



## Sistem Informasi Sederhana untuk Identifikasi Gen Penyebab Penyakit

Putri Ramadani<sup>1</sup>, Nur Aisyah Pandia<sup>2</sup>, Salsabila Putri Hati Siregar<sup>3\*</sup>, Sulindawaty<sup>4</sup>

<sup>1-4</sup> Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Islam Negeri Sumatera Utara, Indonesia

\*Penulis Korespondensi: [salsabilaputrihatisiregar@gmail.com](mailto:salsabilaputrihatisiregar@gmail.com)<sup>3</sup>

**Abstract.** *The development of bioinformatics has led to the availability of large amounts of genetic data through public databases such as NCBI Gene, OMIM, and Ensembl. However, the complexity of data presentation and the dominance of English language hinder students, novice researchers, and the general public in understanding the relationship between genes and disease. This research aims to develop a simple web-based information system to identify disease-causing genes with concise, Indonesian-language, and user-friendly information presentation. The method used is Research and Development (R&D), which includes literature study, needs analysis, system design, implementation, testing, and evaluation. The system was developed using a MySQL relational database with a web interface that displays basic gene information, chromosome location, biological function, and gene-disease relationships, complete with simple visualizations. Black Box testing results indicate that all main functions run according to user requirements. This system is expected to improve bioinformatics literacy and become an effective learning medium.*

**Keywords:** *Bioinformatics; Diseases; Genetic Databases; Genes; Information Systems.*

**Abstrak.** Perkembangan bioinformatika telah mendorong ketersediaan data genetik dalam jumlah besar melalui basis data publik seperti NCBI Gene, OMIM, dan Ensembl. Namun, kompleksitas penyajian data dan dominasi bahasa Inggris menjadi kendala bagi mahasiswa, peneliti pemula, dan masyarakat umum dalam memahami hubungan gen dan penyakit. Penelitian ini bertujuan mengembangkan sistem informasi sederhana berbasis web untuk mengidentifikasi gen penyebab penyakit dengan penyajian informasi yang ringkas, berbahasa Indonesia, dan ramah pengguna. Metode yang digunakan adalah Research and Development (R&D) yang meliputi studi literatur, analisis kebutuhan, perancangan sistem, implementasi, pengujian, dan evaluasi. Sistem dikembangkan menggunakan basis data relasional MySQL dengan antarmuka web yang menampilkan informasi dasar gen, lokasi kromosom, fungsi biologis, serta keterkaitan gen–penyakit, dilengkapi visualisasi sederhana. Hasil pengujian Black Box menunjukkan bahwa seluruh fungsi utama berjalan sesuai kebutuhan pengguna. Sistem ini diharapkan dapat meningkatkan literasi bioinformatika serta menjadi media pembelajaran yang efektif.

**Kata kunci:** Basis Data Genetik; Bioinformatika; Gen; Penyakit; Sistem Informasi.

### 1. LATAR BELAKANG

Perkembangan ilmu pengetahuan dan teknologi, khususnya di bidang biologi molekuler, mengalami kemajuan yang sangat pesat seiring dengan ditemukannya teknologi sekuensing DNA berkecepatan tinggi (high-throughput sequencing) (Rizky et al., 2025). Teknologi ini memungkinkan para peneliti memperoleh dan menganalisis data genetik dalam jumlah yang sangat besar secara cepat dan akurat (Seprianto & Wahyuni, 2018). Kemajuan tersebut mendorong lahirnya bidang bioinformatika sebagai disiplin interdisipliner yang mengintegrasikan biologi, ilmu komputer, dan statistika untuk mengolah, menganalisis, serta menyajikan data biologis secara sistematis. Dalam konteks kesehatan dan kedokteran modern, bioinformatika memegang peranan penting dalam memahami mekanisme penyakit, khususnya yang berkaitan dengan faktor genetik, sehingga dapat mendukung upaya pencegahan, diagnosis, dan pengembangan terapi yang lebih tepat sasaran (Saraswati, 2017).

Pemahaman mengenai hubungan antara gen dan penyakit menjadi aspek yang sangat krusial dalam dunia medis. Berbagai penyakit, baik yang bersifat genetik maupun multifaktorial, diketahui memiliki keterkaitan erat dengan variasi atau mutasi gen tertentu (Bonnu, 2025). Sebagai contoh, mutasi pada gen BRCA1 dan BRCA2 berhubungan dengan peningkatan risiko kanker payudara dan kanker ovarium, sementara gen CFTR diketahui berperan dalam penyakit cystic fibrosis (Sushanti et al., 2023). Informasi mengenai hubungan gen–penyakit ini sangat bermanfaat tidak hanya bagi tenaga medis dan peneliti, tetapi juga bagi mahasiswa dan masyarakat umum untuk meningkatkan kesadaran terhadap risiko penyakit serta pentingnya pencegahan sejak dini. Oleh karena itu, akses terhadap informasi genetik yang akurat dan mudah dipahami menjadi kebutuhan yang semakin mendesak (Sianu et al., 2025).

Saat ini, berbagai basis data genetik publik seperti NCBI Gene, OMIM (Online Mendelian Inheritance in Man), dan Ensembl telah menyediakan informasi genetik yang sangat lengkap dan dapat diakses secara gratis (Azzahra et al., 2024). Meskipun demikian, basis data tersebut umumnya disajikan dalam bahasa Inggris dengan terminologi ilmiah yang kompleks, sehingga sulit dipahami oleh pengguna non-ahli, khususnya mahasiswa pemula dan masyarakat umum (Saudale, 2020). Kompleksitas struktur data serta penyajian informasi yang bersifat teknis sering kali menjadi hambatan dalam pemanfaatan data genetik secara optimal (Nastasya, 2025). Akibatnya, potensi besar dari ketersediaan data genetik publik tersebut belum sepenuhnya dimanfaatkan, terutama dalam konteks pendidikan dan pembelajaran bioinformatika di Indonesia (Genus et al., 2023).

Di Indonesia, tantangan dalam pemanfaatan bioinformatika tidak hanya terbatas pada kendala bahasa, tetapi juga rendahnya tingkat literasi genetika dan bioinformatika di kalangan mahasiswa dan masyarakat. Sebagian besar pembelajaran bioinformatika masih bersifat teoritis dan minim media pendukung yang interaktif serta aplikatif (Aprijani & Elfaizi, 2024). Selain itu, perangkat lunak bioinformatika yang bersifat profesional umumnya memerlukan kemampuan teknis tinggi dan sumber daya komputasi yang tidak selalu tersedia (Supartono & Noviantari, 2025). Kondisi ini menimbulkan kesenjangan antara ketersediaan data genetik global dengan kemampuan pengguna lokal dalam mengakses dan memahami data tersebut secara efektif (Donoghue, 2021).

Berdasarkan permasalahan tersebut, diperlukan suatu solusi berupa pengembangan sistem informasi sederhana yang mampu menyajikan informasi gen penyebab penyakit secara ringkas, terstruktur, dan mudah dipahami (Budi et al., 2023). Sistem informasi berbasis web dengan antarmuka ramah pengguna dan bahasa Indonesia diharapkan dapat menjadi jembatan antara data genetik yang kompleks dengan kebutuhan pengguna pemula (Amukti & Pratami,

2025). Melalui sistem ini, pengguna dapat memperoleh informasi dasar mengenai gen, lokasi gen pada kromosom, fungsi biologis, serta keterkaitannya dengan penyakit tertentu tanpa harus berinteraksi langsung dengan basis data internasional yang kompleks (Pranidhi & Abimanto, 2023). Dengan demikian, pengembangan sistem informasi sederhana ini tidak hanya mendukung proses pembelajaran bioinformatika, tetapi juga berkontribusi dalam meningkatkan literasi genetika dan kesadaran kesehatan masyarakat secara luas (Mawardi et al., 2018).

## **2. KAJIAN TEORITIS**

Bioinformatika merupakan bidang ilmu interdisipliner yang menggabungkan biologi, ilmu komputer, matematika, dan statistika untuk mengelola serta menganalisis data biologis, khususnya data genetik. Bioinformatika berperan penting dalam menginterpretasikan informasi DNA, RNA, dan protein guna memahami fungsi biologis serta mekanisme molekuler yang mendasari berbagai penyakit. Dalam konteks kesehatan, bioinformatika banyak dimanfaatkan untuk mengidentifikasi gen penyebab penyakit, mempelajari mutasi genetik, serta mendukung pengembangan pengobatan berbasis gen. Dengan meningkatnya volume data genetik, diperlukan sistem yang mampu menyajikan informasi tersebut secara terstruktur dan mudah dipahami oleh pengguna (Wargasetia, 2023).

Sistem informasi merupakan suatu sistem yang dirancang untuk mengumpulkan, mengolah, menyimpan, dan menyajikan data menjadi informasi yang bernilai bagi penggunanya. Sistem informasi berbasis web memiliki keunggulan dari sisi aksesibilitas karena dapat diakses kapan saja dan di mana saja melalui jaringan internet. Dalam bidang bioinformatika, sistem informasi digunakan untuk mengelola data gen, penyakit, dan relasi gen–penyakit agar dapat ditelusuri secara efisien. Penggunaan basis data relasional memungkinkan pengelolaan data yang terstruktur, konsisten, dan mudah dikembangkan, sehingga mendukung kebutuhan penyajian informasi genetik secara sistematis.

Konsep gen dan penyakit genetik menjadi landasan utama dalam penelitian ini. Gen merupakan unit dasar pewarisan sifat yang tersusun atas DNA dan memiliki fungsi tertentu dalam mengatur aktivitas sel. Perubahan atau mutasi pada gen dapat memicu gangguan fungsi biologis yang berujung pada timbulnya penyakit genetik maupun penyakit kompleks. Pemahaman mengenai keterkaitan antara gen dan penyakit sangat penting dalam upaya pencegahan dan deteksi dini penyakit. Oleh karena itu, penyediaan informasi gen–penyakit melalui sistem informasi yang sederhana dan mudah diakses diharapkan dapat membantu

meningkatkan pemahaman pengguna terhadap aspek genetika dan kesehatan (SUSANTI, 2025).

### **3. METODE PENELITIAN**

Penelitian ini menggunakan metode Research and Development (R&D) yang bertujuan untuk mengembangkan sistem informasi sederhana dalam mengidentifikasi gen penyebab penyakit serta menguji kelayakan fungsional sistem yang dihasilkan. Metode ini dipilih karena sesuai untuk penelitian yang berorientasi pada pengembangan aplikasi berbasis teknologi informasi. Tahapan penelitian yang dilakukan adalah sebagai berikut:

#### **Studi Literatur**

Tahap ini dilakukan dengan mengkaji buku, jurnal ilmiah, dan artikel yang berkaitan dengan bioinformatika, sistem informasi, gen, dan penyakit genetik. Studi literatur bertujuan untuk memperoleh landasan teoritis serta memahami konsep dan teknologi yang relevan sebagai dasar pengembangan sistem.

#### **Analisis Kebutuhan Sistem**

Pada tahap ini dilakukan identifikasi kebutuhan pengguna, khususnya mahasiswa dan pengguna pemula. Analisis kebutuhan mencakup penentuan jenis data yang ditampilkan, seperti nama gen, lokasi kromosom, fungsi gen, dan keterkaitannya dengan penyakit, serta kebutuhan fungsional sistem seperti fitur pencarian dan penyajian informasi yang mudah dipahami.

#### **Perancangan Sistem**

Tahap perancangan meliputi penyusunan arsitektur sistem, alur proses, dan desain basis data. Basis data dirancang menggunakan model relasional yang terdiri atas tabel gen, tabel penyakit, dan tabel relasi gen–penyakit untuk merepresentasikan hubungan many-to-many. Selain itu, antarmuka pengguna juga dirancang agar sederhana dan ramah pengguna.

#### **Implementasi Sistem**

Pada tahap ini dilakukan pengembangan sistem informasi berbasis web sesuai dengan hasil perancangan. Sistem dibangun menggunakan bahasa pemrograman dan perangkat lunak pendukung yang sesuai, dengan MySQL sebagai sistem manajemen basis data untuk menyimpan dan mengelola data gen dan penyakit.

#### **Pengujian Sistem**

Pengujian dilakukan menggunakan metode Black Box Testing untuk memastikan seluruh fungsi sistem berjalan sesuai dengan kebutuhan dan spesifikasi. Pengujian meliputi fungsi pencarian data, penampilan informasi gen dan penyakit, serta navigasi antarmuka pengguna.

## Evaluasi Sistem

Tahap evaluasi dilakukan untuk menilai kinerja dan kemudahan penggunaan sistem informasi yang telah dikembangkan. Hasil evaluasi digunakan untuk mengidentifikasi kelebihan dan keterbatasan sistem sebagai dasar pengembangan lebih lanjut (Astuti et al., 2023).

## 4. HASIL DAN PEMBAHASAN

### Implementasi Sistem

Tahap implementasi merupakan realisasi dari desain sistem yang telah dirancang pada Bab III, di mana aplikasi diwujudkan menggunakan kombinasi teknologi web dan database yang sederhana.

#### *Struktur Database*

Sistem ini menggunakan MySQL sebagai Database Management System (DBMS) dengan skema relasional yang terdiri dari tiga tabel utama, sebagaimana didefinisikan dalam berkas `init.db.sql`. Struktur ini memfasilitasi pencarian dan hubungan data yang terstruktur antara gen dan penyakit (Relasi Many-to-Many).

**Tabel 1.** Data.

Tabel	Kolom Kunci (Primary Key)	Kolom Data
gen	id_gen	nama_gen, lokasi_kromosom, fungsi_gen
penyakit	id_penyakit	nama_penyakit, deskripsi
gen penyakit	id	id_gen (Foreign Key), id_penyakit (Foreign Key)

Contoh Data Awal (dari `init.db.sql`):

Gen: BRCA1 (17q21), TP53 (17p13), CFTR (7q31).

Penyakit: Kanker Payudara, Kanker Ovarium, Cystic Fibrosis.

Relasi: BRCA1 terkait dengan Kanker Payudara dan Kanker Ovarium.

#### *Antarmuka Pengguna (User Interface)*

Sistem dibangun menggunakan bahasa pemrograman PHP (sebagai pengganti Python/Flask yang diusulkan dalam proposal, berdasarkan kode yang diunggah) dengan antarmuka berbasis HTML dan Bootstrap untuk menjamin desain yang responsif dan mudah digunakan, sejalan dengan tujuan untuk menyediakan antarmuka yang ramah pengguna.

##### a. Halaman Utama (`index.php`)

Halaman ini berfungsi sebagai titik masuk utama aplikasi. Pengguna dapat langsung memasukkan kata kunci berupa nama gen (misalnya, BRCA1) atau nama penyakit (misalnya, Kanker) ke dalam kotak pencarian.

```
<form action="search.php" method="GET">
  <input class="form-control mb-3" name="q" placeholder="Masukkan nama gen
  (BRCA1) atau penyakit (Kanker)">
  <button class="btn btn-primary">Cari</button>
</form>
```

b. Halaman Hasil Pencarian (search.php)

Setelah pengguna menekan tombol Cari, sistem akan memproses permintaan dan menampilkan hasil yang relevan. Halaman ini dibagi menjadi empat bagian untuk menyajikan informasi secara terstruktur, sesuai dengan kebutuhan analisis genetik:

- 1) Data Gen: Menampilkan nama gen, lokasi kromosom, dan fungsi gen.
- 2) Data Penyakit: Menampilkan nama penyakit dan deskripsi singkat.
- 3) Tabel Hubungan Gen–Penyakit: Menunjukkan relasi langsung antara gen dan penyakit.
- 4) Grafik Hubungan: Visualisasi sederhana yang memperlihatkan jumlah penyakit yang terkait dengan gen tertentu menggunakan Chart.js.

**Pengujian Sistem (Black Box Testing)**

Pengujian dilakukan menggunakan metode Black Box Testing untuk memverifikasi fungsionalitas sistem berdasarkan masukan dan keluaran yang diharapkan.

**Tabel 2.** Pengujian.

Skenario Pengujian	Masukan (q)	Harapan Hasil (Output)	Hasil Aktual	Keterangan
Pencarian Gen Spesifik	BRCA1	Menampilkan detail gen BRCA1 dan relasinya dengan Kanker Payudara serta Kanker Ovarium pada tabel dan grafik.	Sesuai	Fungsi pencarian dan relasi bekerja.
Pencarian Penyakit Spesifik	Cystic	Menampilkan detail penyakit Cystic Fibrosis dan relasinya dengan gen CFTR.	Sesuai	Pencarian berdasarkan penyakit berhasil.
Pencarian Kata Kunci Umum	Kanker	Menampilkan gen yang terkait (BRCA1) dan penyakit yang mengandung kata kunci (Kanker Payudara, Kanker Ovarium).	Sesuai	Fungsi LIKE '%\$q%' pada SQL bekerja dengan baik.
Pencarian Data Ada	Diabetes Tidak Ada	Tidak ada hasil pada "Data Gen", "Data Penyakit", dan "Tabel Hubungan".	Sesuai	Sistem dapat menangani input yang tidak valid atau tidak tersedia.

**Analisis Tampilan Hasil Pencarian**

Misalnya, jika pengguna mencari dengan kata kunci BRCA:

a. Data Gen

Menampilkan informasi gen yang mengandung kata kunci 'BRCA' (dalam kasus ini: BRCA1).

## b. Data Penyakit

**Tabel 3.** Fungsi.

Nama Gen	Lokasi	Fungsi
BRCA1	17q21	Perbaikan DNA; menjaga stabilitas genom

Menampilkan informasi penyakit yang mengandung kata kunci 'BRCA' (dalam kasus ini, tidak ada yang mengandung 'BRCA' pada nama penyakit).

## c. Tabel Hubungan Gen–Penyakit

Menampilkan relasi antara gen BRCA1 dan penyakit yang terkait.

**Tabel 4.** Penyakit.

Gen	Penyakit
BRCA1	Kanker Payudara
BRCA1	Kanker Ovarium

## d. Grafik Hubungan

Grafik batang dihasilkan dari data relasi untuk memvisualisasikan keterkaitan, sesuai dengan tujuan visualisasi data sederhana.

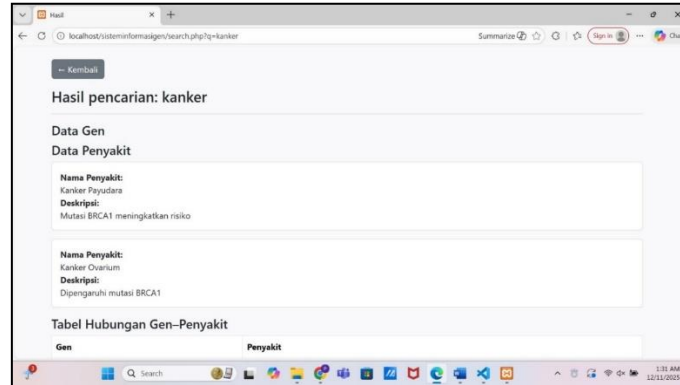
**Pembahasan**

Sistem informasi sederhana untuk identifikasi gen penyebab penyakit ini berhasil diimplementasikan berbasis web dengan skema database relasional.

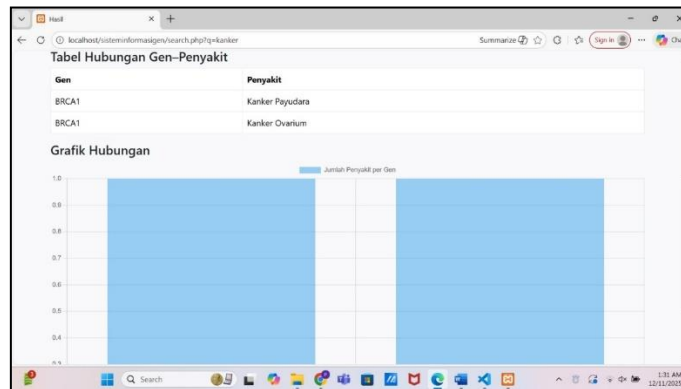
- Relevansi Data:** Data yang digunakan (BRCA1, CFTR) merefleksikan contoh gen penting dalam penyakit manusia, yang selaras dengan dasar penelitian yang mengacu pada data publik seperti NCBI dan OMIM.
- Visualisasi Sederhana:** Penggunaan Chart.js pada sisi klien memungkinkan representasi data hubungan gen-penyakit dalam bentuk grafik batang sederhana, yang mendukung pernyataan bahwa visualisasi membantu penyederhanaan data yang kompleks untuk mahasiswa dan masyarakat umum. Meskipun demikian, kode implementasi saat ini hanya menghasilkan tinggi batang '1' untuk setiap gen yang ditemukan, dan belum mengelompokkan jumlah penyakit per gen secara akurat. Hal ini menjadi catatan untuk pengembangan lanjutan (pada evaluasi) agar visualisasi lebih informatif.
- Kesimpulan Implementasi:** Walaupun implementasi menggunakan PHP/MySQL dan Chart.js (berbeda dengan usulan awal Python/Matplotlib), sistem tetap memenuhi batasan masalah proyek yaitu berupa aplikasi sederhana berbasis web yang menampilkan informasi genetik dasar, lokasi kromosom, fungsi, dan keterkaitan dengan penyakit tertentu.



Gambar 1. Pencarian Gen.



Gambar 2. Hasil Data Gen.



Gambar 3. Grafik Tabel Gen.

## 5. KESIMPULAN DAN SARAN

Penelitian dan pengembangan sistem informasi sederhana untuk mengidentifikasi gen penyebab penyakit telah berhasil dilaksanakan sesuai dengan tujuan yang ditetapkan. Berdasarkan tahapan analisis kebutuhan, perancangan, implementasi, dan pengujian, sistem yang dibangun terbukti mampu berfungsi dengan baik sebagai media pembelajaran bioinformatika yang praktis, mudah dipahami, dan sesuai untuk pengguna pemula. Aplikasi ini mampu menyajikan informasi dasar gen dan penyakit secara terstruktur dalam bentuk teks, tabel, dan visualisasi sederhana, serta menunjukkan kinerja yang baik berdasarkan hasil pengujian Black Box Testing. Meskipun terjadi penyesuaian teknologi pada tahap implementasi, sistem tetap memenuhi batasan dan tujuan penelitian dengan menyediakan akses informasi genetika tanpa memerlukan perangkat lunak bioinformatika yang kompleks. Untuk pengembangan selanjutnya, disarankan penambahan dan pembaruan data genetik secara

berkala, integrasi dengan API basis data genetika publik, peningkatan fitur visualisasi dan pencarian, optimalisasi tampilan pada perangkat mobile, serta pengembangan modul analisis bioinformatika lanjutan agar sistem dapat menjadi aplikasi yang lebih komprehensif dan bermanfaat bagi dunia pendidikan dan masyarakat umum.

## DAFTAR REFERENSI

- Amukti, D. P., & Pratami, R. I. (2025). Analisis bioinformatika ekspresi MIER3 sebagai biomarker potensial dan target terapeutik pada kanker esofagus bioinformatics. <https://doi.org/10.70410/jfg.v12i2.389>
- Aprijani, D. A., & Elfaizi, M. A. (2024). Perkembangan, disiplin ilmu dan penerapannya di Indonesia.
- Astuti, F., Capritasari, R., Iskardiyani, D., Alifiar, I., Irham, L. M., Majapahit, J., Adisutjipto, B. L., Magelang, U. M., Magelang, K., Tengah, J., Majapahit, J., Adisutjipto, B. L., Bakti, U., Husada, T., & Dahlan, U. A. (2023). Identifikasi variasi dan ekspresi gen pada stroke. 23, 9-19. <https://doi.org/10.36465/jkbth.v23i1.1302>
- Azzahra, F., Wicaksono, A., & Nugraheni, T. P. (2024). Identifikasi variasi gen dan ekspresi gen yang berhubungan dengan kanker ovarium dengan pendekatan bioinformatika. 15(2), 77-83. <https://doi.org/10.61902/cerata.v15i2.960>
- Bonnu, C. H. (2025). Potensi dan tantangan tanaman transgenik bagi ketahanan pangan Indonesia. 2045(105). <https://doi.org/10.37149/jia.v10i2.1940>
- Budi, T., Krisnamurti, G. C., & To, N. (2023). Analisis bioinformatika NADH 2 sebagai penanda seleksi adaptif pesut perairan tawar dan pesisir. *A bioinformatics analysis of the NADH 2 gene as adaptive selection marker of riverine and coastal Irrawaddy dolphins*. 8(1), 30-39. <https://doi.org/10.24002/biota.v8i1.5631>
- Donoghue, S. I. O. (2021). Grand challenges in bioinformatics data visualization. 1(June), 1-8. <https://doi.org/10.3389/fbinf.2021.669186>
- Genus, F., Permadi, J., Sukmarani, D., & Barat, A. (2023). Analisis bioinformatik gen Cytb untuk menduga potensi domestikasi ikan mahseer genus *Tor* spp. 16(1), 146-151. <https://doi.org/10.52046/agrikan.v16i1.1531>
- Mawardi, A., Aisoi, L. E., & Lefaan, P. N. (2018). Kloning dan analisis bioinformatika gen MSP1 *Plasmodium falciparum* isolat Kota Jayapura. 10(1), 1-10. <https://doi.org/10.31957/jbp.126>
- Nastasya, R. (2025). Biokimia di era big data genomik: Tantangan, aplikasi, dan peluang inovasi.
- Pranidhi, D., & Abimanto, D. (2023). Integrasi bioinformatika dan farmakogenomik untuk merancang terapi individualisasi pada pasien dengan resistensi obat tuberkulosis. 1(November). <https://doi.org/10.59031/jnts.v1i4.781>
- Rizky, I. N., Prahasti, R., Selina, N., & Barus, R. (2025). Penggunaan algoritma komputasi untuk analisis sederhana data DNA dalam studi bioinformatika. 1-11.
- Saraswati, H. (2017). Analisa bioinformatika gen E1 dan E2 dari virus hepatitis C (HCV) genotipe 1, 2, 3, dan 6 sebagai kandidat vaksin viral-like particles (VLP). *Proses Pensejajaran (Alignment) Gen E1 dan*.

- Saudale, F. Z. (2020). Biokimia di era big data genomik: Tantangan, aplikasi, dan peluang inovasi. *I*(November), 21-43.
- Seprianto, & Wahyuni, F. D. (2018). Analisis bioinformatika gen potensial penyandi halichondrin B dari spons laut sebagai kandidat anti.
- Sianu, R., Jannah, M., Mauri, A., L, P. A., N, E. Y., G, A. P., Kesehatan, F. I., Farmasi, P. S., Mohammad, U., Bukittinggi, N., & An, H. (2025). Identifikasi kandidat target obat ulcerative colitis (UC) menggunakan pendekatan bioinformatika menuju precision medicine. 8.
- Suparsono, B., & Noviantari, A. (2025). Discovering the miracle of stem cells. <https://doi.org/10.55981/brin.1128.c1295>
- SUSANTI, S. (2025). Kebijakan perlindungan sumber daya genetik Indonesia dalam rezim kekayaan intelektual komunal berdasarkan TRIPS Agreement.
- Sushanti, N. M., Adikusuma, W., & Puspitaningrum, A. N. (2023). Drug repurposing untuk rheumatoid arthritis melalui pemanfaatan data variasi genetik. *Drug repurposing for rheumatoid arthritis through the utilization of genetic variation data*. 8(2), 747-756. <https://doi.org/10.37874/ms.v8i2.720>
- Wargasetia, T. L. (2023). Peran bioinformatika dalam bidang kedokteran Teresa Liliana Wargasetia. 59-72.