	Universitas Negeri Surabaya S1 Sains Data	Kode Dokumen

RENCANA PEMBELAJARAN SEMESTER

MATA KULIAH (MK)	KODE	Rumpun MK	BOBOT (sks)	SEMESTER	Tgl Penyusunan
Bioinformatika	4920203044		3		28 September 2026

OTORISASI	Pengembang RPS	Koordinator RMK	Koordinator Program Studi
			YULIANI PUJI ASTUTI

Deskripsi Singkat MK

Mata kuliah ini membahas konsep, algoritma, dan teknik komputasi untuk pengelolaan, analisis, dan interpretasi data biologis molekuler. Materi mencakup representasi dan akuisisi data biologis, sequence alignment dan pencarian homologi, analisis data NGS dan variant calling, metagenomik, analisis ekspresi gen RNA-Seq, machine learning untuk data sekuens, serta graph analytics pada jaringan biologis. Mahasiswa mengimplementasikan metode analisis menggunakan bahasa pemrograman dan perangkat komputasi serta mengembangkan prototipe aplikasi analitik bioinformatika interaktif.

Capaian Pembelajaran (CP)

CPL-PRODI yang dibebankan pada MK

CPL-3	Mengembangkan pemikiran logis, kritis, sistematis, dan kreatif dalam melakukan pekerjaan yang spesifik di bidang keahliannya serta sesuai dengan standar kompetensi kerja bidang yang bersangkutan
CPL-22	Mampu merancang dan mengembangkan algoritma untuk berbagai keperluan seperti analisis big data, kecerdasan artifisial, basis data, penambangan data, statistika inferensial, desain dan analisis algoritma, dan data warehouse
CPL-26	Menguasai konsep teoritis bidang pengetahuan sains data khusus dalam bidang pengetahuan tersebut secara mendalam, serta mampu memformulasikan penyelesaian masalah prosedural
CPL-19	Mampu menerapkan pemikiran logis, kritis, sistematis, dan inovatif dalam mendesain, mengimplementasi dan mengevaluasi ilmu pengetahuan dan teknologi yang memperhatikan dan menerapkan nilai humaniora dalam bidang sains data

Capaian Pembelajaran Mata Kuliah (CPMK)

CPMK-1	Mampu mengaplikasikan teknik statistik inferensial, pemodelan Machine Learning, dan graph analytics pada data ekspresi gen (RNA-Seq) dan jaringan biologis secara logis dan kritis.
CPMK-2	Mampu merancang, menganalisis, dan mengimplementasikan algoritma penyejajaran sekuens (sequence alignment) dan pencarian heuristik (BLAST) untuk analisis homologi (SDG 3).
CPMK-3	Menguasai konsep dasar bioinformatika, representasi data biologis molekuler, serta teknik akuisisi data otomatis melalui API R dengan memperhatikan etika open science (SDG 12).
CPMK-4	Mampu mengoperasikan pipeline pemrosesan data Next-Generation Sequencing (NGS), Variant Calling, dan Metagenomik Lingkungan untuk mendukung bio-konservasi (SDG 13 & 15).
CPMK-5	Mampu merancang dan mendiseminasikan prototipe aplikasi analitik bioinformatika interaktif berbasis R Shiny berorientasi edu-technoecopreneurship (SDG 3, 12, 13, 15).

Matrik CPL - CPMK

CPMK	CPL-3	CPL-22	CPL-26	CPL-19
CPMK-1	✔			
CPMK-2		✔		
CPMK-3			✔	
CPMK-4				✔
CPMK-5				✔

Matrik CPMK pada Kemampuan akhir tiap tahapan belajar (Sub-CPMK)

CPMK	Minggu Ke															
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
CPMK-1										✔	✔	✔	✔			
CPMK-2			✔	✔	✔			✔								
CPMK-3	✔	✔														
CPMK-4						✔	✔		✔							✔
CPMK-5														✔	✔	

Pustaka

Utama :

1. Agostino, Mark. 2022. Practical Bioinformatics. New York: Garland Science.
2. Burge, C., Gifford, D., & Fraenkel, E. (2014). Foundations of Computational and Systems Biology. MIT OpenCourseWare, Spring 2014.
3. Hendrix, D. A. (2019). Applied Bioinformatics. Oregon State University.
4. Nakhleh, L. K. (2015). COMP 571: Bioinformatics: Sequence Analysis. Rice University.

Pendukung :

1. Agostino, M. (2022). Practical Bioinformatics. Garland Science.
2. Lesk, A. M. (2019). Introduction to Bioinformatics. Oxford University Press.
3. Bioconductor. DESeq2: Differential gene expression analysis based on the negative binomial distribution.
4. Wickham, H. (2021). Mastering Shiny. O'Reilly.

Mg Ke-	Kemampuan akhir tiap tahapan belajar (Sub-CPMK)	Penilaian		Bentuk Pembelajaran, Metode Pembelajaran, Penugasan Mahasiswa, [Estimasi Waktu]		Materi Pembelajaran	Bobot Penilaian (%)
		Indikator	Kriteria & Bentuk	Luring (*offline*)	*Daring (online*)		
(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)	(8)
1	Mampu menjelaskan konsep dasar bioinformatika, arsitektur data molekuler (FASTA, GenBank, PDB), serta etika sitasi pada repositori data publik (SDG 12).	1. Ketepatan dalam menjelaskan konsep dasar dan urgensi bioinformatika dalam penelitian biologi modern. 2. Ketepatan dalam mengidentifikasi struktur dan elemen informasi pada format data FASTA, GenBank, dan PDB. 3. Kemampuan menunjukkan tata cara sitasi yang benar terhadap data yang diperoleh dari repositori publik sesuai kaidah ilmiah.	Kriteria: Ketepatan penjelasan konsep, akurasi interpretasi format data, dan kepatuhan pada standar sitasi. Bentuk: Kuis daring (pilihan ganda) dan tugas ringkasan analisis format data.	Ceramah inklusif, diskusi kelompok, dan demonstrasi penelusuran database molekuler (NCBI dan PDB). [TM: 1x(3x50')] [PT+BM: (1+1)x(3x60')]	1. Mengunduh data sekuens spesifik dari GenBank, mengubahnya ke format FASTA, dan mengidentifikasi informasi header-nya. 2. Mencari satu entri struktur protein pada database PDB dan menyusun kutipan referensi datanya sesuai format sitasi ilmiah yang baku. 3. [PT: 1x(3x60')]	1. Definisi, sejarah, dan ruang lingkup disiplin ilmu bioinformatika. 2. Arsitektur dan spesifikasi format data molekuler (FASTA, GenBank, dan PDB). 3. Etika sitasi data publik dan relevansinya terhadap tujuan pembangunan berkelanjutan (SDG 12).	4%
2	Mampu merancang skrip R untuk akuisisi, ekstraksi, dan manipulasi data molekuler secara otomatis dari repositori publik (NCBI/UniProt) via API R (rentrez, Biostrings).	1. Ketepatan penggunaan fungsi entrezsearch dan entrezfetch untuk akuisisi data otomatis berdasarkan metadata spesifik. 2. Kemampuan melakukan ekstraksi fitur dan transformasi sekuens menggunakan fungsi-fungsi pada objek DNAStringSet atau AAStringSet. 3. Keberhasilan merancang skrip otomatis yang mengintegrasikan data mentah dari API ke dalam format data frame yang siap dianalisis.	Kriteria: Ketepatan logika pemrograman, efisiensi sintaks R, dan validitas hasil ekstraksi data. Bentuk: Tes unjuk kerja (praktikum pemrograman) dan penilaian produk berupa skrip R (source code).	Project-Based Learning (PjBL) melalui demonstrasi teknis, sesi praktikum terbimbing (hands-on coding), dan diskusi pemecahan masalah error handling. [TM: 1x(3x50')] [PT+BM: (1+1)x(3x60')]	1. Membuat skrip R untuk mengunduh 50 sekuens nukleotida dari NCBI berdasarkan kata kunci gen spesifik dan menyimpannya secara otomatis dalam format FASTA. 2. Mengembangkan fungsi kustom untuk mengekstraksi data anotasi protein dari UniProt via API dan menyajikannya dalam bentuk tabel ringkasan statistik. 3. [PT: 1x(3x60')]	1. Protokol akses dan teknik akuisisi data menggunakan paket rentrez (NCBI E-utilities). 2. Teknik manipulasi, transformasi, dan analisis string biologis dengan paket Biostrings. 3. Automasi alur kerja (pipeline) untuk integrasi data UniProt dan manajemen dataset molekuler.	4%
3	Mampu merancang dan mengimplementasikan algoritma Dynamic Programming (Needleman-Wunsch dan Smith-Waterman) untuk melakukan penyejajaran sekuens global dan lokal.	1. Ketepatan dalam menjelaskan prinsip rekursi dan skema pemberian skor (match, mismatch, gap penalty) pada Dynamic Programming. 2. Kemampuan mengodekan tahapan algoritma Needleman-Wunsch untuk menghasilkan skor dan jalur penyejajaran global yang optimal. 3. Kemampuan mengimplementasikan algoritma Smith-Waterman untuk menemukan segmen dengan kemiripan tertinggi di antara dua sekuens.	Kriteria: Ketepatan logika pemrograman, akurasi hasil penyejajaran dibandingkan perhitungan manual, dan efisiensi penulisan kode. Bentuk: Praktikum pemrograman, tes tertulis, dan unggah kode sumber (repositori).	Collaborative Learning dan Project-Based Learning melalui ceramah pakar, diskusi kelompok, serta sesi praktikum mandiri di laboratorium komputer. [TM: 1x(3x50')] [PT+BM: (1+1)x(3x60')]	1. Mengerjakan kuis daring mengenai perhitungan manual matriks skor pada Learning Management System (LMS). 2. Mengunggah hasil implementasi kode program (Python/R) untuk algoritma Needleman-Wunsch dan Smith-Waterman ke platform GitHub. 3. [BM: 1x(3x60')]	1. Konsep dasar dan formulasi matematis Dynamic Programming dalam konteks bioinformatika. 2. Mekanisme algoritma Needleman-Wunsch (inisialisasi, pengisian matriks skor, dan traceback) untuk Global Alignment. 3. Modifikasi algoritma Smith-Waterman dan fungsi skor untuk identifikasi Local Alignment.	4%
4	Mampu menganalisis dan menerapkan matriks substitusi PAM dan BLOSUM dalam proses penyejajaran sekuens untuk mendukung analisis homologi.	1. Ketepatan dalam menjelaskan landasan teoritis dan asumsi model evolusi yang digunakan dalam matriks PAM. 2. Ketepatan dalam menganalisis perbedaan metodologi perhitungan antara matriks BLOSUM dan matriks PAM. 3. Kemampuan menentukan dan menerapkan matriks substitusi yang paling sesuai untuk berbagai skenario jarak evolusi dalam penyejajaran sekuens.	Kriteria: Ketepatan logika perhitungan skor, akurasi pemilihan parameter matriks, dan kedalaman analisis perbandingan hasil penyejajaran. Bentuk: Tes tertulis (kuis objektif) dan laporan praktikum analisis bioinformatika.	Collaborative Learning dan Problem-Based Learning melalui diskusi kelompok serta bedah kasus penyejajaran sekuens protein. [TM: 1x(3x50')] [PT+BM: (1+1)x(3x60')]	1. Mengerjakan latihan kalkulasi skor penyejajaran dua sekuens protein pendek secara manual menggunakan matriks PAM250 dan BLOSUM62 pada Learning Management System (LMS). 2. Melakukan simulasi penyejajaran sekuens melalui perangkat lunak BLAST dengan membandingkan hasil penggunaan berbagai skala matriks (misal: BLOSUM45 vs BLOSUM90) dan mengunggah hasil analisisnya. 3. [PT: 1x(3x60')]	1. Konsep model evolusi dan probabilitas mutasi pada pembentukan matriks PAM (Point Accepted Mutation). 2. Mekanisme pengelompokan sekuens dan perhitungan skor berdasarkan blok konservasi pada matriks BLOSUM (Blocks Substitution Matrix). 3. Strategi pemilihan matriks substitusi berdasarkan tingkat divergensi evolusi untuk analisis homologi sekuens protein.	4%
5	Mampu menganalisis dan menguji algoritma pencarian heuristik (BLAST API) dan Multiple Sequence Alignment (MSA) untuk identifikasi homologi sekuens patogen (SDG 3).	1. Ketepatan dalam menganalisis parameter algoritma pencarian heuristik menggunakan BLAST API. 2. Kemampuan menguji hasil Multiple Sequence Alignment (MSA) untuk menentukan tingkat kekerabatan sekuens. 3. Ketajaman analisis homologi sekuens patogen dalam mendukung target kesehatan global (SDG 3).	Kriteria: Ketepatan analisis data, kesesuaian interpretasi hasil BLAST/MSA, dan kedalaman tinjauan ilmiah. Bentuk: Laporan praktikum berbasis komputasi, kuis objektif, dan presentasi hasil analisis.	Case-Based Learning (CBL), diskusi interaktif, dan praktikum mandiri menggunakan tools bioinformatika berbasis web. [TM: 1x(3x50')] [PT+BM: (1+1)x(3x60')]	1. Melakukan pencarian sekuens homolog pada database NCBI menggunakan BLAST API dengan berbagai parameter scoring matrix. 2. Menyusun laporan analisis perbandingan hasil Multiple Sequence Alignment dari minimal tiga varian sekuens patogen yang berbeda. 3. [BM: 1x(3x60')]	1. Prinsip algoritma pencarian heuristik dan implementasi parameter pada BLAST API. 2. Algoritma dan aplikasi Multiple Sequence Alignment (MSA) untuk sekuens DNA/Protein. 3. Analisis homologi sekuens patogen dan hubungannya dengan target kesehatan global (SDG 3).	6%

6	Mampu menganalisis dan mengolah data mentah Next-Generation Sequencing (NGS) dari format FASTQ hingga BAM melalui tahapan quality control, alignment, dan post-alignment processing.	1. Ketepatan dalam menginterpretasi metrik kualitas data sekuensing dan melakukan pembersihan data (trimming) secara efektif. 2. Keberhasilan menjalankan proses alignment dengan parameter yang sesuai untuk menghasilkan pemetaan sekuens yang akurat. 3. Kemampuan melakukan manipulasi data alignment hingga menghasilkan format BAM yang valid dan terstandarisasi.	Kriteria: Ketepatan eksekusi command-line, validitas file output, dan ketajaman analisis laporan QC. Bentuk: Proyek praktikum (lab report) dan tes unjuk kerja berbasis komputasi.	Project-Based Learning (PjBL) yang dikombinasikan dengan demonstrasi praktikum komputasi di lingkungan Linux/Terminal. [TM: 1x(3x50')] [PT+BM: (1+1)x(3x60')]	1. Melakukan analisis kualitas dataset NGS dari database publik dan menyusun laporan perbandingan profil kualitas sebelum dan sesudah trimming. 2. Mengunggah skrip bash atau log aktivitas proses alignment hingga post-alignment processing dari dataset yang diberikan. 3. [PT: 1x(3x60')]	1. Analisis Kualitas Data FASTQ dan Teknik Pre-processing (Trimming/Filtering). 2. Algoritma dan Implementasi Read Alignment terhadap Referensi Genom. 3. Prosedur Post-alignment: Konversi SAM ke BAM, Sorting, Indexing, dan Mark Duplicates.	4%
7	Mampu menjalankan dan menganalisis pipeline Variant Calling untuk menghasilkan file VCF serta mengidentifikasi mutasi atau variasi genetik.	1. Ketepatan dalam melakukan proses alignment sekuens mentah terhadap genom referensi dengan parameter yang sesuai. 2. Keberhasilan dalam mengeksekusi pipeline variant calling hingga menghasilkan file VCF yang bebas dari kesalahan format. 3. Kedalaman analisis dalam mengidentifikasi dan mengklasifikasikan jenis-jenis variasi genetik yang ditemukan dalam dataset.	Kriteria: Ketepatan prosedur teknis, validitas file output (VCF), serta ketajaman analisis data varian. Bentuk: Praktikum terbimbing (hands-on), laporan hasil analisis proyek, dan kuis teknis.	Project-Based Learning (PjBL), praktik laboratorium komputer, dan diskusi kelompok. [TM: 1x(3x50')] [PT+BM: (1+1)x(3x60')]	1. Melakukan pemrosesan data sekuensing (FASTQ) menjadi file VCF melalui server bioinformatika atau lingkungan Linux. 2. Menyusun laporan tertulis mengenai identifikasi mutasi spesifik dan dampaknya berdasarkan hasil anotasi data VCF. 3. [BM: 1x(3x60')]	1. Konsep dan teknik pemetaan sekuens (read alignment) pada genom referensi menggunakan perangkat lunak BWA atau Bowtie2. 2. Alur kerja (pipeline) variant calling menggunakan GATK atau BCFtools untuk menghasilkan file Variant Call Format (VCF). 3. Teknik anotasi dan interpretasi fungsional variasi genetik (SNP dan Indel) untuk mengidentifikasi dampak mutasi pada protein atau fenotipe.	4%
8	Ujian Tengah Semester (UTS)	1. Ketepatan dalam menjelaskan terminologi dasar bioinformatika serta kemampuan melakukan navigasi dan ekstraksi informasi dari database biologis primer maupun sekunder. 2. Kemampuan menganalisis hubungan kekerabatan antar sekuens melalui teknik penyejajaran dan interpretasi nilai signifikansi statistik hasil BLAST. 3. Ketepatan dalam mengonstruksi pohon filogenetik serta memvalidasi model struktur protein berdasarkan parameter fisikokimia.	Kriteria: Ketepatan jawaban, logika penyelesaian masalah, dan kesesuaian interpretasi data biologis. Bentuk: Tes tertulis (Ujian Tengah Semester) melalui Learning Management System (LMS).	Asesmen mandiri dalam bentuk ujian daring terkendali (PT: 1x(3x50')	1. Pengerjaan perangkat soal ujian pada platform e-learning sesuai dengan durasi yang ditentukan. 2. Pengunggahan file hasil analisis sekuens (format .fasta atau .txt) sebagai bukti praktik komputasi selama ujian.	1. Konsep dasar bioinformatika dan manajemen data pada database biologis (NCBI, UniProt, dan PDB). 2. Algoritma penyejajaran sekuens (Pairwise Alignment, Multiple Sequence Alignment) dan pencarian homologi menggunakan BLAST. 3. Metode filogenetika molekuler dan teknik pemodelan struktur protein secara komputasi.	20%
9	Mampu menganalisis profil taksonomi dan keanekaragaman hayati (α/β-diversity) dari data metagenomik lingkungan (Eco-Data) berbasis R (phyloseq) untuk bio-konservasi (SDG 13 & 15).	1. Ketepatan dalam mengonstruksi dan memvalidasi objek data phyloseq dari data mentah metagenomik. 2. Kemampuan menyajikan visualisasi komposisi taksonomi yang informatif dan akurat secara biologis. 3. Keakuratan dalam menghitung serta membandingkan indeks kekayaan dan kemerataan spesies antar sampel lingkungan. 4. Kemampuan menginterpretasikan pengelompokan komunitas mikroba berdasarkan variabel lingkungan melalui plot ordinasi. 5. Kedalaman sintesis antara temuan data metagenomik dengan urgensi tindakan konservasi pada ekosistem yang terancam.	Kriteria: Ketepatan sintaks pemrograman R, validitas interpretasi statistik, logika berpikir kritis dalam analisis biologi, dan kesesuaian solusi dengan target SDG. Bentuk: Laporan praktikum berbasis R-Markdown, unjuk kerja (demonstrasi coding), dan studi kasus analisis data lingkungan.	Project-Based Learning (PjBL) yang mencakup demonstrasi teknis, latihan mandiri berbasis komputasi, diskusi kelompok pakar, dan presentasi hasil analisis data Eco-Data. [TM: 1x(3x50')] [PT+BM: (1+1)x(3x60')]	1. Mengunggah skrip R (.Rmd) dan hasil ekspor grafik analisis keanekaragaman hayati ke sistem manajemen pembelajaran (LMS). 2. Menyusun narasi singkat di forum diskusi daring mengenai peran profil mikrobioma sebagai bio-indikator kesehatan ekosistem dalam mendukung SDG 15. 3. [PT: 1x(3x60')]	1. Struktur dan manipulasi objek phyloseq (OTU/ASV table, taxonomy table, dan sample data) dalam lingkungan R. 2. Visualisasi profil taksonomi dan kelimpahan relatif mikroorganisme menggunakan bar plot dan heatmaps. 3. Kalkulasi dan interpretasi indeks α-diversity (Shannon, Simpson, dan Chao1) pada berbagai tipe ekosistem. 4. Analisis β-diversity melalui ordinasi (PCoA/NMDS) menggunakan metrik jarak Bray-Curtis dan UniFrac. 5. Integrasi hasil bioinformatika metagenomik dalam penyusunan argumen kebijakan konservasi berbasis bukti (SDG 13 & 15).	5%
10	Mampu melakukan analisis ekspresi gen diferensial menggunakan DESeq2 berbasis metode statistik inferensial untuk mengidentifikasi gen yang mengalami perubahan ekspresi secara signifikan.	1. Ketepatan menjelaskan alur penyiapan data count matrix untuk analisis ekspresi gen. 2. Ketepatan dalam menerapkan model distribusi Binomial Negatif pada dataset RNA-Seq. 3. Kemampuan melakukan normalisasi data dan menghitung nilai dispersi secara akurat menggunakan fungsi DESeq2. 4. Ketepatan dalam mengidentifikasi gen signifikan berdasarkan nilai p-adjusted dan log2 fold change.	Kriteria: Ketepatan prosedur analisis data, akurasi interpretasi output statistik, dan kebenaran sintaks pemrograman R. Bentuk: Laporan praktikum (analisis dataset publik) dan kuis objektif melalui LMS.	Case-Based Method dan Praktikum Terbimbing (Hands-on) menggunakan perangkat lunak RStudio. [TM: 1x(3x50')] [PT+BM: (1+1)x(3x60')]	1. Mengunggah skrip R (.R atau .Rmd) hasil analisis ekspresi gen diferensial pada dataset yang ditentukan ke dalam LMS. 2. Melakukan interpretasi visual hasil analisis berupa Volcano Plot dan MA Plot melalui forum diskusi daring. 3. [BM: 1x(3x60')]	1. Prinsip dasar RNA-Seq dan struktur data count matrix. 2. Pemodelan statistik berbasis distribusi Binomial Negatif pada DESeq2. 3. Teknik normalisasi data dan estimasi parameter dispersi. 4. Prosedur uji signifikansi (Wald test) dan koreksi multiple testing (FDR).	4%

11	Mampu menyajikan dan menginterpretasikan hasil analisis ekspresi gen diferensial melalui visualisasi Volcano Plot, Heatmap, dan PCA secara sistematis dan kritis.	1. Ketepatan dalam memplot data log2 fold change dan p-value serta mengidentifikasi gen yang terekspresi secara diferensial pada Volcano Plot. 2. Ketepatan dalam menyusun matriks ekspresi gen dan menginterpretasikan pola pengelompokan (clustering) antar sampel pada Heatmap. 3. Ketepatan dalam menjelaskan distribusi sampel dan kontribusi variabel terhadap komponen utama pada plot PCA.	Kriteria: Ketepatan visualisasi, kedalaman interpretasi biologis, dan sistematisasi laporan hasil analisis. Bentuk: Portofolio hasil analisis data dan presentasi kelompok.	Case-Based Method (CBM) dan Praktikum Terbimbing menggunakan perangkat lunak statistik R atau platform bioinformatika berbasis web. [TM: 1x(3x50')] [PT+BM: (1+1)x(3x60')]	1. Mengunggah skrip analisis dan file gambar hasil visualisasi (Volcano Plot, Heatmap, PCA) ke Learning Management System (LMS). 2. Menyusun narasi interpretasi biologis dari hasil visualisasi data ekspresi gen pada forum diskusi daring. 3. [PT: 1x(3x60')]	1. Teknik visualisasi dan interpretasi signifikansi statistik serta besaran perubahan ekspresi pada Volcano Plot. 2. Prinsip pengelompokan data (clustering) dan visualisasi pola ekspresi genetik pada Heatmap. 3. Konsep reduksi dimensi untuk identifikasi variansi dan pengelompokan sampel pada Principal Component Analysis (PCA).	4%
12	Mampu merancang dan mengimplementasikan model Machine Learning untuk melakukan klasifikasi sekuens biologis serta mengevaluasi kinerja model secara kritis.	1. Ketepatan dalam melakukan transformasi sekuens biologis mentah menjadi representasi fitur numerik yang siap diproses oleh model. 2. Kesesuaian pemilihan dan implementasi algoritma klasifikasi dalam menangani karakteristik spesifik data sekuens biologis. 3. Kedalaman analisis dan objektivitas dalam mengevaluasi kinerja model menggunakan metrik statistik yang relevan.	Kriteria: Ketepatan implementasi algoritma, efisiensi kode pemrograman, dan ketajaman analisis hasil evaluasi. Bentuk: Proyek pemrograman (coding project) dan laporan analisis teknis.	Project-Based Learning (PjBL) yang mencakup demonstrasi praktikum, pengerjaan proyek mandiri, dan sesi diskusi asinkron. [TM: 1x(3x50')] [PT+BM: (1+1)x(3x60')]	1. Mengunggah skrip pemrograman (Python/R) yang berisi alur kerja lengkap dari preprocessing hingga klasifikasi sekuens pada repositori GitHub atau Google Colab. 2. Menyusun laporan evaluasi kritis dalam format PDF yang membandingkan performa minimal dua algoritma berbeda pada dataset sekuens yang sama. 3. [BM: 1x(3x60')]	1. Teknik ekstraksi fitur dan penyandian sekuens biologis (k-mer counting, one-hot encoding, dan word embedding). 2. Algoritma klasifikasi machine learning untuk data genomik dan proteomik (Support Vector Machine, Random Forest, dan Convolutional Neural Networks). 3. Metrik evaluasi dan validasi model klasifikasi (Accuracy, Precision, Recall, F1-Score, dan kurva AUC-ROC).	4%
13	Mampu menganalisis dan mengevaluasi jaringan interaksi protein (PPI Network) menggunakan pendekatan graph analytics untuk mengidentifikasi karakteristik dan hubungan antarprotein.	1. Ketepatan dalam menjelaskan konsep interaksi protein dan merepresentasikannya ke dalam bentuk matriks adjasensi atau daftar tepi (edge list). 2. Kemampuan menghitung dan menginterpretasikan berbagai metrik sentralitas untuk menentukan protein hub dan bottleneck. 3. Ketepatan dalam melakukan pengelompokan (clustering) pada jaringan PPI untuk mengidentifikasi modul fungsional atau kompleks protein.	Kriteria: Ketepatan analisis data, validitas interpretasi biologis terhadap hasil komputasi, dan sistematika laporan. Bentuk: Praktikum mandiri menggunakan perangkat lunak visualisasi (seperti Cytoscape) dan laporan hasil analisis kasus.	Case-based Learning dan praktikum komputer terpandu. [TM: 1x(3x50')] [PT+BM: (1+1)x(3x60')]	1. Mengunduh data PPI dari database publik (seperti STRING atau BioGRID) dan melakukan visualisasi awal jaringan. 2. Menganalisis parameter topologi jaringan menggunakan alat bioinformatika serta menyusun laporan evaluasi kritis mengenai peran protein utama dalam jaringan tersebut. 3. [PT: 1x(3x60')]	1. Konsep dasar Protein-Protein Interaction (PPI) dan representasi data dalam bentuk graf (node dan edge). 2. Metrik topologi jaringan bioinformatika: degree, betweenness, closeness, dan eigenvector centrality. 3. Teknik klasterisasi jaringan dan deteksi komunitas untuk identifikasi modul fungsional atau kompleks protein.	4%
14	Mampu mengintegrasikan pipeline analisis bioinformatika R ke dalam arsitektur antarmuka aplikasi web interaktif multiplatform berbasis R Shiny/flexdashboard.	1. Ketepatan dalam menyusun struktur arsitektur komponen UI dan logika Server pada aplikasi R Shiny atau flexdashboard. 2. Keberhasilan dalam mengintegrasikan skrip pipeline analisis bioinformatika ke dalam alur kerja aplikasi yang fungsional. 3. Kemampuan mengimplementasikan desain antarmuka yang adaptif dan memastikan aplikasi dapat diakses di berbagai platform (multiplatform).	Kriteria: Ketepatan logika pemrograman, fungsionalitas fitur interaktif, efisiensi eksekusi pipeline, dan kualitas estetika antarmuka. Bentuk: Proyek pengembangan perangkat lunak (unjuk kerja) dan demonstrasi aplikasi.	Project-Based Learning (PjBL) yang meliputi demonstrasi teknis (live coding), diskusi kelompok, dan asistensi proyek mandiri. [TM: 1x(3x50')] [PT+BM: (1+1)x(3x60')]	1. Mengunggah tautan repositori kode sumber aplikasi yang telah mengintegrasikan pipeline bioinformatika ke platform GitHub. 2. Mempublikasikan aplikasi web interaktif pada server hosting (seperti shinyapps.io) dan mengumpulkan laporan teknis pengoperasiannya. 3. [PT: 1x(3x60')]	1. Arsitektur dasar R Shiny (UI dan Server) serta struktur layout flexdashboard untuk visualisasi data biologis. 2. Teknik integrasi fungsi pipeline analisis bioinformatika ke dalam modul reaktif R Shiny. 3. Strategi optimasi antarmuka pengguna (UI) yang responsif dan prosedur deployment aplikasi web ke server cloud.	4%
15	Mampu memformulasikan dan mempresentasikan solusi analitik genetik interaktif yang solutif, kreatif, dan bernilai guna tinggi (Edu-Technoecopreneurship Capstone Project).	1. Ketepatan dalam merumuskan algoritma dan alur kerja analisis genetik yang solutif. 2. Kreativitas dalam mendesain fitur interaktif untuk visualisasi data genetik. 3. Kemampuan mengintegrasikan nilai edukasi, teknologi, dan kewirausahaan dalam proyek. 4. Kualitas presentasi dan efektivitas demonstrasi purwarupa dalam menyampaikan solusi.	Kriteria: Orisinalitas ide, ketepatan metodologi, skalabilitas solusi, dan daya tarik visual. Bentuk: Penilaian Proyek (Capstone Project), Portofolio, dan Presentasi Lisan.	Project-Based Learning (PjBL), Diskusi Kelompok, dan Mentoring Terfokus. [TM: 1x(3x50')] [PT+BM: (1+1)x(3x60')]	1. Mengunggah dokumentasi teknis dan kode program (source code) ke repositori daring (GitHub/GitLab). 2. Mengunggah video pitch proyek dan poster produk ke Learning Management System (LMS). 3. [PT: 1x(3x60')]	1. Metodologi formulasi algoritma dan alur kerja analisis genetik untuk solusi masalah biologi molekuler. 2. Pengembangan antarmuka interaktif (UI/UX) dan visualisasi data genomik yang kreatif. 3. Analisis nilai guna dan strategi implementasi Edu-Technoecopreneurship dalam produk bioinformatika. 4. Teknik komunikasi publik dan demonstrasi purwarupa solusi analitik genetik.	5%

16	Ujian Akhir Semester (UAS)	1. Ketepatan dalam melakukan analisis kesejajaran sekuens serta interpretasi signifikansi statistik hasil pencarian pada database. 2. Kemampuan dalam mengonstruksi pohon filogenetik menggunakan algoritma yang tepat dan menginterpretasi hubungan kekerabatan antar organisme. 3. Kemampuan dalam memprediksi struktur tiga dimensi protein serta mensimulasikan interaksi molekuler antara ligan dan reseptor secara komputasi.	Kriteria: Ketepatan prosedur teknis, logika analisis data, dan kebenaran interpretasi hasil simulasi. Bentuk: Tes tertulis (esai) dan ujian praktikum berbasis komputer (Computer-based Test).	Asesmen sumatif mandiri. (PT: 1x(3x50')	1. Pengunggahan berkas jawaban ujian akhir dalam format PDF melalui Learning Management System (LMS). 2. Pengunggahan file log hasil simulasi bioinformatika ke repositori daring yang telah ditentukan.	1. Penyelarasan sekuens (Sequence Alignment) dan pencarian database biologis (BLAST). 2. Analisis filogenetika molekuler dan konstruksi pohon evolusi. 3. Pemodelan struktur protein dan penambatan molekul (Molecular Docking).	20%

Catatan

1. **Capaian Pembelajaran Lulusan Program Studi (CPL-Prodi)** adalah rumusan kemampuan yang harus dimiliki oleh lulusan program studi yang mencakup sikap, penguasaan pengetahuan, keterampilan umum, dan keterampilan khusus sesuai dengan jenjang kualifikasi, yang diperoleh melalui proses pembelajaran.
2. **CPL-Prodi yang dibebankan pada Mata Kuliah** adalah bagian dari CPL-Prodi yang dipilih dan relevan untuk dikembangkan melalui suatu mata kuliah, sebagai dasar perumusan capaian pembelajaran mata kuliah.
3. **Capaian Pembelajaran Mata Kuliah (CPMK)** adalah kemampuan yang dirumuskan secara spesifik dan diturunkan dari CPL-Prodi yang dibebankan pada mata kuliah, serta menggambarkan kompetensi yang harus dicapai mahasiswa setelah menyelesaikan mata kuliah.
4. **Sub-CPMK** adalah kemampuan akhir yang direncanakan pada setiap tahap pembelajaran, sebagai penjabaran lebih rinci dari CPMK, bersifat terukur dan dapat diamati sesuai dengan materi pembelajaran.
5. **Indikator Penilaian** adalah pernyataan spesifik dan terukur yang digunakan untuk menilai ketercapaian Sub-CPMK, baik dari proses maupun hasil belajar mahasiswa, yang didukung dengan bukti penilaian.
6. **Kriteria Penilaian** adalah tolok ukur yang digunakan untuk menentukan tingkat ketercapaian hasil belajar mahasiswa berdasarkan indikator penilaian, guna menjamin penilaian yang objektif, konsisten, dan adil. Kriteria penilaian dapat bersifat kuantitatif dan/atau kualitatif.
7. **Bentuk Penilaian** meliputi penilaian tes dan non-tes sesuai dengan karakteristik capaian pembelajaran.
8. **Bentuk Pembelajaran** meliputi kuliah, responsi, tutorial, seminar atau bentuk lain yang setara, praktikum, praktik studio, praktik bengkel, praktik lapangan, penelitian, dan pengabdian kepada masyarakat.
9. **Metode Pembelajaran** merupakan cara penyampaian pembelajaran yang digunakan untuk mencapai capaian pembelajaran, antara lain Small Group Discussion, Project Based Learning, Case Based Learning, Collaborative Learning, Discovery Learning, Self-Directed Learning, serta metode lain yang relevan.
10. **Materi Pembelajaran** adalah bahan kajian yang disusun secara sistematis dalam bentuk pokok dan sub-pokok bahasan untuk mendukung pencapaian Sub-CPMK.
11. **Bobot Penilaian** adalah persentase kontribusi setiap komponen penilaian terhadap nilai akhir mata kuliah, yang ditetapkan secara proporsional sesuai tingkat kompleksitas dan ketercapaian Sub-CPMK, dengan total keseluruhan sebesar 100%.
12. TM = Tatap Muka, PT = Penugasan Terstruktur, BM = Belajar Mandiri.