UNESA	**UNIVERSITAS NEGERI SURABAYA** **FAKULTAS KETAHANAN PANGAN** **PROGRAM STUDI BIOTEKNOLOGI**	**Kode Dokumen**

RENCANA PEMBELAJARAN SEMESTER (RPS)

Otorisasi & Properti Matakuliah

Nama MK	**Kode MK**	**Rumpun MK**	**SKS**	**Alokasi SEMESTER**	**Tanggal Penyusunan**
Transkriptomika dan Sistem Biologi			**Teori: 2** **Praktek: 1**	4	

AUTHORIZATION	**Nama Pengembang RPS**	**Nama Koordinator RMK**	**Nama Koordinator Program Studi**
	Putut Rakhmad Purnama, S.Si.,M.Si.,Ph.D		**Dr. Ratih Dewi Saputri, S.Si., M.Si**

Deskripsi Mata Kuliah

Mata kuliah ini membahas analisis bioinformatika transkriptomika dan sistem biologi, meliputi desain eksperimen RNA-seq, quality control, preprocessing, pemetaan dan kuantifikasi transkrip, analisis ekspresi gen diferensial, anotasi fungsional, pathway dan gene set analysis, alternative splicing, analisis jejaring biologis, gene co-expression dan regulatory networks, serta modeling metabolic network dan Flux Balance Analysis. Pembelajaran berbasis teori, praktikum komputasi, studi kasus, dan proyek integratif yang menggunakan data biologis yang nyata.

Model Pembelajaran

Project-Based Learning

Sumber Belajar Mata Kuliah

Utama:

- Korpelainen, E., Tuimala, J., Somervuo, P., Huss, M., & Wong, G. (2014). *RNA-seq Data Analysis: A Practical Approach*. CRC Press.
- Wang, Y., & Sun, M.-A. (Eds.). (2018). *Transcriptome Data Analysis: Methods and Protocols*. Methods in Molecular Biology. Humana Press.
- Klipp, E., Liebermeister, W., Wierling, C., & Kowald, A. (2016). *Systems Biology: A Textbook* (2nd rev. ed.). Wiley-Blackwell.
- Ebrahim, A., Lerman, J. A., Palsson, B. O., & Hyduke, D. R. (2013). COBRApy: COnstraints-Based Reconstruction and Analysis for Python. *BMC Systems Biology, 7*, 74.

Pendukung:

- Love, M. I., Huber, W., & Anders, S. (2014). Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. *Genome Biology, 15*, 550.
- Robinson, M. D., McCarthy, D. J., & Smyth, G. K. (2010). edgeR: A Bioconductor package for differential expression analysis of digital gene expression data. *Bioinformatics, 26*(1), 139–140.
- Dobin, A., et al. (2013). STAR: Ultrafast universal RNA-seq aligner. *Bioinformatics, 29*(1), 15–21.

- Patro, R., Duggal, G., Love, M. I., Irizarry, R. A., & Kingsford, C. (2017). Salmon provides fast and bias-aware quantification of transcript expression. *Nature Methods, 14*, 417–419.
- Yu, G., Wang, L.-G., Han, Y., & He, Q.-Y. (2012). clusterProfiler: An R package for comparing biological themes among gene clusters. *OMICS, 16*(5), 284–287.
- Langfelder, P., & Horvath, S. (2008). WGCNA: An R package for weighted correlation network analysis. *BMC Bioinformatics, 9*, 559.
- Szklarczyk, D., et al. STRING .
- Orth, J. D., Thiele, I., & Palsson, B. Ø. (2010). What is flux balance analysis? *Nature Biotechnology, 28*, 245–248.

CPL Prodi yang dibebankan pada MK

- CPL-5 : Menguasai konsep teoritis biologi dasar, kimia dan biokimia, biologi sel dan biologi molekuler, mikrobiologi, fisiologi, genetika, rekayasa genetika, teknologi bioproses, bioinformatika, enzimologi dan teknologi enzim, serta bioetika
- CPL-7 : Menguasai prinsip dasar, cara pengoperasian instrumen dan piranti lunak, serta kemampuan analisis pada data dan informasi bioteknologi.
- CPL-9 : Mengkaji implikasi pengembangan atau implementasi ilmu pengetahuan dan teknologi di bidang bioteknologi sesuai dengan keahliannya berdasarkan kaidah, tata cara dan etika ilmiah untuk menghasilkan solusi, gagasan, desain, serta kritik seni serta menyusun deskripsi saintifik.

Capaian Pembelajaran Mata Kuliah (CPMK)

- **CPMK-1:** Mampu menjelaskan konsep, prinsip, dan alur analisis bioinformatika transkriptomika dan sistem biologi, meliputi desain eksperimen, pemrosesan data RNA-seq, kuantifikasi ekspresi gen, analisis ekspresi diferensial, serta analisis fungsional dan jejaring biologis.
- **CPMK-2:** Mampu mengoperasikan piranti lunak dan workflow bioinformatika untuk mengolah dan menganalisis data transkriptomika secara sistematis, mulai dari quality control, preprocessing, pemetaan/kuantifikasi, normalisasi, hingga analisis ekspresi gen diferensial.
- **CPMK-3:** Mampu menganalisis dan menginterpretasikan data transkriptomika pada tingkat fungsi dan sistem biologis melalui analisis anotasi fungsional, pathway enrichment, gene set analysis, serta jejaring ko-ekspresi dan/atau interaksi gen/protein.
- **CPMK-4:** Mampu mengintegrasikan hasil analisis transkriptomika dan sistem biologi untuk merumuskan kesimpulan biologis serta mengomunikasikan hasil analisis secara ilmiah, dengan memperhatikan validitas data, keterbatasan metode, reproduksibilitas, dan etika ilmiah.

Matrik CPL-CPM

CPMK	CPL 5	CPL 7	CPL 9
CPMK ke 1	X		
CPMK ke 2		X	
CPMK ke 3	X	X	
CPMK ke 4		X	X

Rekap persentase tiap CPL terhadap semua CPMK

CPL 5: 33.3%
CPL 7: 50%
CPL 9: 16.7%

Minggu ke-	CPMK	Kemampuan Akhir Tiap Tahapan Belajar (Sub-CPMK)	Penilaian		Bentuk Pembelajaran, Metode Pembelajaran, Tugas [Estimasi Waktu]	Materi Pembelajaran	Bobot
			Indikator	Kriteria & Bentuk Penilaian			
1	CPMK-1	Mampu menjelaskan konsep transkriptomika, teknologi RNA-seq, tahapan umum analisis, dan prinsip desain eksperimen transkriptomika.	Ketepatan menjelaskan transcriptome, RNA-seq, replikasi biologis/ teknis, kelompok eksperimen, dan sumber variasi.	**Kriteria:** ketepatan konsep dan argumentasi. **Bentuk:** kuis dan analisis kasus.	Kuliah interaktif, diskusi kasus, eksplorasi dataset publik. **Tugas:** mengidentifikasi desain eksperimen dari studi RNA-seq.	Pengantar transkriptomika; RNA-seq; experimental design; biological/ technical replicates; batch effect; metadata.	**3%**
2	CPMK-1, CPMK-2	Mampu memperoleh data RNA-seq dari repositori publik serta mengevaluasi kualitas data sekuensing.	Ketepatan mengunduh data, membaca FASTQ, menginterpretasikan Phred score dan parameter QC.	**Kriteria:** ketepatan prosedur dan interpretasi QC. **Bentuk:** praktikum dan laporan singkat.	Demonstrasi dan *hands-on*. **Praktik:** SRA Toolkit, FastQC, MultiQC; interpretasi laporan QC.	Repositori RNA-seq; FASTQ; Phred score; sequencing depth; paired-end reads; adapter; quality control.	**4%**
3	CPMK-2	Mampu melakukan preprocessing dan quality filtering serta mengevaluasi pengaruhnya terhadap kualitas reads.	Ketepatan menentukan parameter trimming/ filtering dan membandingkan kualitas sebelum dan sesudah preprocessing.	**Kriteria:** ketepatan workflow, parameter, dan interpretasi. **Bentuk:** praktikum dan laporan.	*Hands-on* berbasis dataset. **Praktik:** fastp/Cutadapt → FastQC/MultiQC → perbandingan sebelum/ sesudah.	Adapter trimming; quality trimming; filtering; overrepresented sequences; konsekuensi preprocessing.	**4%**
4	CPMK-1, CPMK-2	Mampu melakukan pemetaan reads dan/atau kuantifikasi transkrip serta mengevaluasi kualitas hasilnya.	Ketepatan menjalankan mapping/ quantification dan menginterpretasikan mapping rate serta hasil kuantifikasi.	**Kriteria:** ketepatan workflow dan interpretasi statistik pemetaan. **Bentuk:**	Kuliah singkat, demonstrasi, *hands-on*. **Praktik:** STAR/ HISAT2, featureCounts dan/ atau Salmon.	Reference genome/ transcriptome; splice-aware alignment; exon–intron junction; read count; transcript quantification.	**5%**

				praktikum dan tugas analisis.			
5	CPMK-2, CPMK-3	Mampu membangun, menormalisasi, mengeksplorasi, dan mengevaluasi matriks ekspresi gen.	Ketepatan filtering dan normalisasi serta kemampuan menginterpretasikan PCA, korelasi, dan clustering sampel.	**Kriteria:** ketepatan analisis dan interpretasi pola sampel. **Bentuk:** praktikum R dan tugas analisis.	Kuliah interaktif dan *hands-on* R/Bioconductor. **Praktik:** count matrix → filtering → normalization → PCA → clustering.	Expression matrix; library size; filtering; normalization; PCA; sample correlation; hierarchical clustering.	**5%**
6	CPMK-1, CPMK-2, CPMK-3	Mampu melakukan analisis ekspresi gen diferensial dan menjelaskan dasar statistik serta parameter yang digunakan.	Ketepatan melakukan DEG serta menginterpretasikan log2FC, p-value, adjusted p-value/FDR, dan dispersion.	**Kriteria:** ketepatan prosedur, statistik, dan interpretasi. **Bentuk:** praktikum individual.	Kuliah singkat + *hands-on*. **Praktik:** DESeq2/edgeR; contrast; DEG filtering; interpretasi output.	Count distribution; negative binomial; dispersion; fold change; hypothesis testing; multiple testing; FDR.	**8%**
7	CPMK-3	Mampu memvisualisasikan dan menginterpretasikan hasil differential expression untuk mengidentifikasi pola serta kandidat gen biologis.	Ketepatan menghasilkan dan membaca MA plot, volcano plot, heatmap, dan expression profile serta memilih kandidat DEG.	**Kriteria:** kualitas visualisasi dan kedalaman interpretasi biologis. **Bentuk:** tugas analisis individual.	*Hands-on* R dan diskusi hasil. **Tugas:** menghasilkan visualisasi DEG dan narasi interpretasi singkat.	DEG threshold; effect size vs significance; MA plot; volcano plot; heatmap; candidate genes.	**7%**
8	CPMK-3	Mampu melakukan anotasi fungsional dan Gene Ontology enrichment serta menginterpretasikan fungsi biologis kelompok gen.	Ketepatan pemetaan ID, pemilihan latar belakang, analisis pemurnian, dan interpretasi istilah GO.	**Kriteria:** ketepatan analisis dan interpretasi biologis. **Bentuk:** praktikum dan laporan.	Kuliah singkat + *hands-on*. **Praktik:** gene ID conversion → GO enrichment → visualization.	Functional annotation; Gene Ontology; BP/ MF/CC; over-representation analysis; gene universe/background.	**6%**

9	CPMK-3	Mampu melakukan dan membedakan pathway enrichment dan Gene Set Enrichment Analysis serta menginterpretasikan perubahan pada pathway.	Ketepatan membedakan ORA dan GSEA, menyusun ranked gene list, serta menginterpretasikan enriched pathways.	**Kriteria:** ketepatan metode dan interpretasi jalur. **Bentuk:** praktikum dan studi kasus.	*Hands-on* R/Bioconductor. **Praktik:** KEGG/pathway enrichment, GSEA, pathway visualization.	KEGG/Reactome; ORA; GSEA; ranked gene list; enrichment score; pathway-level responses.	**6%**
10	CPMK-1, CPMK-3	Mampu menjelaskan dan menganalisis ekspresi pada tingkat transkrip, alternative splicing, dan perubahan isoform.	Ketepatan membedakan gene- dan transcript-level expression serta menginterpretasikan perubahan isoform/ splicing.	**Kriteria:** ketepatan konsep dan interpretasi. **Bentuk:** praktikum terbimbing/studi kasus.	Kuliah interaktif, demonstrasi dan *hands-on* dataset terpilih.	Transcript-level expression; alternative splicing; differential transcript usage; isoform switching; konsekuensi fungsional.	**5%**
11	CPMK-1, CPMK-3	Mampu membangun dan menginterpretasikan jejaring interaksi biologis untuk mengidentifikasi hubungan, modul, dan kandidat hub.	Ketepatan membangun network serta menginterpretasikan node, edge, degree, hub, dan cluster/ module.	**Kriteria:** ketepatan konstruksi dan interpretasi network. **Bentuk:** praktikum dan tugas network analysis.	Kuliah konsep + *hands-on*. **Praktik:** DEG → STRING → Cytoscape → network analysis.	Systems thinking; biological networks; PPI; network topology; degree; hub; cluster/ module.	**6%**
12	CPMK-3	Mampu menganalisis gene co-expression dan regulatory network untuk mengidentifikasi modul, hub gene,	Ketepatan mengidentifikasi modul ko-ekspresi, hubungan module–trait, hub genes, dan hubungan TF–target.	**Kriteria:** ketepatan analisis dan interpretasi hubungan biologis. **Bentuk:** praktikum dan laporan analisis.	Kuliah konsep + *hands-on*. **Praktik:** WGCNA/co-expression → module–trait → hub genes → regulatory interpretation.	Gene co-expression; correlation network; WGCNA; modules; eigengene; hub genes; TF–target; GRN.	**8%**

		dan kandidat regulator.					
13	CPMK-1, CPMK-3	Mampu menjelaskan prinsip metabolic network modeling dan menerapkan Flux Balance Analysis untuk memprediksi respons metabolik.	Ketepatan menjelaskan flux, steady state, constraints dan objective function serta menjalankan dan menginterpretasikan FBA sederhana.	**Kriteria:** ketepatan model, simulasi, dan interpretasi biologis. **Bentuk:** praktikum dan studi kasus.	Kuliah konsep + *hands-on*. **Praktik:** metabolic model → FBA → perubahan nutrient constraints → gene knockout → flux comparison.	Metabolic network; stoichiometric matrix; flux; steady state; constraints; objective function; FBA; gene essentiality.	**8%**
14	CPMK-2, CPMK-4	Mampu merancang dan menjalankan workflow analisis transkriptomika secara mandiri dan reproduksibel untuk menjawab pertanyaan biologis.	Kelengkapan workflow, ketepatan metode/ parameter, reproducibility, dan kemampuan menjelaskan keputusan analitis.	**Kriteria:** workflow, validitas analisis, dokumentasi, dan reproducibility. **Bentuk:** capstone project tahap I.	**Project-based learning.** Analisis dataset: metadata/ QC → preprocessing/ quantification atau count matrix → exploratory analysis → DEG.	Integrasi workflow transkriptomika; reproducible analysis; analytical decision-making.	**8%**
15	CPMK-3, CPMK-4	Mampu mengintegrasikan hasil transkriptomika dengan analisis fungsional dan sistem biologi untuk merumuskan model atau hipotesis biologis.	Ketepatan integrasi DEG, pathway dan network; koherensi argumentasi; kemampuan menghubungkan hasil dengan pertanyaan biologis.	**Kriteria:** integrasi data, kedalaman interpretasi, evidence-based reasoning. **Bentuk:** capstone project tahap II dan laporan.	**Project-based learning/ project clinic.** DEG → GO/ GSEA → network/co-expression/FBA sesuai pertanyaan penelitian → sintesis biologis.	Integrative transcriptomics; systems-level interpretation; biological hypothesis; limitations of analysis.	**8%**
16	CPMK-4	Mampu mengomunikasikan dan mempertahankan	Kejelasan presentasi, kualitas visualisasi, ketepatan interpretasi, argumentasi ilmiah,	**Kriteria:** scientific content, visualization,	Presentasi kelompok/ individual, peer discussion, Q&A dan *scientific defense*.	Scientific communication; data visualization; biological conclusions;	**9%**

		hasil analisis transkriptomika dan sistem biologi secara ilmiah, kritis, dan bertanggung jawab.	respons terhadap pertanyaan, serta pemahaman keterbatasan analisis.	interpretation, critical reasoning, communication. **Bentuk:** presentasi, laporan akhir, dan *scientific defense*.		limitations; reproducibility; research ethics.	