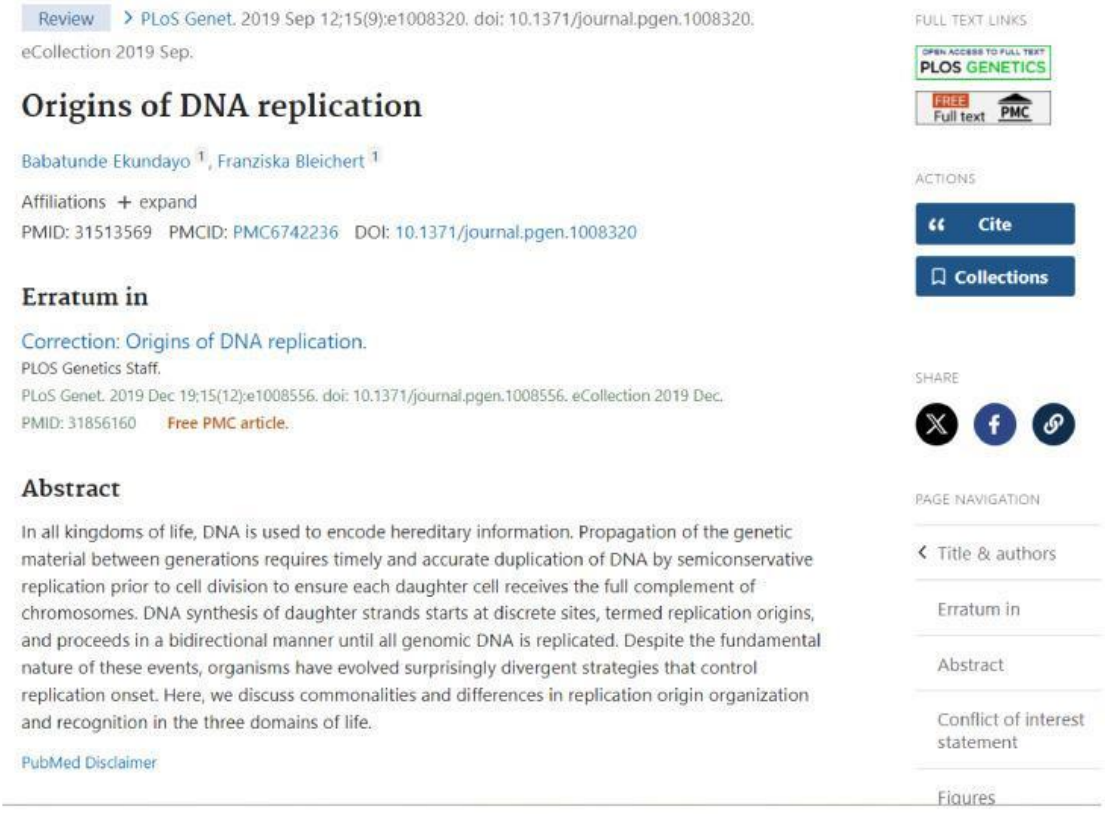


LIVEWORKSHEETS

d. Gambar D



6. Indra sedang mencari literatur tentang replikasi DNA. Ia membuka website NCBI yang menyimpan database tentang sekuens DNA dan beragam informasi substansi genetika serta informasi kesehatan lainnya. Ia kemudian membuka *menu PubMed* (https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/), lalu mengetik *DNA Replication* pada kolom pencarian. Hasilnya menunjukkan banyak artikel penelitian yang membahas tentang replikasi DNA. Salah satu yang menjadi bahan bacaan Indra adalah *Origins of DNA Replication* (https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31513569/). Indra membaca *abstract* dan menemukan informasi bahwa replikasi DNA dilakukan secara semikonservatif.


Review > PLoS Genet. 2019 Sep 12;15(9):e1008320. doi: 10.1371/journal.pgen.1008320. eCollection 2019 Sep.

Origins of DNA replication

Babatunde Ekundayo [1], Franziska Bleichert [1]

Affiliations + expand

PMID: 31513569 PMCID: PMC6742236 DOI: 10.1371/journal.pgen.1008320

Erratum in

Correction: Origins of DNA replication.
PLOS Genetics Staff.
PLoS Genet. 2019 Dec 19;15(12):e1008556. doi: 10.1371/journal.pgen.1008556. eCollection 2019 Dec.
PMID: 31856160 Free PMC article.

Abstract

In all kingdoms of life, DNA is used to encode hereditary information. Propagation of the genetic material between generations requires timely and accurate duplication of DNA by semiconservative replication prior to cell division to ensure each daughter cell receives the full complement of chromosomes. DNA synthesis of daughter strands starts at discrete sites, termed replication origins, and proceeds in a bidirectional manner until all genomic DNA is replicated. Despite the fundamental nature of these events, organisms have evolved surprisingly divergent strategies that control replication onset. Here, we discuss commonalities and differences in replication origin organization and recognition in the three domains of life.

PubMed Disclaimer

FULL TEXT LINKS
PLOS GENETICS
FREE Full text PMC

ACTIONS
Cite
Collections

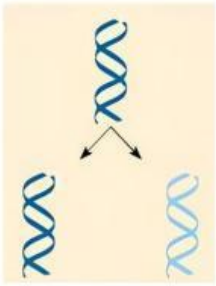
SHARE

PAGE NAVIGATION
Title & authors
Erratum in
Abstract
Conflict of interest statement
Figures

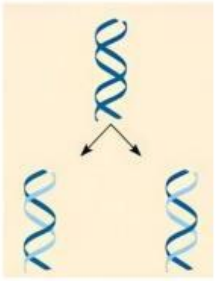
Hasil pencarian Indra mengenai informasi tersebut menunjukkan bahwa replikasi per satu DNA akan menghasilkan satu untai baru dan satu untai lama. Gambar di bawah ini yang tepat menyatakan informasi tersebut adalah ....

LIVEWORKSHEETS

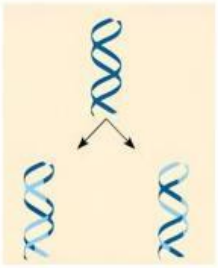
a. Gambar A



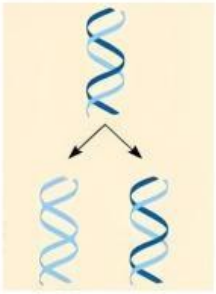
b. Gambar B



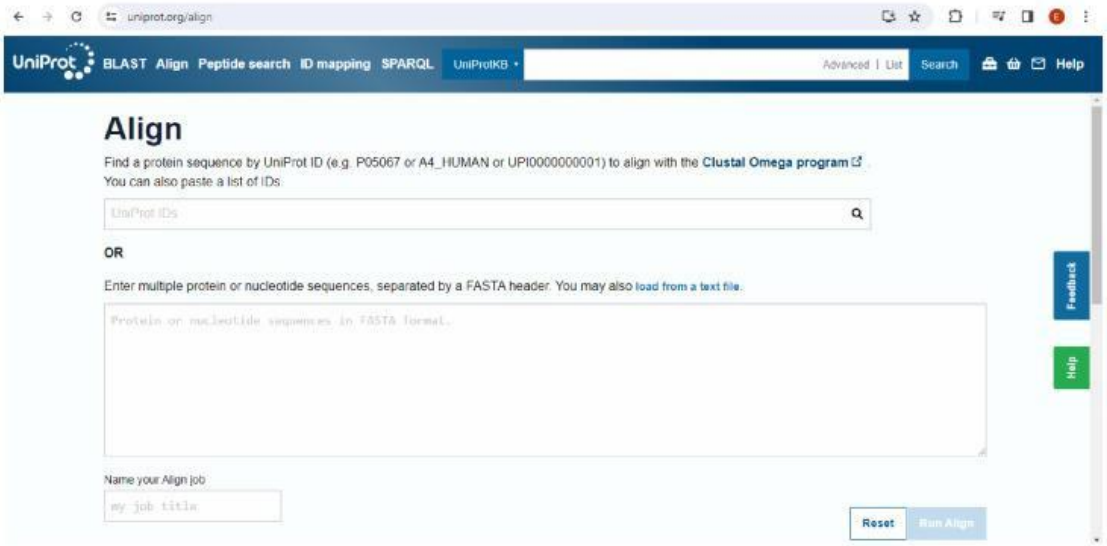
c. Gambar C



d. Gambar D



7. Andi memiliki sejumlah susunan nukleotida DNA. Ia ingin mengetahui bagian mana saja yang memiliki perbedaan antara satu nukleotida dengan nukleotida lainnya. Ia kemudian membuka website UniProt dan mengunjungi alamat website pada menu *Align* (https://www.uniprot.org/align) seperti pada gambar.



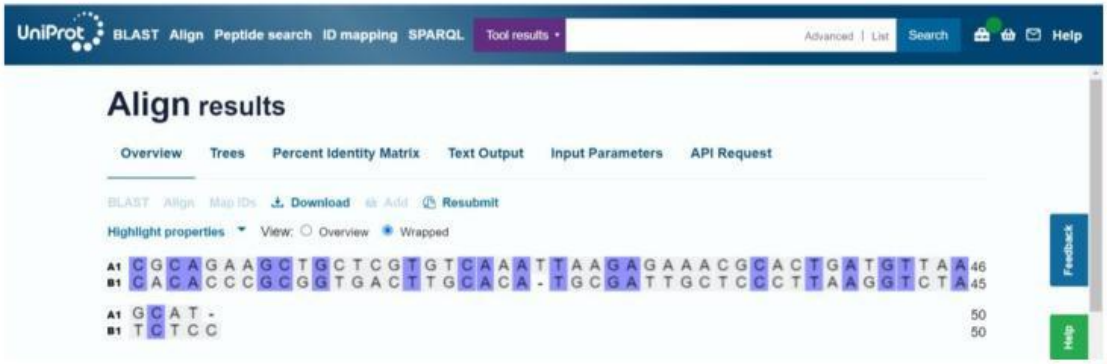
Bantulah Andi untuk memahami instruksi pada laman tersebut sehingga Andi dapat mengetahui perbedaan dari sejumlah susunan nukleotida yang akan dimasukkan. Pernyataan di bawah ini yang *tidak tepat* berkaitan dengan komponen dan hal apa saja yang harus diperhatikan agar dapat menemukan solusi dari gambar di atas adalah ....

a. Memasukkan susunan nukleotida dalam bentuk ID UniProt

LIVEWORKSHEETS

b. Memasukkan sejumlah susunan nukleotida lebih dari satu
c. Tiap susunan nukleotida dipisahkan dengan header FASTA
d. ID nukleotida tidak harus sesuai dengan program Clustal Omega

8. Dari soal nomor 7, Andi mencoba memasukkan sejumlah susunan nukleotida pada laman *Align* sesuai instruksi, sehingga ia berhasil. Gambar di bawah merupakan *Align results* dari susunan nukleotida yang dimasukan dengan jumlah 50 basa nukeotida.

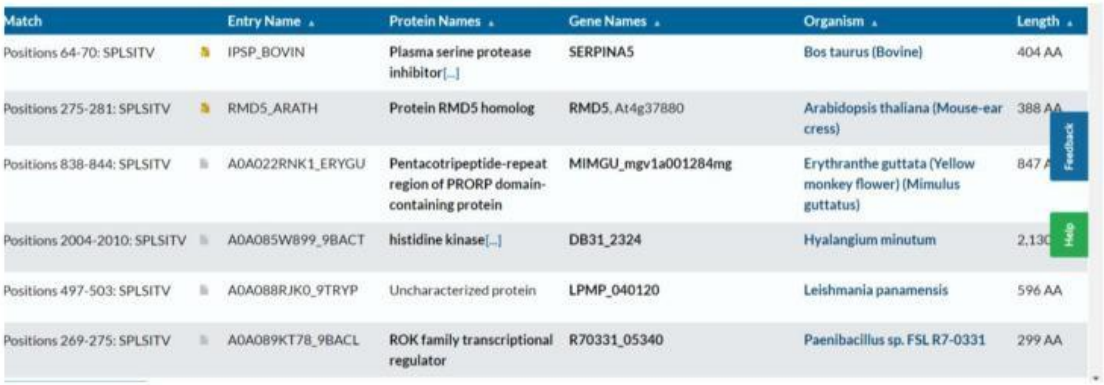


Andi berusaha menganalisis pola website tersebut dalam meng-*Align* susunan nukleotida yang dimasukkan. Pernyataan di bawah ini yang tepat berkaitan dengan pola pada *Align results* adalah ....

a. *Align result* menandai basa nitrogen yang serupa, tidak menandai pasangan basa nitrogen
b. *Align result* tidak menandai basa nitrogen yang serupa, namun menandai pasangan basa nitrogen
c. *Align result* menandai basa nitrogen yang serupa dan menandai pasangan basa nitrogen
d. *Align result* tidak menandai basa nitrogen yang serupa dan tidak menandai pasangan basa nitrogen

9. *Peptide search* adalah bagian dari menu UniProt yang berfungsi untuk menemukan nama protein berdasarkan susunan asam amino yang dimasukkan. Intan, mahasiswa Pendidikan Biologi mencoba memasukkan tujuh asam amino berikut: Serine, Phenylalanine, Leucine, Serine, Isoleucine, Tryptophan, dan Valine. Hasilnya dapat dilihat pada gambar di bawah (https://www.uniprot.org/peptide-search/PM20240304e8795ad38346422b9c77cbd85352e938/overview).

LIVEWORKSHEETS

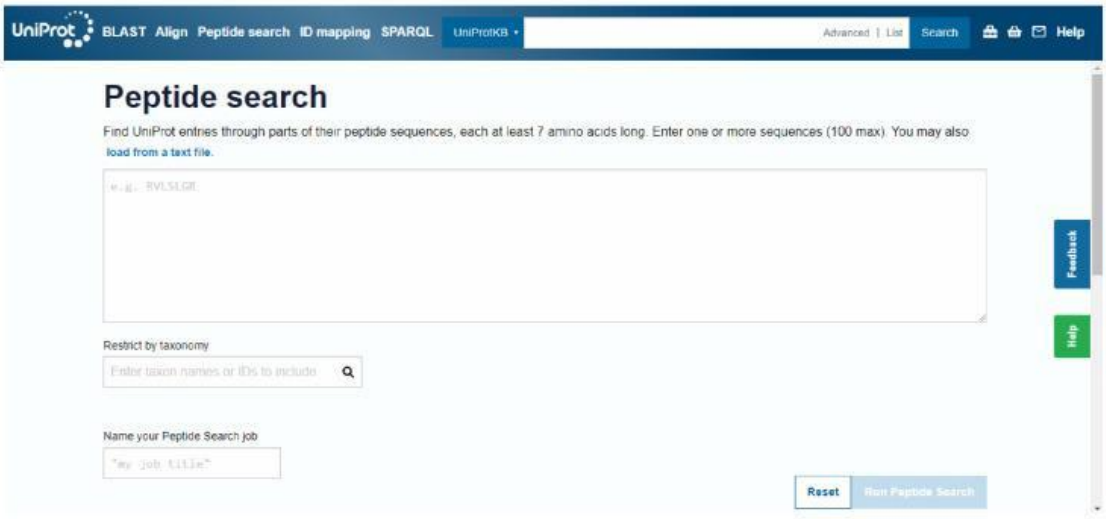


Match	Entry Name	Protein Names	Gene Names	Organism	Length
Positions 64-70: SPLSITV	IPSP_BOVIN	Plasma serine protease inhibitor[...]	SERPINA5	Bos taurus (Bovine)	404 AA
Positions 275-281: SPLSITV	RMD5_ARATH	Protein RMD5 homolog	RMD5, At4g37880	Arabidopsis thaliana (Mouse-ear cress)	388 AA
Positions 838-844: SPLSITV	A0A022RNK1_ERYGU	Pentacotripeptide-repeat region of PRORP domain-containing protein	MIMGU_mgv1a001284mg	Erythranthe guttata (Yellow monkey flower) (Mimulus guttatus)	847 A
Positions 2004-2010: SPLSITV	A0A085W899_9BACT	histidine kinase[...]	DB31_2324	Hyalangium minutum	2,130
Positions 497-503: SPLSITV	A0A088RJK0_9TRYP	Uncharacterized protein	LPMP_040120	Leishmania panamensis	596 AA
Positions 269-275: SPLSITV	A0A089KT78_9BACL	ROK family transcriptional regulator	R70331_05340	Paenibacillus sp. FSL R7-0331	299 AA

Dari gambar di atas, terdapat satu nama protein yang tidak berkarakter atau *uncharacterized protein*. Analisislah, bagian pernyataan yang benar berdasarkan peristiwa tersebut adalah…

a. Protein belum teridentifikasi struktur dan fungsinya oleh UniProt
b. Urutan asam amino yang dimasukkan tidak sesuai dengan protein tersebut
c. Protein tidak memiliki struktur yang jelas dan belum diketahui fungsinya
d. Protein belum diketahui secara jelas fungsinya bagi organisme lain

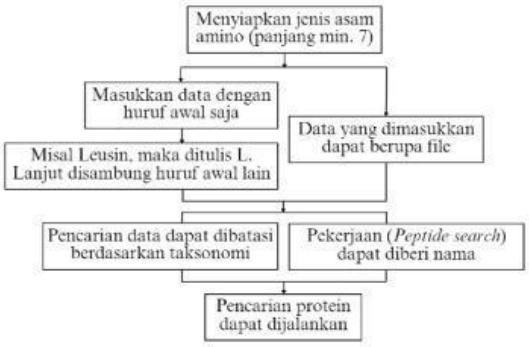
10. Sama seperti Intan (soal nomor 9), Nina juga memanfaatkan website UniProt (https://www.uniprot.org/) untuk mengetahui nama protein berdasarkan jenis asam amino yang dihasilkan dari proses sintesis protein. Nina kemudian mengunjungi menu *Peptide Search* (https://www.uniprot.org/peptide-search), sehingga tampil halaman seperti gambar di bawah.



Tahap sintesis protein yang dilakukan oleh Nina menghasilkan asam amino dengan jenis Serine, Phenylalanine, Leucine, Serine, Isoleucine, Tryptophan, dan Valine. Untuk mengetahui kemungkinan nama protein, nama gen, dan nama organisme pada asam amino tersebut, manakah dari bagan berikut yang sesuai berkaitan dengan komponen dan proses yang harus dimasukkan pada form sesuai gambar di atas!

LIVEWORKSHEETS

a. Bagan A



b. Bagan B



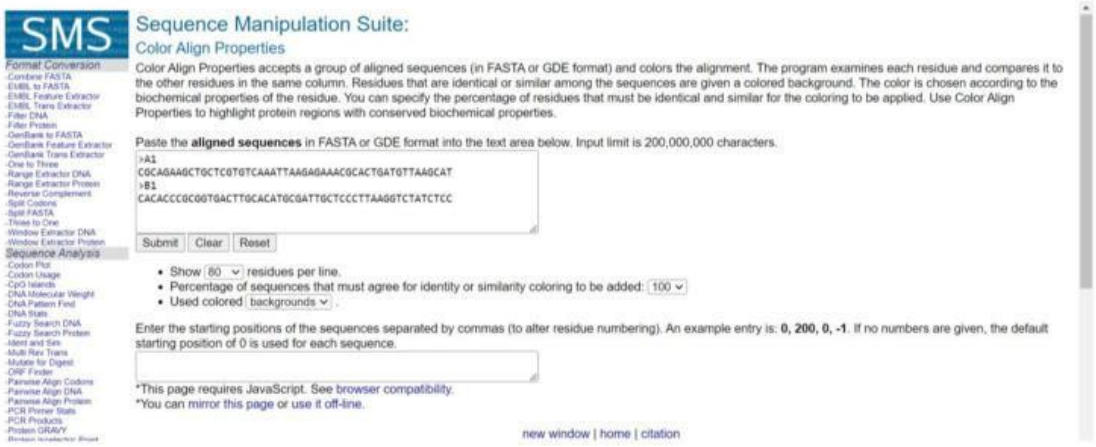
c. Bagan C



d. Bagan D



11. *Sequence Manipulation Suite* (SMS) adalah kumpulan program JavaScript yang dirancang untuk menghasilkan, memformat, dan menganalisis rangkaian DNA dan protein pendek. Salah satu programnya adalah *Color Align Properties* seperti pada gambar di bawah ini (https://www.bioinformatics.org/sms2/color_align_cons.html). Anas, seorang mahasiswa Pendidikan Biologi akan menggunakan website tersebut sebagai media penelitian dalam mengukur berpikir komputasi siswa. Bantulah Anas memahami cara penggunaan program tersebut.



LIVEWORKSHEETS

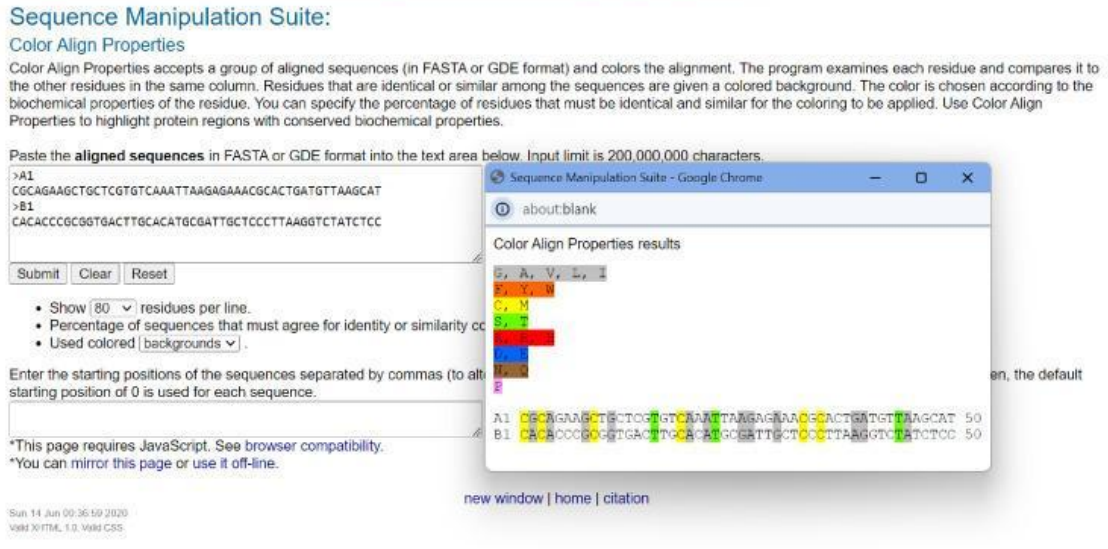
Terdapat beberapa pernyataan berkaitan dengan program *Sequence Manipulation Suite*, antara lain:

1) Urutan sekuens basa nukleotida
2) Format sekuens basa nukleotida hanya dalam FASTA/GDE
3) Sekuens DNA yang dimasukkan < 2
4) Basa nukleotida yang identik diberi latar belakang berwarna
5) *Color Align Properties* membandingkan residu satu dengan yang lainnya (sifat *biological*)

Dari pernyataan yang diuraikan berdasarkan deskripsi gambar, informasi apa saja yang dapat digunakan untuk membantu Anas mengetahui penggunaan *Color Align Properties* pada SMS?

a. 2, 3, dan 5
b. 1, 3, dan 5
c. 1, 2, dan 4
d. 2, 3, dan 4

12. Terima kasih sudah membantu Anas menjawab soal nomor 11. Sekarang ia berhasil menggunakan program *Color Align Properties* untuk melihat perbandingan dua sampel sekuens DNA. Hasilnya ditunjukkan pada gambar di bawah ini (https://www.bioinformatics.org/sms2/color_align_prop.html).



Berdasarkan gambar, terdapat beberapa basa nukleotida yang diberi dan tidak diberi warna. Identifikasilah pola warna pada gambar, tuliskan basa nukleotida apa saja yang merepresentasikan proses replikasi DNA!

LIVEWORKSHEETS

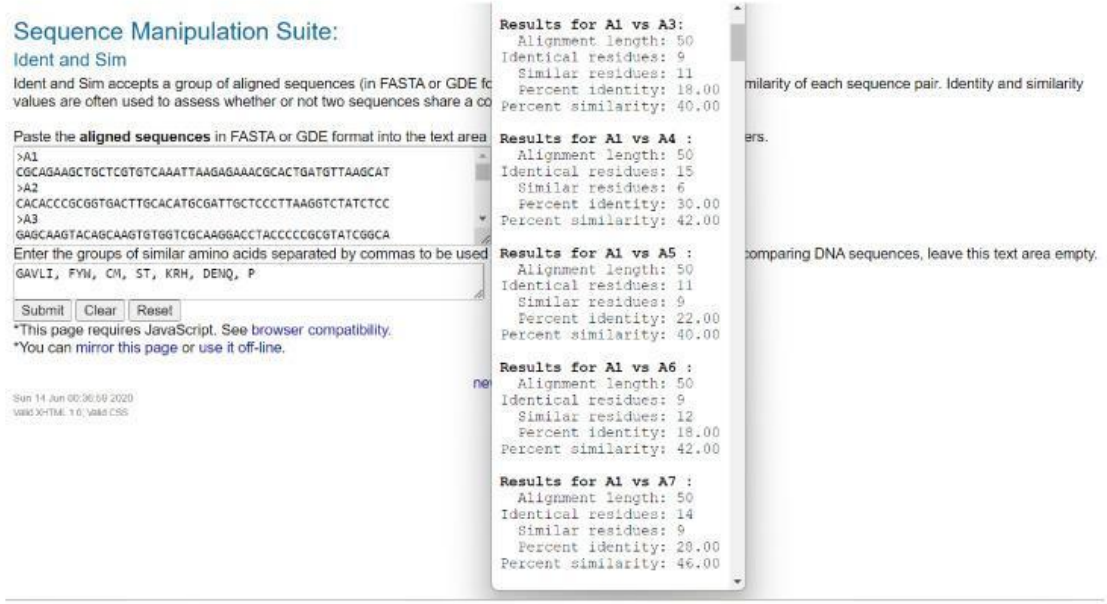
a. A1: GGAAGATAG

b. A1: CCCTCTCCT

c. A1: GAGGAAAGAGAA

d. A1: GGAAATAGG

13. Program lainnya dari website *Sequence Manipulation Suite* (SMS) adalah *Ident and Sim* (https://www.bioinformatics.org/sms2/ident_sim.html). Rani menggunakan program tersebut untuk menghitung kesamaan dari sekuens DNA yang disejajarkan. Gambar di bawah (sebelah kanan) merupakan hasil dari beberapa sekuens DNA yang Rani masukkan ke dalam program tersebut.



Analisislah *Ident and Sim result* di atas, kelompok DNA manakah yang memiliki kekerabatan terdekat?

a. A1 vs A4

b. A1 vs A5

c. A1 vs A6

d. A1 vs A7

14. Irna melakukan hal yang sama dengan Rani, yaitu memanfaatkan program *Ident and Sim* (https://www.bioinformatics.org/sms2/ident_sim.html) untuk menyelesaikan tugas akhirnya. Namun demikian, Irna belum memahami bagaimana cara penggunaan program tersebut. Irna pun bertanya kepada Rani sehingga Rani memberikan beberapa pernyataan tentang penggunaan program *Ident and Sim* berikut ini:

LIVEWORKSHEETS



1) Masukkan data sekuens DNA dengan batas 20jt karakter
2) Pekerjaan dapat dijalankan dengan mengklik *submit*
3) Masukkan kelompok asam amino yang dipisahkan oleh koma
4) Jika ingin membandingkan kelompok asam amino, area di atas dikosongkan
5) Area bawah diisi dengan kelompok asam amino (dibentuk oleh huruf awalnya saja)
6) Menyiapkan beberapa sekuens DNA dalam format FASTA/GDE

Seingat Irna, keenam pernyataan tersebut adalah cara yang diajarkan Rani. Namun Irna lupa urutan prosesnya. Bantulah Irna menyusun tahapan sistematis dan runut supaya Irna dapat menggunakan program *Ident and Sim* untuk menghitung kesamaan sekumpulan sekuens DNA/asam amino dengan cepat!

a. 1, 3, 6, 4, 5, dan 2
b. 6, 1, 4, 5, 3, dan 2
c. 3, 1, 6, 4, 5, dan 2
d. 6, 1, 3, 4, 5, dan 2

LIVEWORKSHEETS