

# BAB I PENDAHULUAN

## 1.1 Latar Belakang Masalah

Saat ini dunia pendidikan sains telah didominasi oleh bioteknologi, baik dalam bentuk hasil aplikasi bioteknologi itu sendiri maupun penemuan-penemuan keilmuan baru yang mendukungnya. Kemajuan yang pesat pada bidang bioteknologi tentu saja telah menjadi tantangan besar bagi para pendidik untuk dapat menyampaikan misi, visi dan konsep-konsep yang terkait dalam bidang bioteknologi. Pemahaman yang paling mendasar dalam bidang bioteknologi adalah pemahaman terhadap konsep-konsep yang terdapat dalam materi genetika. Pemahaman ini menjadi sangat penting seiring dengan kemajuan dunia pada teknologi rekombinan. Oleh karena itu pemahaman siswa terhadap konsep-konsep yang terdapat dalam genetika seperti genom, DNA, kromosom, gen dan protein merupakan pengetahuan dasar yang dapat menjadi landasan bagi siswa untuk dapat memahami biologi modern serta perkembangan dalam bioteknologi. Menurut Guardon *et al* (2010), pendidikan mengenai genom merupakan suatu permintaan dan tantangan bagi dunia pendidikan sains saat ini. Oleh karena itu memahami sel dan dasar-dasar molekular pewarisan keturunan telah menjadi bagian dari standar pendidikan sains di sekolah-sekolah tinggi (NRC, 1996).

Hasil survey yang dilakukan oleh Bahar *et al.*, (1999) menunjukkan bahwa mata pelajaran genetika dianggap sebagai topik yang sulit untuk dipahami. Substansi genetika merupakan konsep dengan topik yang sangat luas dan rumit. Cakupan materinya antara lain struktur gen, ekspresi gen, replikasi, sintesis protein dan kromosom. Materi substansi genetika susah untuk diamati, apalagi tanpa bantuan peralatan khusus. Akibatnya konsep ini menjadi salah satu konsep yang dianggap sulit oleh mahasiswa dan banyak dipahami secara berbeda dengan kaidah ilmiah oleh mahasiswa. Oleh karena itu pengetahuan mahasiswa calon guru terhadap topik-topik yang terdapat dalam genetika menjadi penting untuk ditingkatkan, karena pengetahuan mereka akan berpengaruh terhadap cara mereka menyampaikan pembelajarannya ke peserta didik.

Standar konten dalam NRC (1996) mensyaratkan siswa untuk dapat memahami struktur dan fungsi DNA. Struktur DNA pada umumnya direpresentasikan melalui ceramah perkuliahan dengan menggunakan gambar/media dua dimensi atau berdasarkan pada bacaan buku teks. Konsep-konsep genetika yang disajikan dalam buku ataupun *teksbook* selama pembelajaran masih sulit dipahami oleh siswa. Kondisi tersebut disebabkan karena materi genetika masih dipandang sebagai materi yang abstrak (Corebima, 2009) karena meliputi obyek-obyek mikroskopik dan proses-prosesnya berada di luar kehidupan sehari-hari. Pada keadaan tersebut mahasiswa harus berjuang untuk dapat memvisualisasikan konsep-konsep yang abstrak. Kesulitan dalam memvisualisasikan konsep abstrak pada akhirnya akan menimbulkan pemahaman yang berbeda atau tidak sejalan dengan pemahaman ilmiah yang dimaksudkan dalam pembelajaran. Pemahaman yang tidak sesuai dengan kaidah ilmiah disebut sebagai miskonsepsi.

Hasil penelitian Roini (2012) menunjukkan bahwa pemahaman guru biologi kelas XII SMA se-kota Ternate terhadap pembelajaran genetika berpendekatan konsep ditemukan masih tergolong rendah (4,3%). Hasil studi pendahuluan yang dilakukan oleh Kristianti *et al.*, (2014) menunjukkan bahwa lebih dari 50% guru biologi suatu sekolah menengah atas (SMA) tidak mampu merepresentasikan konsep kromosom dan sebagian besar lainnya masih mengalami miskonsepsi. Miskonsepsi biasanya berkembang seiring proses pembelajaran. Subkonsep genetika yang banyak mengalami miskonsepsi tercakup pada tiga standar kompetensi yakni Gen, DNA dan kromosom; replikasi dan hubungan gen; RNA, polipeptida dan proses sintesis protein; dan hubungan pembelahan mitosis dan meiosis dengan pewarisan sifat (Nusantari, 2011; Aldamasyah & Alshaya, 2012). Franke *et al.*, (2013) telah mengidentifikasi topik-topik dalam biologi yang sering mengalami miskonsepsi yaitu *gene, genetic engineering, clone, and enzyme*) dan processes (*inheritance of traits, transfer of genes, and change of genotype*). Miskonsepsi yang dialami mahasiswa dapat menyesatkan mahasiswa dalam memahami fenomena ilmiah dan melakukan eksplanasi ilmiah. Jika mahasiswa tidak menyadari terjadinya miskonsepsi, akan

terjadi kebingungan dan inkohorensi pada diri mahasiswa. Pada akhirnya, apabila tidak segera diperbaiki, miskonsepsi tersebut akan menjadi hambatan bagi mahasiswa pada proses pembelajaran lebih lanjut.

Berbagai penelitian mengenai strategi pembelajaran khususnya pada materi genetik telah banyak dilakukan. Menurut Bahar *et al* (1999) materi genetika dikenal sebagai materi yang sulit untuk disampaikan maupun untuk dipelajari, sehingga hal ini telah menantang para pendidik untuk mencari strategi yang tepat dalam menyampaikan pembelajarannya. Kesan Biologi masih sebagai subyek yang menitikberatkan pada hapalan dengan penyampaian melalui ceramah, tulisan ataupun aktivitas laboratorium lainnya. Namun dampak pembelajaran tersebut telah menghasilkan pemahaman yang bervariasi pada siswa. Dampak pembelajaran ini tidak terlepas dari pengetahuan awal yang telah dimiliki oleh siswa.

Dampak pembelajaran pada siswa dapat meliputi *missing knowledge*, *incomplete* dan *in conflict with* (Vosniadou, 2004 dalam Chi *et al.*, 2008). Kondisi pertama, siswa mungkin saja tidak mempunyai pengetahuan awal (*missing knowledge*) sehingga proses pembelajaran merupakan proses penambahan pengetahuan (*adding*). Kondisi kedua, siswa sudah mempunyai bekal pengetahuan namun masih belum utuh (*incomplete*), sehingga proses pembelajaran merupakan proses penambalan (*gap filling*). Kondisi ketiga, pengetahuan siswa mengalami konflik (*in conflict with*) dengan pengalaman sehari-hari di sekolah atau di lingkungannya sehingga pemahaman siswa menjadi tidak sesuai dengan kaidah ilmiah atau miskonsepsi. Proses perolehan pembelajaran pada kondisi ketiga merupakan *Conceptual Change*, karena pada kondisi ini pembelajaran merupakan proses perubahan pemahaman konsep sebelumnya menjadi pemahaman yang ilmiah.

*Conceptual change* merupakan proses perubahan dari pemahaman yang tidak sejalan dari kaidah ilmiah menjadi pemahaman yang sejalan secara *scientific*. Menurut Lappi (2013) pengalaman *conceptual change* dapat diamati sebagai sebuah proses transformasi dari beberapa pengetahuan awal menjadi pengetahuan akhir (mempunyai konsep yang baru). Oleh karena itu proses

karakterisasi *conceptual change* memerlukan: (1) representasi awal, (2) representasi akhir dan (3) spesifikasi mekanisme proses pembelajaran yang telah memodifikasi perubahan. Proses pembelajaran ini menjadikan pembelajar mempunyai konsep-konsep yang sebelumnya tidak dimilikinya atau diketahuinya secara salah. Smith, K. (2010) representasi awal (*pre-test*) dan akhir (*post-test*) telah banyak digunakan sebagai instrumen untuk melakukan assessmen *conceptual change*. Jenis pertanyaan yang digunakan pada umumnya menggunakan tipe pertanyaan pilihan ganda, benar atau salah dan benar atau salah dengan alasan seperti pada *Genetic Literacy Assessment (GLA)*, *Genetic Concept Assessment (GCA)*, *Biologi Concept Inventory (BCI)*, *Host-Pathogen Concept Inventory (HCI)* dan *Inventory of Natural Selection* (Tanner & Allen, 2005; Bowling *et al.*, 2008, Marbach-Ad *et al.*, 2009; Smith *et al.*, 2008; Smith & Knight, 2010; Anderson, 2002). McDonal & Gomes (2013) telah melakukan assessmen *conceptual change* dengan berbasis pertanyaan essay, tetapi dalam hasil penelitiannya tidak dapat mengungkapkan level pemahaman *conceptual change* yang terjadi pada mahasiswa.

Salter (1998) menyatakan bioinformatik merupakan term generik untuk menggambarkan beberapa manipulasi yang dilakukan pada sekuen-sekuen. Ketersediaan program-program bioinformatika dapat diintegrasikan pada proses pembelajaran di level sarjana. Ai (2003) mengembangkan program bioinformatika yang dapat menjembatani pembelajar dalam memahami similaritas dan disimilaritas suatu sekuen. Form & Lewwiter (2011) mengembangkan strategi pembelajaran berbasis bioinformatik bagi siswa sekolah menengah atas. Grisham *et al* (2010) melakukan penggunaan *tools* pada beberapa *web-site* untuk mengidentifikasi gen-gen dalam kromosom, dan Taylor *et al.*, (2016) untuk deteksi *single-nucleotide polymorphisms (SNPs)* antara wild-tipe dan varian gen *tuberculosis* dari *Mycobacterium*. Pembelajaran dengan bioinformatika secara *online* telah dilakukan oleh Olugbenga (2008) untuk jarak jauh dan menggunakan program Web Biomanager sebagai *tools* pembelajaran (Cattley & Arthur, 2007).

Bioinformatika juga telah digunakan oleh beberapa peneliti untuk membantu meningkatkan pemahaman pembelajar pada suatu konsep. Pembelajaran

bioinformatika merupakan salah satu strategi pembelajaran yang melibatkan mahasiswa dalam menganalisis data dan menjadikannya sebagai media untuk memahami konsep molekular. Pebelajar tidak dapat memahami secara komprehensif konsep-konsep ilmiah bilamana tidak diikutsertakan dalam pembelajaran yang dapat membangun pengetahuannya (Taylor, 2013). Bioinformatika telah digunakan oleh Guadron *et al.*, (2010) sebagai salah satu cara agar mahasiswa dapat meraih kelebihan dari sebuah penelitian dalam cara yang tidak konvensional, sehingga siswa dapat memperoleh pemahaman yang komprehensif tentang genom sains. Melibatkan pebelajar dengan cara melakukan simulasi dengan komputer dalam memasukkan data sekuen DNA atau protein dan kemudian dianalisis dengan metode *southern westher dan blotting, PCR, Single Nucleotide Polymorphism (SNP), ekspresi microarray, ELISA* serta mengkomunikasikan secara *online* kepada *peer* hasilnya dapat memberikan proses pembelajaran yang menarik bagi pebelajar (Bergland *et al.*, 2012). Gelbart *et al.*, (2009) menggunakan *web-site* simulasi pada program bioinformatika untuk meningkatkan pemahaman pebelajar pada konsep genetika yang memungkinkan pebelajar untuk berpartisipasi dalam melakukan simulasi penelitian autentik dengan metode inkuiri terbimbing.

Pengetahuan yang disajikan dalam buku teks belum benar-benar bisa menjelaskan tentang ide-ide mendasar dalam biologi. Pebelajar masih harus memperoleh sumber pengetahuan lainnya untuk melengkapi pemahamannya. Pembelajaran berbasis bioinformatika melibatkan pebelajar secara *in-silico* untuk menggunakan data-data faktual hasil penelitian dari seluruh dunia dan menghubungkannya dengan konsep-konsep biologi molekuler. Oleh karena itu keterlibatan pebelajar dalam membangun pengetahuan sangat penting dalam memberikan pemahaman yang mendalam pebelajar terhadap suatu konsep. Kelebihan lain dari pembelajaran menggunakan *tools bioinformatika* dapat membantu pebelajar dalam memvisualisasikan konsep-konsep yang abstrak seperti DNA, RNA, sintesis protein serta dapat membantu pebelajar dalam memahami konsep dasar pada teknik-teknik rekayasa genetika.

Berdasarkan kajian di atas diketahui bahwa: (1) program bioinformatika *off-line* maupun *online* telah banyak digunakan baik sebagai *tools* analisis data maupun *tools* pembelajaran dalam beberapa konsep biologi molekuler, dan (2) tipe pertanyaan essay sangat penting digunakan dalam assessmen pembelajaran agar dapat mengungkap variasi pemahaman yang ada pada pebelajar. Sampai saat ini belum teridentifikasi ada studi yang melakukan penelitian pembelajaran berbasis bioinformatika pada konsep biologi molekuler serta melakukan assessmen *conceptual change* dengan menggunakan jenis pertanyaan essay. Oleh karena itu pada penelitian ini dilakukan proses pembelajaran berbasis representasi multipel bioinformatika serta dilakukan assessmen *conceptual change* berbasis tipe soal essay dalam pembelajaran biologi molekuler. Pada penelitian ini pendekatan pedagogi yang digunakan adalah *problem spaces* yang meliputi penggabungan satu atau lebih pertanyaan mendasar biologi dengan *tools* analitik dan set data yang banyak sehingga dapat memberikan siswa kesempatan untuk mengeksplorasi secara bebas dalam framework yang jelas (Jungck *et al.*, 2010).

## 1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan uraian di atas maka pada penelitian ini dapat dirumuskan masalah sebagai berikut.

“Bagaimana peranan representasi multipel bioinformatika dalam memfasilitasi *conceptual change* pada konsep biologi molekuler?”

Adapun pertanyaan-pertanyaan penelitian dirumuskan sebagai berikut.

1. Bagaimanakah karakteristik representasi multipel bioinformatika yang dapat berperan dalam perubahan *conceptual* pada konsep-konsep biologi molekuler?
2. Bagaimana re-representasi dan *conceptual change* mahasiswa pada konsep biologi molekuler setelah mengalami pembelajaran berbasis bioinformatika?

### **1.3 Tujuan Penelitian**

Menganalisis peranan pembelajaran berbasis representasi multipel bioinformatika yang dapat memfasilitasi *conceptual change* pada konsep biologi molekuler serta menilai re-representasi dan perubahan pemahaman yang terjadi pada mahasiswa.

### **1.4 Manfaat Penelitian**

Manfaat penelitian ini dapat memberikan informasi serta cara-cara proses pembelajaran bioteknologi berbasis bioinformatika dan memberikan tambahan pengembangan bahan ajar dalam pendidikan biologi khususnya pembelajaran bioteknologi dan biologi molekuler. Program-program *off-line* atau/dan *online* dalam bioinformatika yang digunakan dalam penelitian ini juga dapat dimanfaatkan oleh pebelajar dan guru-guru dalam meningkatkan pemahamannya serta dapat membantu memberikan gambaran konsep-konsep biologi molekuler. Keterampilan dalam menggunakan program-program bioinformatika dapat menjadi nilai tambah bagi mahasiswa dalam memasuki jenjang pendidikan yang lebih tinggi lagi atau dunia kerja.



## BAB III

### METODOLOGI PENELITIAN

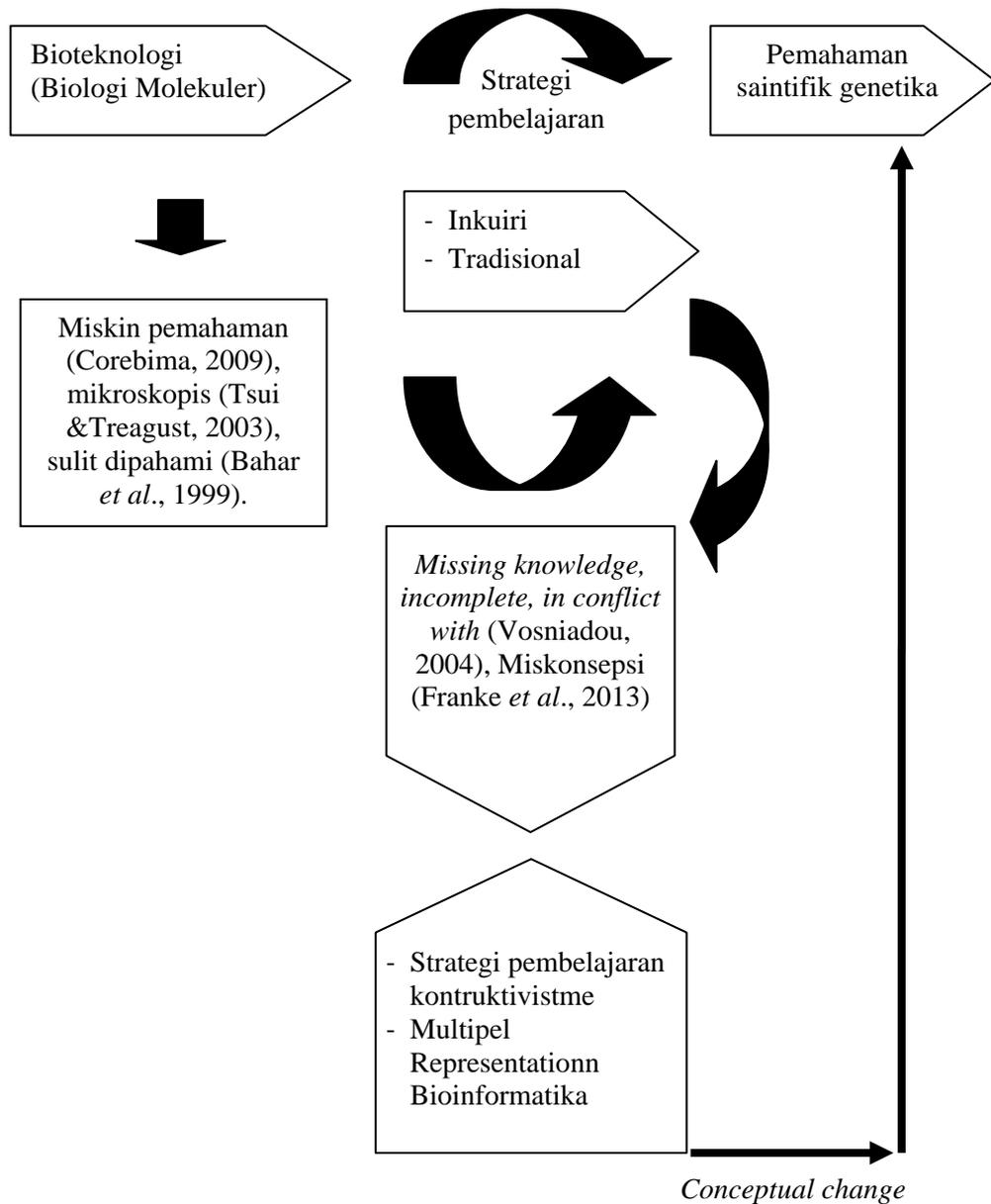
#### 3.1 Paradigma Penelitian

Pola pikir penelitian ini dikembangkan berdasarkan latar belakang serta kajian pustaka pada bab-bab sebelumnya. Penelitian ini difokuskan pada penilaian proses perubahan konsep (*conceptual change*) yang dialami mahasiswa setelah mengalami pembelajaran berbasis bioinformatika pada mata kuliah Bioteknologi. Adapun alur paradigma penelitian ini disajikan pada gambar 3.1.

Berdasarkan beberapa penelitian diketahui bahwa bidang studi biologi merupakan salah satu pelajaran yang konsep-konsepnya sulit untuk dipahami sehingga banyak dipahami secara berbeda dengan pemahaman ilmiah. Hal ini dapat dimengerti mengingat konsep-konsep yang terdapat pada bidang studi biologi khususnya konsep-konsep molekuler merupakan konsep yang abstrak karena berbasis mikroskopis bahkan tidak terlihat secara kasat mata dan tidak bersinggungan dengan kehidupan sehari-hari pebelajar sehingga sulit dipahami oleh pebelajar. Kesulitan pemahaman pebelajar pada konsep-konsep genetika disebabkan oleh cara penyajian konsep yang sudah tidak relevan lagi. Pada umumnya yang ditekankan dipelajari pada mata pelajaran genetika adalah berdasarkan sejarah bukan pada urutan konsep. Hal ini menyebabkan siswa menjadi miskin pemahaman, pemahaman yang terfragmentasi dan pada akhirnya konsep genetika sulit untuk dipahami Corebima (2009). Kesulitan pemahaman ini menurut Bahar *et al.*, (1999) karena materi substansi genetika susah untuk diamati, apalagi tanpa bantuan peralatan khusus. Materi genetika juga bersifat abstrak dan mikroskopis (Tsui dan Treagust, 2003).

Faktor-faktor lain adalah lingkungan, media serta cara pembelajaran yang diterima pebelajar juga bisa menjadi penyebab munculnya pemahaman yang tidak sejalan dengan kaidah ilmiah. Faktor-faktor tersebut menyebabkan pebeajar untuk berjuang memvisualisasikan konsep-konsep mikroskopis yang bersifat abstrak bagi mereka. Dampak pemahaman yang menyimpang ini lebih lanjut akan mempengaruhi proses pembelajaran pada jenjang pendidikan yang lebih tinggi.

Untuk memotong rangkaian tersebut maka perlu dicari alternatif pembelajaran yang dapat memberikan pengalaman dan wawasan pembelajaran yang berarti bagi pebelajar sehingga pebelajar dapat melakukan koreksi terhadap kekeliruan terhadap pemahaman konsep yang dialaminya serta pebelajar dapat membangun pengetahuannya secara bermakna.



Gambar 3.1 Alur paradigma pembelajaran berbasis bioinformatika

### 3.2 Definisi Operasional

Definisi terhadap beberapa istilah yang digunakan dalam rumusan masalah perlu diberikan beberapa batasan agar tidak terjadi kesalahpahaman dalam menginterpretasikan hasil penelitian ini.

#### 3.2.1 Representasi multipel Bioinformatika

Representasi multipel merupakan penyajian konsep yang sama melalui representasi yang berbeda-beda meliputi verbal, grafik, *mode numerical* atau merupakan eksposur berulang-ulang. Bioinformatika meliputi penelitian, pengembangan atau aplikasi *tools* komputasi dan pendekatan dengan menggunakan data-data biologi, medis, meliputi perolehan, penyimpanan, pengorganisasian, analisis dan visualisasi data. Bioinformatika secara *in-silico* dapat merepresentasikan konsep-konsep biologi molekuler dalam berbagai jenis tampilan seperti grafik, teks, gambar dan simbol.

#### 3.2.2 Conceptual Change

Pengalaman *conceptual change* yang terjadi pada pebelajar dapat diamati melalui sebuah proses transformasi dari beberapa pengetahuan awal menjadi pengetahuan akhir (mempunyai konsep yang baru). Oleh karena itu perlu mengidentifikasi representasi awal, representasi akhir serta mekanisme perukjubahan yang terjadinya. Perubahan pengetahuan mahasiswa pada suatu topik pembelajaran dikarakterisasi melalui analisis perubahan representasi awal terhadap representasi akhir (rerepresentasi).

### 3.3 Subjek Penelitian

Penelitian ini dilakukan di Sekolah Tinggi Keguruan dan Ilmu Pendidikan (STKIP) - Garut, Jawa Barat. Subjek penelitian ini adalah mahasiswa (n = 72) semester VII jurusan pendidikan biologi, STKIP – Garut pada mata kuliah bioteknologi (2 sks). Kurikulum pendidikan Biologi di STKIP – Garut tidak ada mata kuliah wajib biologi molekuler sedangkan mata kuliah wajib genetika diberikan pada semester yang sama dengan mata kuliah pilihan bioteknologi.

### 3.4 Materi Penelitian

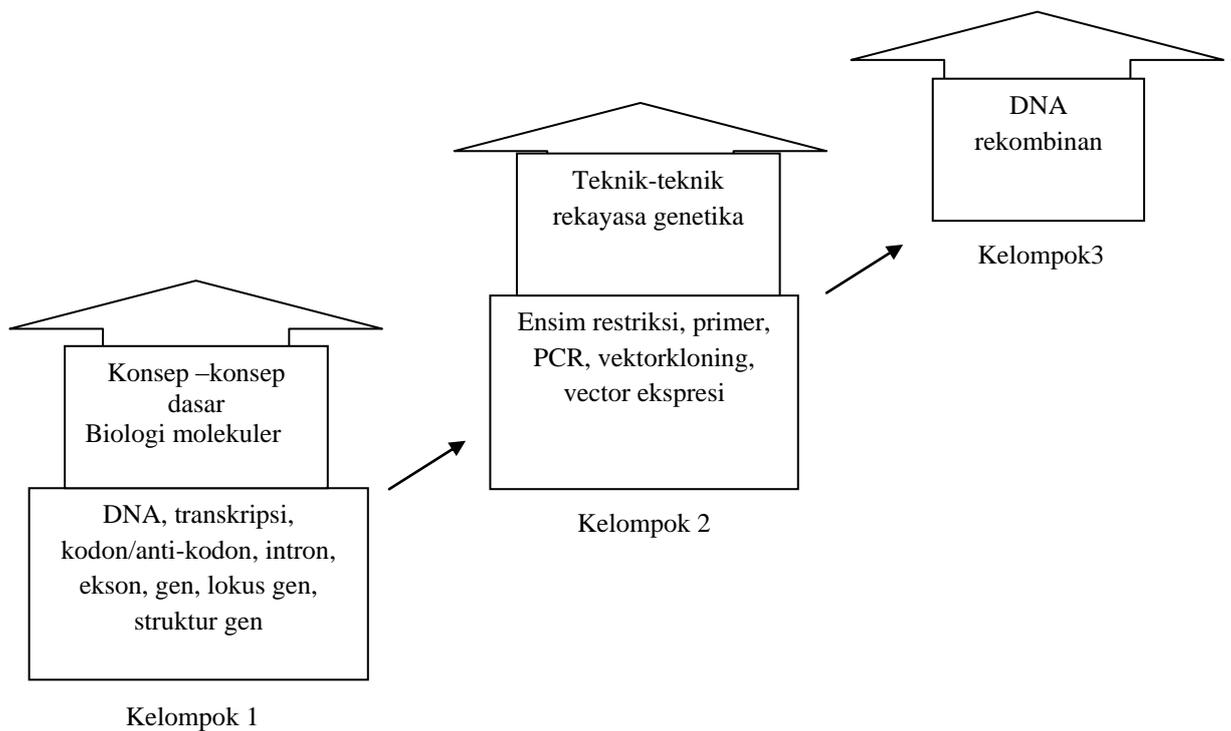
Materi penelitian ini dilakukan dengan menggunakan mata kuliah bioteknologi, meliputi pemahaman yang paling mendasar pada DNA, RNA, protein, genom dan gen; pemahaman aplikasi konsep pada teknik-teknik rekayasa 1 dan 2. Setelah mengalami proses pembelajaran ini mahasiswa pada akhirnya diharapkan dapat memahami materi DNA rekombinan sebagai gambaran prinsip dari bioteknologi modern. Materi penelitian ini dilakukan dengan menggunakan mata kuliah bioteknologi yang meliputi 17 topik pembelajaran seperti diuraikan di bawah ini.

Tabel 3.1 Fokus pembelajaran berbasis bioinformatika

No.	Topik	Fokus pembelajaran
1	DNA	Pasangan basa DNA, sifat anti-pararel benang ganda DNA, komplementari benang DNA
2	Transkripsi	Pasangan basa RNA, transkripsi, benang sense dan anti-sense
3	Kode genetik	mRNA, translasi asam amino
4	kodon/Anti-kodon	mRNA, translasi, kodon and anti-kodon
5	Intron	intron, sekuen non-koding
6	Ekson	exon, sekuen koding
7	Gen	koding dan non-koding, mRNA, ekson, intron, <i>start</i> kodon, <i>stop</i> kodon
8	Genom prokariot	lokus gen
9	Genom eukariot	lokus gen
10	Struktur gen prokariot	Monocistronik dan polycistronik
11	Struktur gen eukariot	Monocistronik
12	Ensim restriksi	Sisi pengenalan ensim restriksi
13	Primer	Disain primer dan perannya pada proses PCR
14	PCR	Proses PCR dan analisis hasil PCR
15	Vektor	Vektor kloning
16	Vektor	Vektor ekspresi
17	DNA rekombinan	DNA rekombinan

Tujuan proses pembelajaran ini adalah agar pada akhir perkuliahan mahasiswa dapat memahami konsep DNA rekombinan. Oleh karena itu urutan perkuliahan

dilakukan sesuai dengan urutan pada tabel di atas. Topik nomor 1 – 11 merupakan kelompok topik 1 yaitu konsep-konsep dasar pada penelitian ini, topik nomor 12 - 16 merupakan kelompok topik 2 yaitu topik-topik pada teknik-teknik rekayasa genetika yang mengaplikasikan konsep-konsep dasar. Hasil pembelajaran pada kelompok 1 dan 2 diharapkan dapat memberikan gambaran pada mahasiswa untuk dapat memahami topik nomor 17 yaitu DNA rekombinan.



Gambar 3. 2 Jenjang topik-topik pembelajaran

### 3.5 Prosedur Penelitian

Proses pembelajaran berbasis bioinformatika ini menggunakan serangkaian pengajaran konstruktivist yang dikembangkan oleh Driven (1989) dan Driven & Oldvam (1985) dalam Franke *et al.*, (2013). Adapun prosedur penelitian meliputi 4 phase penelitian sebagai berikut:

### 3.5.1 Phase orientasi

Pada phase ini akan dilakukan identifikasi pemahaman konsep mahasiswa terhadap beberapa topik yang terdapat dalam mata kuliah bioteknologi. Untuk mendapatkan data ini maka pada penelitian ini akan digunakan pre-test yang berupa pemberian instrumen pertanyaan isian/essay yang bisa menggali pola pemikiran setiap mahasiswa pada setiap konsep. Instrumen ini akan memberikan gambaran untuk mengetahui kedalaman pengetahuan awal mahasiswa terhadap suatu konsep, pemahaman apa yang sudah diketahui oleh mahasiswa, apakah terdapat miskonsepsi pada pemahaman siswa atau apakah pemahaman tersebut belum sampai kepada siswa.

### 3.5.2 Phase Discovery

Berdasarkan hasil phase orientasi selanjutnya dapat ditentukan konsep-konsep yang akan dilibatkan pada penelitian ini. Sesuai dengan tingkat kesulitannya, maka dilakukan pengurutan konsep-konsep dari konsep yang paling sederhana sampai konsep yang paling *advance*. Pada penelitian ini phase *discovery* membagi konsep biologi molekuler menjadi 3 kajian, yaitu kelompok 1 merupakan topik-topik yang termasuk ke dalam konsep biologi molekuler dasar, kelompok 2 merupakan topik-topik yang termasuk ke dalam teknik-teknik rekayasa genetika, sedangkan kelompok 3 hanya terdiri dari 1 topik kajian yaitu DNA rekombinan. Topik DNA rekombinan ini merupakan salah satu konsep yang ingin digali dari mahasiswa setelah mereka mengalami proses pembelajaran pada kelompok 1 dan 2.

### 3.5.3 Phase Restrukturisasi Ide-Ide

Pada phase ini akan dilakukan proses pembelajaran melalui representasi multipel bioinformatika pada beberapa konsep yang terdapat dalam satuan acara perkuliahan bioteknologi yang meliputi konsep genetik (molekuler) terdiri dari DNA, transkripsi dan kode genetik, kodon/anti-kodon, intron, ekson, gen, kromosom, alel gen, struktur gen, enzim restriksi, *primer*, *Polymerase Chain Reaction* (PCR), DNA rekombinan. Hasil phase restrukturisasi ini diharapkan

siswa akan memperoleh wawasan pada konsep biologi molekuler dasar dan dapat melakukan klarifikasi maupun melakukan koreksi (*in conflict with*) terhadap pemahaman konsep-konsep terkait sebelumnya yang mereka pegang.

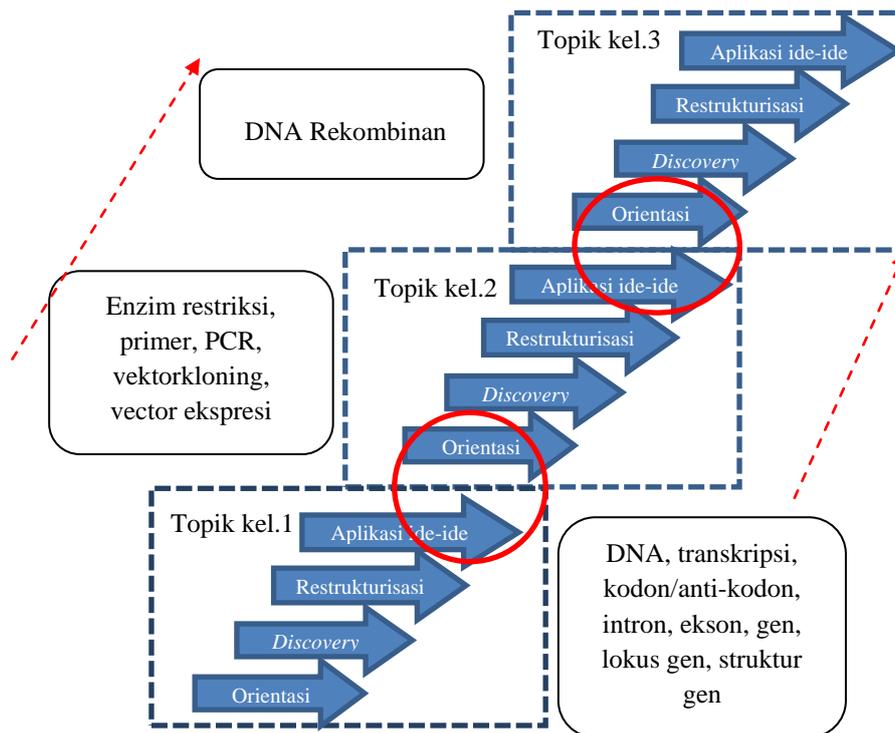
Pada phase pembelajaran berbasis bioinformatika ini menggunakan pendekatan pedagogi *Problem Spaces*. *Problem spaces* merupakan pendekatan pedagogi yang dikembangkan oleh BEDROCK, meliputi penggabungan satu atau lebih pertanyaan mendasar biologi dengan *tools* analitik dan set data yang banyak sehingga dapat memberikan siswa kesempatan untuk mengeksplorasi secara bebas dalam framework yang jelas. *Problem spaces* pada penelitian ini akan melibatkan komponen-komponen dalam prinsip biologi yaitu *tools* analitik, *tools* visualisasi molekuler, dan *retrival* set data seperti basa nukelotida, data genomik, data cDNA dan data asam amino (Jungck *et al.*, 2010).

#### **3.5.4 Phase Aplikasi Ide-Ide**

Setelah mengalami phase; orientasi, *discovery*, restrukturisasi, tahapan selanjutnya dari strategi pembelajaran konstruktivist adalah phase aplikasi ide-ide. Pada phase ini mahasiswa akan menggunakan hasil proses pembelajaran dan akan menggunakannya untuk memahami konsep berikutnya. Seperti diuraikan di atas bahwa topik pembelajaran yang digunakan pada penelitian ini dibagi menjadi 3 kelompok dengan urutan dari mulai yang sederhana sampai ke jenjang yang paling *advance*.

Pembelajaran sains merupakan pembelajaran yang berkesinambungan. Urutan pembelajaran disusun sedemikian rupa sehingga urutan pertama akan menjadi pijakan bagi urutan kedua dan begitu seterusnya. Oleh karena itu berdasarkan uraian phase-phase pembelajaran di atas, maka pengelompokkan topik-topik dalam pembelajaran berbasis bioinformatika ini dapat digambarkan menjadi suatu siklus yang saling berhubungan. Phase akhir (*aplikasi*) dari proses pembelajaran topik kelompok 1 (DNA, transkripsi, kodon/anti-kodon, intron, ekson, gen, lokus gen, struktur gen) menjadi landasan pemahaman bagi mahasiswa dalam mengikuti proses pembelajaran topik kelompok 2 (Enzim restriksi, primer, PCR, vektor kloning, vektor ekspresi) Begitu pula dari phase

akhir (aplikasi ide-ide) proses pembelajaran topik kelompok 2 menjadi bahan orientasi mahasiswa untuk memahami topik kelompok 3 (DNA Rekombinan). Setiap siklus pada proses pembelajaran ini menjadi saling berkesinambungan seperti digambarkan pada gambar 3.3.

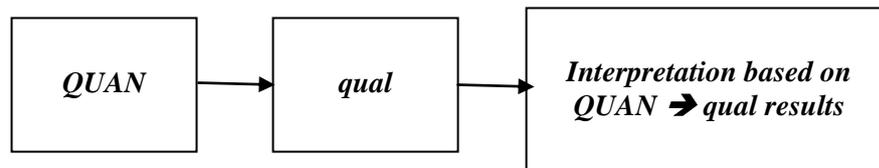


Gambar 3.3 Siklus konstruktivis pembelajaran berbasis bioinformatika

### 3.5 Disain Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk menggambarkan pengetahuan mahasiswa setelah mengalami pembelajaran serta bagaimana sistem perubahannya dan perubahan apa yang akan dihasilkannya. Oleh karena itu disain penelitian ini menggunakan metode *mixed method* dengan *disain Eksplanatori*. *Mixed method* merupakan metode kombinasi yang menyertakan data kuantitatif dan kualitatif. Tujuannya agar data kuantitatif dapat membantu menjelaskan atau memberikan dasar bagi hasil kualitatif (Creswell, Plano Clark *et al.*, 2003). Data kuantitatif

yang dihasilkan pada penelitian ini hanya untuk memberikan gambaran pemahaman mahasiswa secara umum pada setiap topik pembelajaran. Data kualitatif diperlukan untuk menguraikan lebih detail lagi variasi pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada setiap topik pembelajaran. Adapun bagan disain penelitian secara eksplanatori dapat digambarkan sebagai berikut:



Gambar 3.4 Disain penelitian *mixed method explanatory*

Sumber data-data kualitatif pada penelitian ini diperoleh dari variasi pemahaman mahasiswa pada *pre* dan *post-test*. Data-data kualitatif tersebut selanjutnya diklasifikasikan menjadi beberapa katagori dan selanjutnya berdasarkan klasifikasi ini dilakukan penghitungan prosentasenya sehingga diperoleh data kuantitatif. Selanjutnya data kuantitatif *pre* dan *post-test* dibandingkan dan diklasifikasikan kembali secara kualitatif menggunakan katagori yang dikembangkan sendiri. Selanjutnya dilakukan analisis perubahan katagori data *pre* dan *post-test* secara kualitatif dengan menggunakan klasifikasi level *conceptual change*. Hasil klasifikasi ini kemudian diprosentasekan sehingga diperoleh data kuantitatif yang akan menunjukkan pengaruh proses pembelajaran yang telah dialami mahasiswa. Hasil analisis kuantitatif ini memperkuat data kualitatif dari variasi pemahaman mahasiswa.

### 3.6 Instrumen

Pada penelitian ini digunakan beberapa instrumen, yaitu *pre-test*, *post-test* dan buku lembar kerja mahasiswa yang sudah dilakukan validasi oleh para ahli yang kompeten dibidang bioteknologi, bioinformatika dan biologi molekuler. Pengambilan data *pre-test* dan *post-test* dilakukan pada setiap topik pembelajaran,

sehingga pada penelitian akan diperoleh 17 data respon *pre* dan *post-test* mahasiswa. Beberapa pertanyaan yang diajukan dalam *pre* dan *post-test* merupakan pertanyaan yang sama dengan menggunakan tipe pertanyaan essay yang meminta mahasiswa untuk menjawab dalam bentuk tulisan atau gambar. Berdasarkan jawaban tersebut diharapkan hasil penelitian ini dapat memberikan gambaran konsepsi awal dan akhir mahasiswa terhadap konsep-konsep yang ditanyakan. Pertanyaan-pertanyaan dalam *pre/post-test* sebagian besar merupakan pertanyaan yang saling berhubungan antara materi satu dengan materi berikutnya. Hal ini dimaksudkan untuk memancing mahasiswa terhadap dampak pembelajaran sebelumnya agar bisa dikaitkan dengan materi berikutnya yang lebih kompleks. Oleh karena itu sesuai dengan Smith (2008) bahwa perlu dibuat tabel pola distribusi soal-soal yang digunakan dalam instrumen yang berhubungan dengan konsep-konsep yang terdapat dalam fokus subyek penelitian.

Instrumen buku latihan kerja yang dikembangkan pada penelitian ini berisi materi-materi yang terdiri dari sub-materi-sub-materi yang dirancang sesuai dengan kaidah pembelajaran yaitu dimulai dari yang sederhana – rumit – aplikasi. Pada buku latihan kerja ini, mahasiswa diperkenalkan dan diajak menggunakan berbagai program bioinformatika baik yang bersifat *online* maupun *off-line* untuk mengasah kemampuan mahasiswa serta memperdalam pemahaman mahasiswa terhadap konsep-konsep terkait. Pada buku latihan kerja ini juga pada setiap materi dan sub-materi disajikan latihan-latihan pembelajaran biologi molekuler berbasis bioinformatika, sehingga mahasiswa dapat lebih menguatkan pemahamannya terhadap konsep-konsep terkait.

### **3.7 Analisis Data**

Pada penelitian ini dilakukan 2 tahapan analisis data yaitu analisis karakteristik representasi multipel bioinformatika dan analisis re-representasi serta assessmen *conceptual change* yang terjadi pada mahasiswa.

### **3.7.1 Karakteristik Representasi Multipel Bioinformatika**

Pada penelitian ini karakteristik representasi multipel (MERs) bioinformatika dianalisis dan dikelompokkan menjadi tipe-tipe MERs bioinformatik yang sesuai dengan karakteristik MERS dari Wu & Putambekar (2012). MERs dikelompokkan menjadi 4 tipe representasi dan proses ilmiah yang terjadi serta dampaknya pada pebelajar.

Tabel 3.2 Representasi multipel, proses ilmiah dan dampaknya pada pebelajar  
(Wu & Putambekar, 2012)

<b>Tipe</b>	<b>Contoh representasi</b>	<b>Proses ilmiah</b>	<b>Dampak bagi pebelajar</b>
<i>Verbal-textual</i>	Metafor, proposisi oral, tulisan	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Mengajukan pertanyaan</li> <li>- Mengkonstruksi penjelasan</li> <li>- Evaluasi informasi</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- menghasilkan &amp; menyajikan pertanyaan</li> <li>- merumuskan penjelasan</li> <li>- mengembangkan kriteria untuk mengkonfirmasi penjelasan</li> <li>- menginterpretasikan bukti</li> </ul>
<i>Symbolic-mathematical</i>	Persamaan, rumus, struktur	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Analisis &amp; interpretasi data</li> <li>- Mengkonstruksi dan menjelaskan</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- menganalisis data &amp; menginterpretasikan dampak visualisasi dan representasi penemuan</li> <li>- mengatur informasi kuantitatif</li> <li>- merumuskan penjelasan hasil</li> </ul>
<i>Visual graphical</i>	Animasi, simulasi, diagram, grafik, tabel	<ul style="list-style-type: none"> <li>- merencanakan &amp; melakukan penelitian</li> <li>- Menganalisis &amp; interpretasi data</li> <li>- Mengkonstruksi &amp; menjelaskan</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- melakukan penelitian dengan mengubah variable/manipulasi</li> <li>- mengidentifikasi eror</li> <li>- mengidentifikasi data menggunakan diagram, grafik dan vektor</li> <li>- visualisasi hubungan antara variable</li> </ul>
<i>Actional-operational</i>	Demonstration, gestur, manipulatif, model	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Merencanakan &amp; melakukan penelitian</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- merancang &amp; melakukan penelitian dalam konteks nyata</li> <li>- mengalami &amp; memanipulasi phenomena dengan ukuran &amp; data yang ada</li> </ul>

### 3.7.2 Assessmen *Conceptual Change*

*Assessmen conceptual change* yang umum digunakan adalah dengan menggunakan tipe pertanyaan benar/salah, benar/salah dengan alasan dan pilihan ganda. Semua tipe pertanyaan yang digunakan merupakan hasil survey pada berbagai sekolah maupun universitas sehingga pertanyaan-pertanyaan yang

digunakan dapat menggali semua konsep yang sulit dengan berbagai miskonsepsi yang terkandung didalamnya. Seperti pada *Genetic Literacy Assessment (GLA)*, *Genetic Concept Assessment (GCA)*, *Biology Concept Inventory (BCI)*, *Host-Pathogen Concept Inventory (HCI)* dan *Inventory of Natural Selection (Tanner & Allan, 2005; Bowling et al., 2008, Marbach-Ad et al., 2009; Smith et al., 2008; Smith & Knight, 2010; Anderson, 2002)*.

Menurut Smith (2008) tipe pertanyaan benar/salah, benar/salah dengan alasan dan pilihan ganda tidak dapat menggali variasi pemahaman yang ada pada pebelajar. Hewson (1992) melakukan *assessment conceptual change* dengan cara memberikan 3 kategori yaitu; *extinction*, *exchange* dan *extension*. *Extinction* diberikan bagi pebelajar yang mampu membuang pemahaman lama menjadi pemahaman baru, *exchange* diberikan bagi pebelajar yang mampu mengubah pemahamannya menjadi pemahaman baru dan *extension* diberikan bagi pebelajar yang mampu menambah pemahamannya. Namun demikian bagaimana melakukan *assessment conceptual change* tersebut tidak dijelaskan. *Assessment conceptual change* dengan menggunakan tipe pertanyaan isian digunakan oleh McDonal & Gomes (2013). Mereka melakukan *assessment conceptual change* dengan cara memberikan skor pada jawaban pebelajar kemudian melakukan *identifier quality* menjadi 3 kategori; skor 1, untuk jawaban B (*blank*), I (*inaccurate*), V (*vague description*); skor 2 untuk jawaban L = *limited definition*, P = *partially correct*, N = *novice language used (but otherwise, accurate)*. Menurut mereka hasil *assessment* ini belum mampu memberikan penilaian grading pemahaman yang terjadi pada pebelajar. Berdasarkan *identifier quality* di atas dapat dilihat bahwa dalam *assessment* tersebut tidak ada perbedaan skor antara pebelajar yang tidak memberikan jawaban, jawaban salah maupun jawaban yang samar dan demikian juga halnya antara pebelajar yang memberikan jawaban yang terbatas, parsial, maupun jawaban yang akurat. *Assessment* tersebut tidak mampu menilai adanya perbedaan jawaban antara satu kategori dengan kategori lainnya, sehingga tidak dapat menunjukkan adanya variasi pemahaman yang terjadi pada pebelajar

Oleh karena itu pada penelitian ini akan dikembangkan metode *assessment conceptual change* berbasis pertanyaan essay (*Conceptual Change Assessment*

*Based On Essay Questions /CCABEQ*) yang dapat mengungkapkan level capaian *conceptual change* pada mahasiswa. Adapun tahapan proses *assessment conceptual change* meliputi beberapa tahapan;

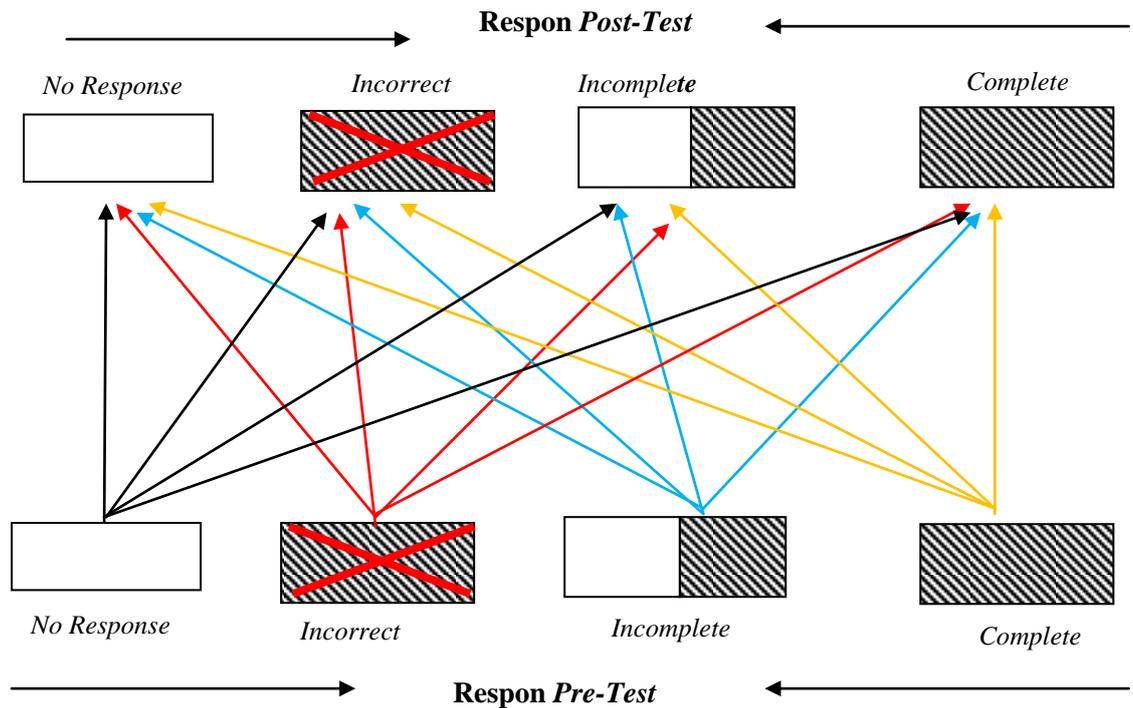
### 3.7.2.1 Katagori respon

Tipe pertanyaan yang digunakan sebagai instrumen pada *pre* dan *post-test* adalah pertanyaan berbentuk *essay*. Tipe pertanyaan ini dapat menggali semua variasi pemahaman yang ada pada mahasiswa, sehingga akan dapat menampung keragaman pemahaman yang ada. Katagori respon dilakukan dengan tujuan untuk merangkum semua variasi jawaban pada *pre* dan *post-test* mahasiswa untuk kemudian dikelompokkan berdasarkan tingkat jawabannya. Katagori respon *mahasiswa* dikelompokkan menjadi 4 katagori, yaitu ;

Tabel 3.3 Pengelompokkan katagori respon

<b>Katagori</b>	<b>Deskripsi representasi</b>
<b><i>No response (B)</i></b>	mahasiswa tidak memberikan jawaban apapun
<b><i>Incorrect (IN)</i></b>	mahasiswa mempunyai jawaban alternatif yang tidak sesuai dengan kaidah ilmiah
<b><i>Incomplete (NC)</i></b>	Mahasiswa mempunyai jawaban yang tidak lengkap
<b><i>Complete (C)</i></b>	Mahasiswa mempunyai jawaban yang benar dan komprehensif

Setiap individu mahasiswa mempunyai mekanisme internalisasi proses pembelajaran secara berbeda-beda. Hal ini tergantung pada pengetahuan awal masing-masing yang telah mereka pahami. Oleh karena itu pada penelitian ini akan dipaparkan semua kemungkinan yang terjadi tingkat perubahan respon mahasiswa terhadap setiap topik pembelajaran yang dilibatkan dalam proses pembelajaran ini (Gambar 3.5).



Gambar 3.5 Kemungkinan perubahan katagori respon mahasiswa

Pemahaman awal mahasiswa terhadap suatu konsep bisa sama atau berbeda satu sama lain, demikian pula pemahaman akhir mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran. Pada pemahaman awal mahasiswa bisa berada pada katagori *no response*, *incorrect*, *incomplete* atau *complete*. Hal ini tergantung pada proses pembelajaran yang mahasiswa alami selama mereka sekolah di tingkat sebelumnya ataupun sekolah menengah atas. Pemahaman awal mahasiswa yang berbeda-beda tersebut dapat mempengaruhi proses pembelajaran, sehingga hasil penilaian pada akhir perkuliahan melalui *post-test* juga akan menghasilkan variasi katagori yang berbeda-beda. Secara lebih sederhana proses perubahan pemahaman mahasiswa dari *pre-test* ke *post-test* dapat dilihat pada tabel di bawah ini.

Table 3.4 Proses perubahan pemahaman pada mahasiswa

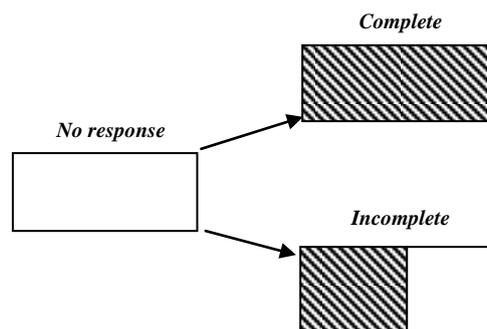
Individual	Pre-test	Post-test	Level conceptual change
Student 1	No Response (NR)	No Response (NR)	Static (S)
Student 2	No Response (NR)	Incorrect (IC)	Disorientation (D)
Student 3	No Response (NR)	Incomplete (IN)	Construction (Co)
Student 4	No Response (NR)	Complete (C)	Construction (Co)
Student 5	Incorrect (IC)	No Response (NR)	Disorientation (D)
Student 5	Incorrect (IC)	Incorrect (IN)	Static (S)
Student 6	Incorrect (IC)	Incomplete (IN)	Revision (R)
Student 7	Incorrect (IC)	Complete (C)	Revision (R)
Student 8	Incomplete (IN)	No Response (NR)	Disorientation (D)
Student 9	Incomplete (IN)	Incorrect (IC)	Disorientation (D)
Student 10	Incomplete (IN)	Incomplete (IN)	Static (S)
Student 11	Incomplete (IN)	Complete (C)	Complementation (Cp)
Student 12	Complete (C)	No Response (NR)	Disorientation (D)
Student 13	Complete (C)	Incorrect (IC)	Disorientation (D)
Student 14	Complete (C)	Incomplete (IN)	Disorientation (D)
Student 15	Complete (C)	Incorrect (IC)	Disorientation (D)
Student 16	Complete (C)	Complete (C)	Student knows the term from the beginning (no conceptual change) (K)

### 3.7.2.2 Klasifikasi Level Perubahan Konsep Pada Mahasiswa

Menurut Lappi (2013) bahwa pengalaman *conceptual change* dapat diamati sebagai sebuah proses transformasi dari beberapa pengetahuan awal menjadi pengetahuan akhir (mempunyai konsep yang baru). Oleh karena itu proses karakterisasi *conceptual change* memerlukan; (1) representasi awal, (2) representasi akhir dan (3) spesifikasi mekanisme proses pembelajaran yang telah memodifikasi perubahan. Proses pembelajaran ini menyebabkan pembelajar jadi mempunyai konsep-konsep yang sebelumnya tidak dimilikinya atau diketahuinya secara salah. Oleh karena itu perubahan tingkat jawaban mahasiswa pada *pre* dan

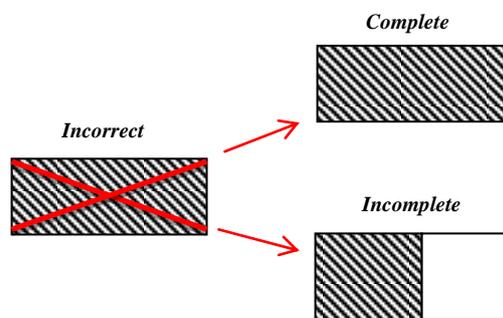
*post-test* sebagai perbandingan hasil proses pembelajaran tersebut pada penelitian ini, selanjutnya dilakukan analisis terhadap perubahan yang terjadi. Setelah mengalami proses pembelajaran, setiap mahasiswa akan mempunyai perubahan pemahaman yang berbeda-beda. Perubahan pemahaman yang terjadi ini dapat menghasilkan peningkatan pemahaman ke arah yang lebih baik, tidak mengalami perubahan pemahaman atau perubahan pemahaman ke arah yang lebih buruk dari pemahaman awalnya.

Pola perubahan pemahaman yang dapat dialami oleh setiap mahasiswa meliputi beberapa hal. Pertama, *Level construction*, level ini merupakan level perubahan pemahaman yang diberikan kepada mahasiswa apabila mahasiswa tersebut telah melakukan konstruksi pemahamannya dari tidak mempunyai jawaban apapun pada saat *pre-test* menjadi mempunyai pemahaman, baik yang tidak lengkap maupun lengkap. Hasil analisis ini bisa menginformasikan 3 hal penting yaitu: (1) konsep yang diberikan merupakan informasi baru bagi mahasiswa, (2) pengalaman pembelajaran yang dulu dialami mahasiswa pada konsep terkait tidak memberikan pembelajaran yang bermakna dan (3) proses pembelajaran yang telah berlangsung dapat meningkatkan kemampuan mahasiswa dalam mengkonstruksi pengetahuannya menjadi pengetahuan yang lebih baik, *incomplete*, maupun *complete*.



Gambar 3.6 Level perubahan konsep *construction*

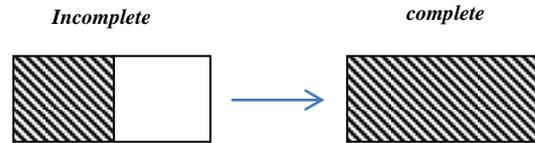
Kedua, Level *revision* merupakan level perubahan pemahaman yang diberikan kepada mahasiswa apabila mahasiswa tersebut telah melakukan perbaikan terhadap pemahamannya dari jawaban yang tidak sesuai kaidah ilmiah pada saat *pre-test* menjadi mempunyai pemahaman yang tidak lengkap maupun lengkap. Hasil analisis ini bisa menginformasikan 3 hal penting yaitu: (1) konsep yang diberikan merupakan konsep yang umum bagi mahasiswa, (2) pengalaman pembelajaran yang dulu dialami mahasiswa pada konsep terkait telah dipahami secara alternatif dan (3) proses pembelajaran yang berlangsung telah memberikan pengetahuan yang jelas sehingga mahasiswa mampu melakukan koreksi terhadap pemahaman alternatif yang telah mereka pahami selama ini.



Gambar 3.7 Level perubahan konsep *revision*

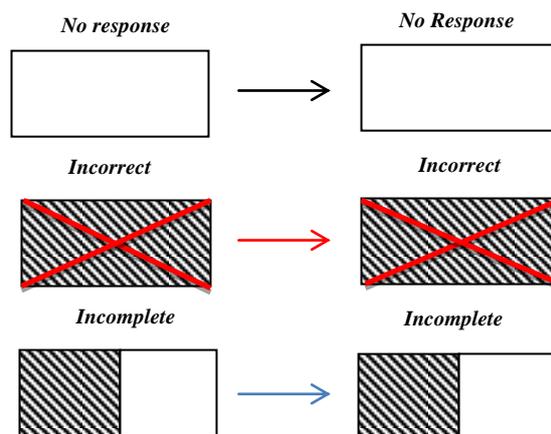
Ketiga, Level *complementation*, level ini merupakan level perubahan pemahaman yang diberikan kepada mahasiswa apabila mahasiswa tersebut telah melakukan peningkatan pemahamannya dari jawaban yang kurang lengkap pada saat *pre-test* menjadi mempunyai pemahaman lengkap. Hasil analisis ini bisa menginformasikan 3 hal penting yaitu: (1) konsep yang diberikan merupakan konsep yang umum bagi mahasiswa, (2) pengalaman pembelajaran yang dulu dialami mahasiswa pada konsep terkait telah dipahami secara tidak utuh dan (3) proses pembelajaran yang berlangsung telah mampu mengisi *gap-gap* pemahamannya yang selama ini belum dipahaminya serta mereka mampu

mengintegrasikannya dengan pemahaman awal sehingga menjadi pemahaman yang komprehensif.



Gambar 3.8 Level perubahan konsep *complementation*

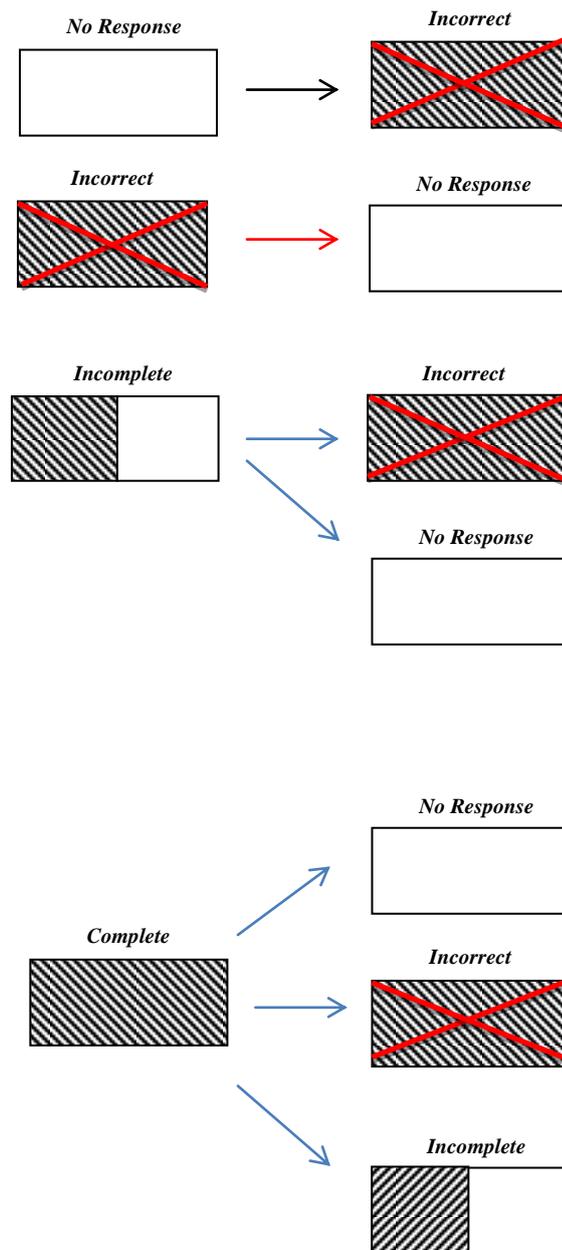
Keempat, Level *static*, level ini merupakan level pemahaman yang diberikan kepada mahasiswa apabila tidak terjadi perubahan pemahaman (*pre* dan *post-test*) pada mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran. Hasil analisis ini bisa menginformasikan 3 hal penting yaitu: (1) konsep yang diberikan merupakan konsep yang umum bagi mahasiswa, (2) pengalaman pembelajaran yang dulu dialami mahasiswa pada konsep terkait telah dipahami secara berbeda-beda, baik pemahaman alternatif maupun pemahaman yang tidak utuh dan (3) proses pembelajaran yang telah berlangsung tidak mampu memberikan peningkatan pemahaman yang berarti pada mahasiswa.



Gambar 3.9 Level perubahan konsep *Static*

Proses pembelajaran bagi sebagian mahasiswa bisa saja tidak memberikan pengaruh apapun dalam proses memahami suatu konsep. Hal ini bisa dilihat pada gambar di atas kemungkinan pengaruh yang terjadi setelah proses pembelajaran. Jenis pengetahuan awal bagi sebagian mahasiswa bisa saja belum memahami apapun terhadap suatu konsep namun setelah mengalami proses pembelajaran, mahasiswa tersebut tetap tidak bisa menuliskan pemahamannya. Sementara itu mungkin saja ada sebagian mahasiswa yang tadinya mempunyai pemahaman yang masih belum utuh namun ketika proses pembelajaran tetap tidak bisa mengintegrasikan bagian-bagian penting dari suatu konsep menjadi konsep yang utuh sehingga setelah proses pembelajaran, mahasiswa tersebut masih tetap memahami konsep secara terfragmentasi. Disisi lain ada juga mahasiswa yang pada awalnya memegang konsep alternatif namun setelah proses pembelajaran tetap saja masih memegang konsep alternatif tersebut. Proses analisis ini dapat memberikan gambaran bagi para pendidik untuk melakukan inovasi-inovasi pada sistem pembelajaran yang dikembangkannya.

Kelima, Level *disorientation*, level ini merupakan level pemahaman yang diberikan kepada mahasiswa apabila perubahan pemahaman yang terjadi pada mahasiswa merupakan perubahan ke arah pemahaman yang lebih buruk. Hasil analisis ini dapat menunjukkan 3 hal penting yaitu: (1) konsep yang diberikan merupakan konsep yang umum bagi mahasiswa, (2) pengalaman pembelajaran yang dulu dialami mahasiswa pada konsep terkait telah dipahami secara alternatif dan (3) proses pembelajaran yang telah berlangsung telah mengakibatkan kebingungan bagi mahasiswa dalam memahami konsep terkait.



Gambar 3.10 Level perubahan konsep *Disorientation*

Pada penelitian ini juga ditemukan respon mahasiswa pada *pre* dan *post-test* yang menunjukkan pemahaman yang sudah benar secara kaidah ilmiah yang dikategorikan sebagai *Student Knows The Term Correctly from the beginning*. Jenis respon ini tidak diikutkan dalam proses klasifikasi level *conceptual change*,

namun tetap diikuti dalam proses analisis presentase jenis katagori respon. Hal ini dilakukan untuk memperoleh gambaran proses pembelajaran yang dialami mahasiswa pada saat semester sebelumnya atau saat mereka di tingkat sekolah menengah atas. Hasil analisis ini dapat menunjukkan 2 hal penting yaitu; (1) konsep yang diberikan merupakan konsep yang telah dipelajari sebelumnya dan (2) pengalaman pembelajaran yang dulu dialami mahasiswa merupakan pembelajaran yang bermakna sehingga konsep tersebut dipahami mahasiswa dalam jangka waktu yang lama.



Gambar 3.11 *Student Knows The Term Correctly from the beginning*

Menurut Lappi (2013) tidak ada satu mekanisme pembelajaran tunggal yang bertanggungjawab untuk semua variasi pada level *conceptual change*. Karakterisasi mekanisme pembelajaran yang terlibat dalam *conceptual change* tergantung pada jenis spesifik cara mereorganisasi pengetahuannya. Berdasarkan uraian di atas maka dapat dibuat tabel yang lebih sederhana dalam menilai level perubahan pemahaman konsep yang terjadi pada setiap mahasiswa.

Tabel 3.5 Klasifikasi level *conceptual change*

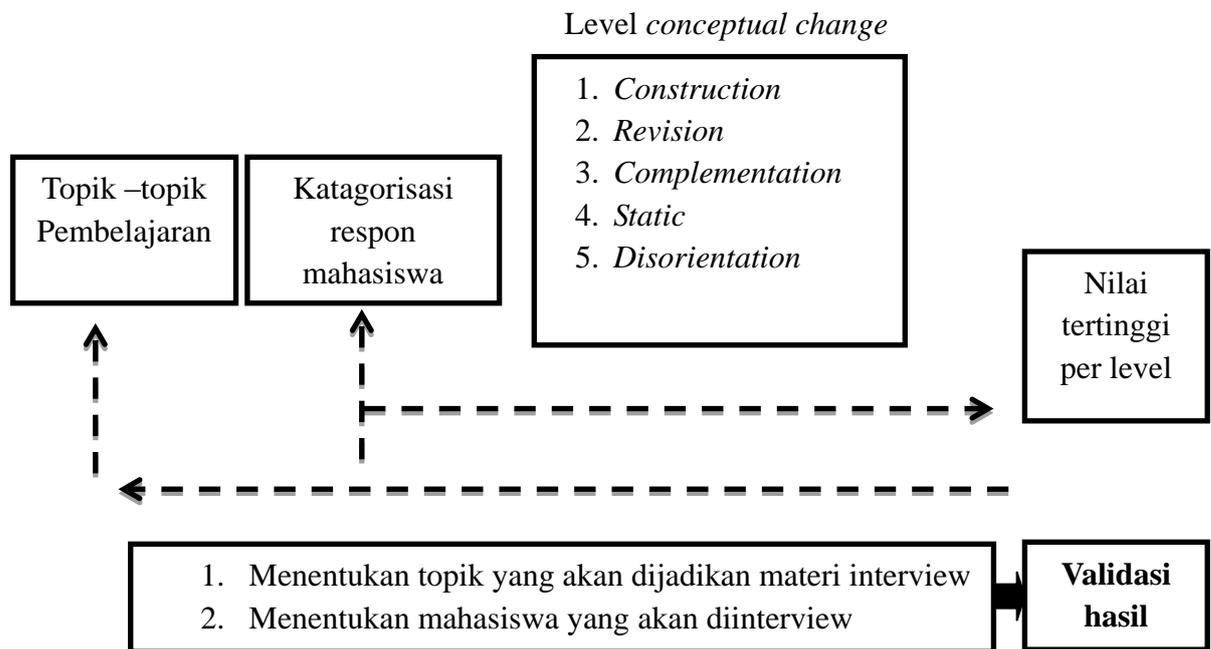
Level	Interpretasi level
<i>Construction</i> (Co)	Mahasiswa mampu melakukan konstruksi pengetahuan
<i>Revision</i> (R)	Mahasiswa mampu melakukan revisi terhadap pemahamannya
<i>Complementation</i> (Cp)	Mahasiswa mampu mengintegrasikan pengetahuan yang baru dengan pengetahuan awalnya menjadi pengetahuan yang komprehensif.
<i>Static</i> (S)	Mahasiswa tidak dapat merubahan pemahaman yang ada menjadi pemahaman yang lebih baik
<i>Disorientation</i> (D)	Mahasiswa mengalami perubahan pemahaman ke

	arah pemahaman yang lebih buruk dari pemahaman awalnya
--	--

Berdasarkan hasil klasifikasi *conceptual change* yang terjadi pada mahasiswa di atas, selanjutnya dapat dilakukan penilaian terhadap proses pembelajaran yang telah berlangsung yang telah dialami oleh mahasiswa. Pada penelitian ini, digunakan definisi *conceptual change* yang merupakan proses perubahan pemahaman mahasiswa terhadap suatu konsep ke arah yang lebih baik sesuai dengan kaidah ilmiah (Vanasdou, 2004 dalam Chi *et al.*, 2008). Level *Construction*, *Revision*, *Complementation*, *static* dan *disorientation* hasil assessmen ini dapat menggambarkan semua level perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa.

### 3.7.2.3 Validitas melalui interview

Proses interview merupakan proses terakhir yang dilakukan pada penelitian kualitatif ini yang bertujuan untuk memperoleh validasi dari mahasiswa yang terlibat dalam proses penilaian *conceptual change*. Konfirmasi hasil assessmen penelitian ini divalidasi dengan melakukan proses interview. Untuk melakukan proses interview ini, pada penelitian ini dilakukan sesuai dengan tahapan awal analisis data sampai akhir proses penilaian capaian proses pembelajaran yang terjadi pada setiap mahasiswa. Sehingga pada akhirnya dapat ditentukan mahasiswa-mahasiswa mana saja yang bisa dijadikan responden pada tahapan interview serta konsep-konsep mana saja yang memerlukan konfirmasi pada tahapan interview. Berikut adalah alur dalam menentukan mahasiswa serta konsep yang terpilih untuk dikonfirmasi melalui proses interview (Gambar 3.12).



Gambar 3.12 Bagan alir proses pemilihan konsep dan mahasiswa terpilih untuk proses interview

Analisis transkrip interview dilakukan dengan menggunakan metode Burnard (1991). Pada metode ini dilakukan katagorisasi kata-kata positif dan kata-kata negatif yang ada dalam data hasil wawancara pada setiap topik yang ditanyakan.

## **BAB IV**

### **HASIL, PEMBAHASAN DAN TEMUAN**

Proses pembelajaran berbasis bioinformatika yang dijalankan pada penelitian ini bertujuan untuk memperbaiki *conceptual change* mahasiswa pada konsep-konsep biologi molekuler. Proses pembelajaran konsep biologi molekuler pada penelitian ini berbasis program-program bioinformatika baik yang bersifat *online* maupun *off-line* dengan menggunakan program-program yang ada. Proses pembelajaran dilakukan dengan menggunakan pendekatan pedagogi *problem spaces* dari Junck *et al.*, (2004) yaitu: menginfusikan program-program bioinformatika pada setiap materi pembelajaran dengan menggunakan studi kasus. Setiap materi pembelajaran dipelajari terlebih dahulu untuk memastikan bagian-bagian mana dari materi tersebut yang bisa diperkuat proses pembelajarannya dengan berbasis bioinformatika.

#### **4.1 Karakteristik representasi multipel bioinformatika yang berperan dalam perubahan *conceptual* pada konsep-konsep biologi molekuler**

Pada penelitian ini seperti diuraikan di bab sebelumnya bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika ini menggunakan strategi pembelajaran konstruktivisme. Strategi ini bertujuan untuk melibatkan mahasiswa dalam proses membangun pengetahuannya dengan melibatkan empat phase yaitu; orientasi, *discovery*, restrukturisasi dan aplikasi ide-ide (Driven *et al.*, 1992 dalam Franke *et al.*, 2013). Materi-materi yang diangkat pada penelitian ini dapat dibagi ke dalam tiga kelompok besar yaitu: (1) konsep dasar biologi molekuler yang meliputi; DNA, transkripsi, kode genetik, kodon/anti-kodon, gen, intron/ekson, lokus gen prokariot/eukariot dan struktur gen prokariot/eukariot; (2) teknik-teknik rekayasa genetika yang meliputi; *primer*, *Polymerase Chain Reaction (PCR)*, enzim restriksi, vektor kloning dan vektor ekspresi serta (3) DNA rekombinan. Topik kelompok 1 menjadi pijakan mahasiswa untuk memahami topik kelompok 2, dan topik kelompok 2 menjadi pijakan mahasiswa untuk memahami topik kelompok 3. Oleh karena itu keempat phase ini menjadi satu kesatuan dalam proses pembelajaran berbasis bioinformatika ini.

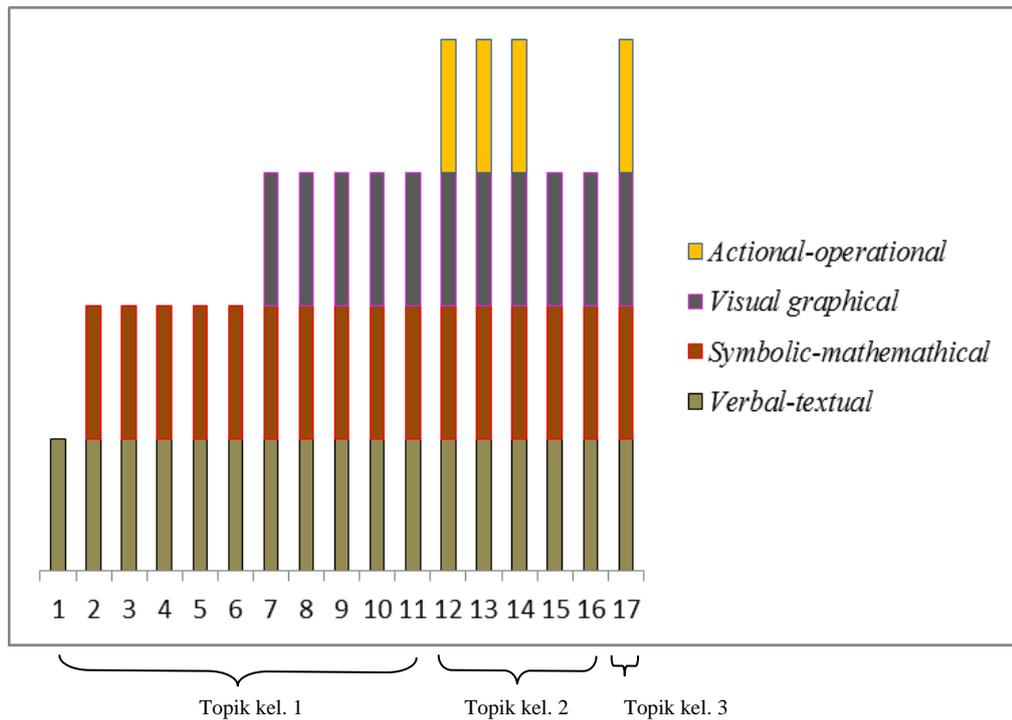
Pembagian materi pembelajaran menjadi tiga kelompok besar tersebut bertujuan untuk menjabarkan konsep-konsep yang kompleks menjadi bagian-bagian yang lebih sederhana. Kelompok 1 merupakan kumpulan konsep-konsep dasar pada biologi molekuler (DNA, transkripsi, kode genetik, kodon/anti-kodon, gen, intron, ekson, lokus gen dan struktur gen). Keberhasilan proses pembelajaran pada kelompok ini dapat menjadi landasan yang sangat baik bagi mahasiswa dalam memahami kelompok materi selanjutnya. Kelompok 2 merupakan kumpulan teknik-teknik yang umum digunakan pada rekayasa genetika meliputi *primer*, PCR, enzim restriksi, vektor kloning dan vektor ekspresi. Untuk memahami bagaimana teknik-teknik ini dapat diaplikasikan dalam proses rekayasa genetika maka memerlukan pemahaman mahasiswa pada konsep-konsep dasar biologi molekuler. Kelompok 3 merupakan materi yang mengaplikasikan proses sains dari mahasiswa. DNA rekombinan sendiri merupakan *learning objective* dari penelitian ini sehingga pada akhir perkuliahan ini mahasiswa dapat mengaplikasikan proses sains dalam memahami konsep DNA rekombinan.

Berdasarkan program-program *off-line* dan *online* bioinformatika serta studi-studi kasus pembelajaran yang digunakan pada penelitian ini dan analisis buku latihan kerja yang digunakan oleh setiap mahasiswa, maka karakteristik representasi multipel dari pembelajaran berbasis bioinformatika ini dapat dikelompokkan menjadi beberapa karakteristik mengacu pada taksonomi MERs menurut Wu dan Putambekar (2012).

Tabel 4.1. Tipe MERs dari bioinformatika

No.	Topik	Tipe representasi multipel			
		<i>Verbal-textual</i>	<i>Symbolic-mathematical</i>	<i>Visual-graphical</i>	<i>Actional-operational</i>
1	DNA	√			
2	Transkripsi	√	√		
3	Kode genetik	√	√		
4	Kodon/anti-kodon	√	√		
5	Intron	√	√		
6	Ekson	√	√		
7	Gen	√	√		
8	Lokus gen prokariot	√	√	√	√
9	Lokus gen eukariot	√	√	√	√
10	Struktur gen prokariot	√	√	√	√
11	Struktur gen eukariot	√	√	√	√
12	Ensim restriksi	√	√	√	√
13	Primer	√	√	√	√
14	PCR	√	√	√	√
15	Vektor ekspresi	√	√	√	
16	Vektor kloning	√	√	√	
17	DNA rekombinan	√	√	√	√

Tabel 4.1 menunjukkan bahwa program bioinformatika *off-line* dan *online* yang digunakan dalam penelitian ini telah memberikan representasi multipel bagi pembelajaran konsep biologi molekular. Topik-topik lokus gen prokariot dan eukariot, enzim restriksi, primer, PCR dan DNA rekombinan termasuk topik-topik yang mempunyai MERs pada semua tipe representasi. Topik transkripsi, kode genetik, kodon/anti-kodon, gen, intron dan ekson termasuk topik-topik yang mempunyai MERs pada tipe verbal & simbolik. Topik vektor kloning dan vektor ekspresi mempunyai MERS pada tiga tipe, *verbal-textual*, *symbolic-mathematical* dan *visual-graphical*. Topik DNA hanya mempunyai satu tipe representasi, yaitu *verbal/teks*. Pemetaan keberadaan representasi multipel dari topik-topik tersebut dapat digambarkan dengan grafik di bawah ini (Gambar 4.1).



Gambar 4.1 Grafik pemetaan tipe representasi dari bioinformatika

Melalui program bioinformatika ini, pasangan purin dan pirimidin DNA maupun transkripsi disajikan secara berulang-ulang. Pemaparan secara berulang-ulang ini dapat menjadikan pengetahuan yang berjangka panjang. Seperti yang ditegaskan oleh Nuthall (1999) bahwa anak-anak memerlukan tiga sampai empat kali pengalaman pada konsep yang sama, baik melalui pengalaman konkret atau individual untuk menjadikannya sebagai pengetahuan yang berjangka panjang. Kode genetik secara simbolik direpresentasikan dengan menggunakan berbagai kode-kode asam amino. Gen, intron dan ekson melalui representasi bioinformatika ini disajikan dalam satu kesatuan yang dapat diuraikan masing-masing dengan menggunakan petunjuk yang ada pada program bioinformatika. Ketiganya mempunyai simbolik – matematik representasi karena setiap gen, intron dan ekson terletak secara pasti sesuai dengan hasil penelitian yang dilakukan penelitiannya, sehingga jarak antara ekson dan intron tidak bisa diubah-ubah. Begitu pula dengan gen. Keberadaan gen pada kromosom sudah berada pada posisi yang sebenarnya.

Representasi lokus gen eukariot dapat memberikan banyak informasi penting bagi mahasiswa. Informasi-informasi itu meliputi; (1) materi genetik dalam inti sel manusia tersebar menjadi 23 pasang kromosom, (2) setiap kromosom mempunyai ukuran panjang/jumlah basa (Mb) yang berbeda-beda, (3) setiap kromosom mempunyai persen GC, jumlah protein dan gen yang berbeda-beda dan (4) letak gen-gen pada setiap kromosom. Sementara itu representasi lokus gen prokariot selain dapat menunjukkan ukuran genom, bentuk genom dan keberadaan gen-gen tetapi juga dapat merepresentasikan letak gen-gen yang sangat berdekatan antar satu gen dengan gen berikutnya. Hal ini berbeda dengan eukariot, dimana jarak antar gen ke gen berikutnya dapat diselingi oleh ratusan sampai puluhan ribu basa. Enzim restriksi, primer, PCR dan DNA rekombinan merupakan topik-topik yang mempunyai tambahan karakteristik representasi *actional-operational*. Hal ini karena program bioinformatika dapat menyediakan simulasi pada topik enzim restriksi, *primer*, PCR dan DNA rekombinan yang dapat dilakukan oleh mahasiswa, sehingga melalui simulasi ini mahasiswa dapat memperdalam pemahamannya.

Representasi multipel (MERs) telah secara luas digunakan dalam sains dan pembelajarannya. MERs diberikan dengan tujuan untuk mendukung keterlibatan pebelajar dalam proses ilmiah. National Research Council (1996), pebelajar sebaiknya diberi kesempatan untuk terlibat dalam beberapa variasi proses ilmiah yang dapat diterangkan salah satunya *tools* dan teknik-teknik untuk memperoleh data, menganalisis data dan menginterpretasikan data. Prain & Waldrip (2008) mengkatagorikan representasi menjadi deskriptif (*verbal, graphic, tabular, experimental, mathematical, figuratif* dan representasi kinestetik). Sampai saat ini belum ada konsesus yang pasti tentang bagaimana mengklasifikasikan variasi representasi yang ada.

Penggunaan MERs bertujuan agar pebelajar dapat mengembangkan keterampilan kognitif, kemampuan eksperimental atau pemahaman tentang phenomena konsep. Pebelajar diharapkan dapat menghubungkan antar representasi yang ada dalam membangun pemahamannya. Penggunaan MERs secara simultan memberikan kesempatan pada pebelajar untuk memvisualisasikan hubungan antara konsep-konsep serta memperkaya pemahaman yang mendalam.

Menurut Kozma *et al.*, 1996 dalam Kozma 2000, representasi yang berbeda-beda dapat memberikan level informasi-informasi yang dapat mempengaruhi konten eksplanasi pebelajar. MERs yang berbeda-beda yang dikemas dengan baik dapat menjadi media pembelajaran yang baik bagi pebelajar sehingga pebelajar dapat menggunakannya untuk mengintegrasikannya dengan pemahaman yang ada menjadi pemahaman yang utuh atau menggunakannya untuk membangun pengetahuan yang baru.

Beberapa studi penggunaan bioinformatika sebagai *tools* pembelajaran telah banyak digunakan di berbagai negara. Luo (2013) mengembangkan ‘*Applied Bioinformatics Course*’ sebagai praktek *in-silico* dalam mengajarkan pebelajar menggunakan sumberdaya bioinformatika untuk memecahkan masalah biologi yang berhubungan dengan proyek penelitian biologi molekuler. Neumann & Provart (2006) mengembangkan miniworkshop berbasis komputer yang mendemonstrasikan latihan-latihan bioinformatika untuk mengembangkan pemahaman mendasar pada bioinformatika. Roberston & Phillips (2007) menggunakan *tools* bioinformatika pada pebelajar untuk memperoleh peningkatan pemahaman pada kualitas primer yang digunakan pada proses *Polymerase Chain Reaction*. Grisham *et al.*, (2010) menggunakan beberapa *web-site* bioinformatika untuk mengajarkan genetika dari level fenotipik sampai level molekuler. Olugbenga (2008) mengembangkan pembelajaran jarak jauh berbasis bioinformatika untuk mengakomodasi kebutuhan pebelajar yang tinggal di kota-kota kecil. Taylor *et al.*, (2014) menggunakan *web-site online* bioinformatika sebagai pembelajaran untuk mendeteksi varian gen *Mycobacterium tuberculosis* yang resisten terhadap antibiotik rifamisin.

Berdasarkan beberapa hasil penelitian penggunaan bioinformatika sebagai *tools* pembelajaran, maka implementasi *tools* pembelajaran bioinformatika mempunyai beberapa kelebihan. Pertama, Mengijinkan pebelajar untuk melakukan eksplorasi database yang ada. Kedua, Memberikan pebelajar dengan kesempatan untuk terlibat dalam aktifitas yang mirip dilakukan oleh peneliti melalui simulasi penelitian berbasis web. Simulasi ini memungkinkan pebelajar untuk mengaplikasikan pengetahuan genetiknya serta memberikan kesempatan bagi mereka untuk berpartisipasi dalam studi genetik menggunakan *tools*

bioinformatika (Gelbart & Yarden, 2009). Ketiga, Pembelajaran berbasis bioinformatika mendukung pembelajaran aktif dan mengayakan pemahaman pebelajar pada materi ajar (Furge *et al.*, 2008). Keempat, Pembelajaran bioinformatika memungkinkan pebelajar untuk meningkatkan kompetensi kunci seperti; kerja kelompok, kreatifitas, berpikir kritis dan memecahkan suatu masalah (Korcsmaros *et al.*, 2013). Kelima, Pembelajaran berbasis bioinformatika memungkinkan pebelajar untuk memvisualisasikan dan memahami konsep genetik lebih baik lagi (Holtzclaw *et al.*, 2006).

Sementara itu strategi dan metode penggunaan bioinformatika sebagai *tools* pembelajaran pun telah disampaikan oleh beberapa peneliti seperti Cattley, 2006, Maloney (2010), Form & Lewitter (2011). Form & Lewitter (2011) mengajukan 10 strategi implementasi sumberdaya bioinformatika sebagai *tools* pembelajaran, yaitu; (1) pembelajaran dibuat sederhana, (2) pembelajaran dibuatlah familiar, (3) mengaitkan dengan kurikulum yang ada, (4) mengembangkan aktivitas yang dapat membangun sosialisasi antar pebelajar, (5) membangun keterampilan melalui penelitian berbasis inkuiri, (6) memberi kesempatan belajar mandiri bagi setiap pebelajar, (7) mengarahkan model pembelajaran multipel, (8) mentenagai pebelajar, (9) menulis tahapan dan hasil pembelajaran dan (10) menghasilkan suatu kesimpulan hasil pembelajaran. Sementara itu Maloney (2010) merekomendasikan berbagai model pembelajaran berbasis bioinformatika, yaitu: (1) Infusi konten bioinformatika ke dalam mata pelajaran yang ada, (2) Mengaitkan biologi dan komputer sains dengan berbagi latihan antar interdisiplin, dan (3) Team-teaching bioinformatika melibatkan instruktur dari berbagai departemen.

Saat ini sumberdaya bioinformatika baik database maupun program-programnya juga telah banyak diimplementasikan sebagai *tools* pembelajaran. Bioinformatika tidak hanya dimiliki oleh para peneliti tetapi dapat digunakan oleh siswa untuk meningkatkan pengetahuannya. Kemajuan yang pesat pada bioinformatika sebagai disiplin ilmu baru telah menjadi tantangan beberapa perguruan tinggi untuk memasukkannya ke dalam kurikulum pendidikan yang ada. Beberapa pendidik berusaha untuk mulai mengikutsertakan bioinformatika dalam kurikulum pengajaran (Maloney, 2010). Tidak hanya di bidang biologi

tetapi juga bidang-bidang lainnya seperti pertanian, kimia, farmasi, matematika dan kedokteran. Junck *et al.*, (2010) melakukan inisiasi untuk membentuk komunitas internasional bagi para pendidik bioinformatika dengan slogan BEDROCK (*Bioinformatics Education Dissemination: Reaching Out, Connecting and Knitting together*). BEDROCK membantu mendukung lingkungan untuk mengembangkan dan berbagi pendekatan pendidikan bioinformatika di berbagai perguruan tinggi internasional.

Salah satu kesulitan dalam pendidikan bioinformatika ini adalah banyaknya program software bioinformatika yang berat, sehingga pembelajaran memerlukan internal server yang memadai dalam menangani proses running data. Untuk menyasati itu beberapa program bioinformatika telah dikembangkan oleh beberapa peneliti sesuai dengan kebutuhan masing-masing. Biomanager merupakan salah satu aplikasi bioinformatika berbasis *web-site* yang dapat mengintegrasikan beberapa *tools* bioinformatika untuk pembelajaran (Cattley *et al.*, 2006). Selain program bioinformatika, modul-modul bioinformatika juga telah dikembangkan untuk membantu pebelajar dalam mengikuti jalannya program bioinformatika. Modul-modul ini dirancang untuk mempermudah pebelajar dalam memahami tampilan hasil program bioinformatika dengan konten bidang masing-masing. Beberapa peneliti telah mengembangkan modul-modul bioinformatika yang berhubungan dengan database dan program software yang dapat diakses secara bebas oleh siswa.

#### **4.2 Representasi dan analisis *conceptual change* mahasiswa pada konsep biologi molekuler setelah mengalami pembelajaran berbasis bioinformatika**

Proses pembelajaran berbasis bioinformatika yang dijalankan pada penelitian ini bertujuan untuk memfasilitasi *conceptual change* mahasiswa pada konsep-konsep biologi molekuler. Analisis proses *conceptual change* yang terjadi pada mahasiswa memerlukan informasi pengetahuan awal yang dimiliki mahasiswa serta menilai pemahaman akhir mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran (Lappi, 2013). Pemahaman awal dapat menginformasikan posisi pemahaman serta representasi setiap mahasiswa terhadap suatu konsep sedangkan

pemahaman akhir dapat menginformasikan rerepresentasi mahasiswa sebagai pengaruh proses pembelajaran yang sedang berlangsung yang dialami oleh mahasiswa. Proses pembelajaran bisa memberikan pengaruh yang berbeda-beda terhadap setiap mahasiswa. Gambaran pemahaman awal mahasiswa sebagai respon terhadap pertanyaan yang diberikan dalam *pre – test* disebut representasi sedangkan kemampuan mahasiswa dalam merepresentasikan pemahamannya pada pertanyaan yang sama dalam *post – test* disebut re-representasi.

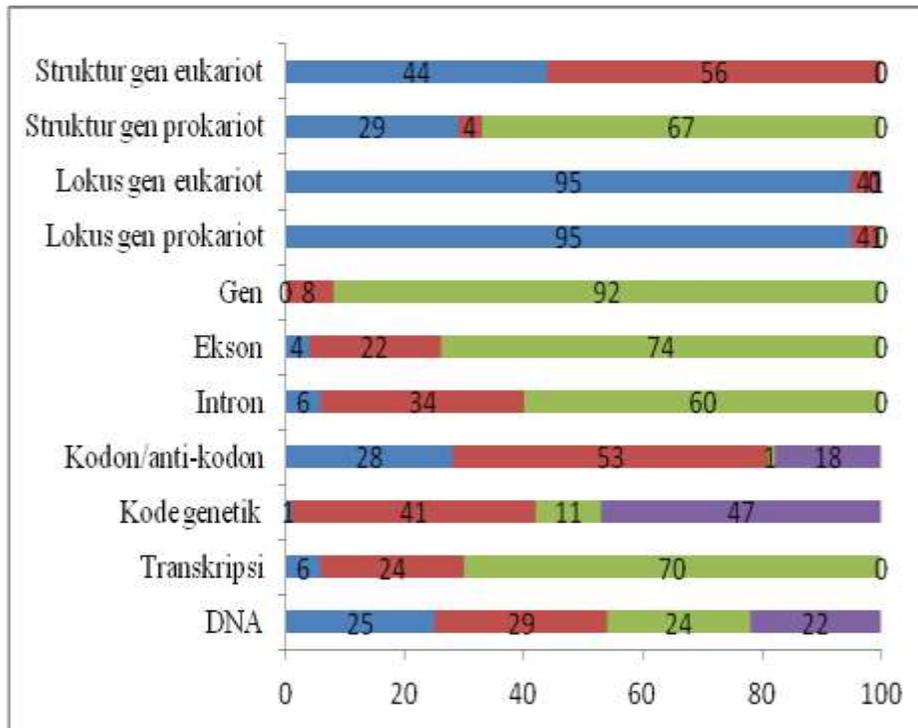
Proses pembelajaran konsep biologi molekuler pada penelitian ini berbasis program-program bioinformatika, baik yang bersifat *online* maupun *off-line* dengan menggunakan program-program yang ada. Proses pembelajaran dilakukan dengan menggunakan pendekatan pedagogi dari Junck *et al.*, (2004) yaitu menginfusikan program-program bioinformatika pada materi pembelajaran dengan menggunakan studi kasus. Berdasarkan strategi pembelajaran yang diuraikan pada bab sebelumnya, maka setiap materi pembelajaran dipelajari terlebih dahulu untuk memastikan bagian-bagian mana dari materi tersebut yang bisa diperkuat proses pembelajarannya dengan berbasis bioinformatika (tabel 4.1). Materi-materi yang diangkat pada penelitian ini dapat dibagi ke dalam tiga kelompok besar yaitu; (1) konsep-konsep dasar biologi molekuler yang meliputi; DNA, transkripsi, kode genetik, kodon/anti-kodon, gen, intron, ekson, lokus gen prokariot dan eukariot, struktur gen prokariot dan eukariot; (2) teknik-teknik rekayasa genetika yang meliputi; *primer*, *Polymerase Chain Reaction* (PCR), enzim restriksi, vektor kloning dan vektor ekspresi serta (3) DNA rekombinan.

Pembagian materi pembelajaran menjadi 3 kelompok tersebut bertujuan untuk menjabarkan konsep-konsep yang kompleks menjadi bagian-bagian yang lebih sederhana. Kelompok 1 merupakan kumpulan konsep-konsep dasar pada biologi molekuler (DNA, transkripsi, kode genetik, kodon/anti-kodon, gen, intron, ekson, lokus gen prokariot dan eukariot, struktur gen prokariot dan eukariot). Hasil proses pembelajaran pada kelompok ini dapat menjadi landasan yang sangat baik bagi mahasiswa dalam memahami kelompok materi selanjutnya. Kelompok 2 merupakan kumpulan teknik-teknik yang umum digunakan pada rekayasa genetika (enzim restriksi, *primer*, PCR, vektor kloning dan vektor ekspresi). Untuk memahami bagaimana teknik-teknik tersebut dapat diaplikasikan dalam

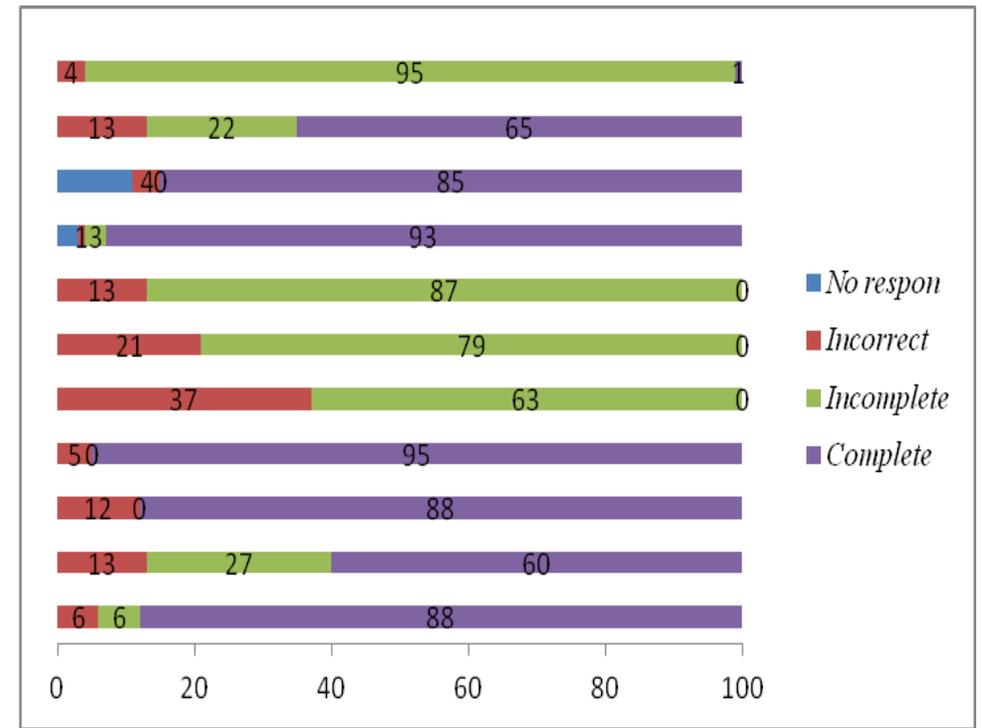
proses rekayasa genetika maka memerlukan pemahaman konsep-konsep dasar biologi molekuler. Kelompok 3 merupakan materi yang mengaplikasikan proses sains dari mahasiswa dengan mengaplikasikan pemahamannya pada topik-topik sebelumnya. DNA rekombinan sendiri merupakan *learning objective* dari penelitian ini sehingga pada akhir perkuliahan ini mahasiswa dapat mengaplikasikan proses sains dalam memahami konsep DNA rekombinan.

#### **4.2.1 Gambaran umum re-representasi mahasiswa pada semua topik pembelajaran**

Sesuai dengan metode analisis yang diuraikan pada bab 3, maka katagori representasi respon mahasiswa pada semua topik dapat dikelompokkan menjadi 4 katagori, yaitu; *no respon* (NR), *incorrect* (IC), *incomplete* (IC) dan *complete*. Setiap katagori pada *pre* dan *post -test* masing dijumlahkan, sehingga jumlah yang dihasilkan merupakan total dari jumlah per katagori dalam respon *pre* dan *post-test*. Berikut adalah representasi awal dan akhir mahasiswa berdasarkan kelompok topik-topiknya. Data grafik di bawah ini menunjukkan perbedaan persentase perubahan representasi setiap katagori yang terjadi pada setiap topik pembelajaran.



(a) Pre-test



(b) Post-test

Gambar 4.2 Grafik persentase distribusi katagori respon mahasiswa pada topik-topik kelompok 1

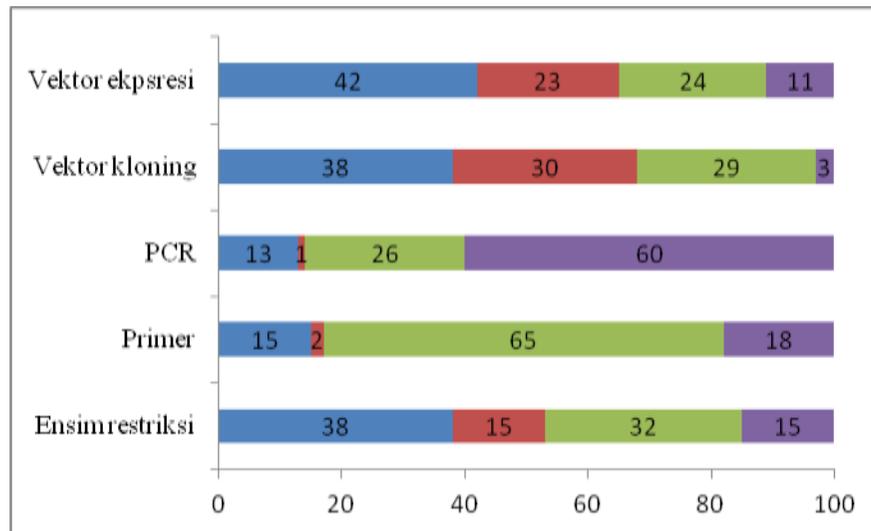
Berdasarkan grafik persentase distribusi katagori respon awal dan akhir mahasiswa di atas menunjukkan bahwa terdapat perbedaan dominansi katagori pada data *pre* dan *post – test*. Pengetahuan awal mahasiswa pada topik-topik yang termasuk ke dalam kelompok biologi molekuler dasar seperti; DNA, transkripsi, kode genetik, kodon/anti-kodon, gen, intron, ekson, lokus gen prokariot dan eukariot dan struktur gen prokariot dan eukariot secara umum menunjukkan representasi yang paling dominan adalah pada katagori *incomplete*. Katagori *incomplete* merupakan katagori yang digunakan pada *pre* dan *post-test* untuk mengelompokkan respon mahasiswa yang memberikan gambaran atau jawaban secara parsial terhadap konsep yang ditanyakan. Pada katagori *incomplete*, persentase tertinggi dicapai oleh topik gen. Topik gen merupakan topik yang sudah mereka pelajari ketika mereka berada di jenjang sekolah menengah atas dan merupakan kompetensi dasar yang harus mereka miliki ketika mereka lulus (permendiknas no. 69 tahun 2013). Namun data *pre – test* ini menunjukkan bahwa lebih dari 90% mahasiswa merepresentasikan gen secara tidak utuh. Hal ini dapat disebabkan oleh cara guru dalam menyampaikannya atau buku pegangan yang mereka gunakan tidak mampu memberikan gambaran yang utuh tentang suatu konsep. Hasil penelitian yang sama juga ditunjukkan oleh Cimer (2012) bahwa gen merupakan salah satu konsep yang dianggap sulit oleh pebelajar. Hasil penelitian Nusantari (2011) menunjukkan bahwa sebagian besar buku-buku biologi yang digunakan di seluruh sekolah menengah atas di Indonesia menyajikan materi genetik secara tidak lengkap ataupun menggunakan contoh yang membingungkan. Informasi yang tidak lengkap serta contoh yang tidak mudah dipahami oleh pebelajar dapat mengakibatkan pebelajar untuk mempersepsikan suatu konsep secara salah atau tidak lengkap. Menurut Ainsworth (1999) representasi multipel merupakan salah satu cara untuk menyampaikan suatu konsep dengan cara memilah menjadi representasi-representasi yang lebih sederhana. Setiap representasi berfungsi untuk menguatkan representasi yang lain, sehingga pebelajar diharapkan dapat mengintegrasikan setiap representasi yang ada untuk membangun pengetahuan pada suatu konsep. Penemuan penelitian ini juga menunjukkan bahwa topik-topik DNA, transkripsi, kode genetik, ekson, intron, dan kodon/anti-kodon yang

merupakan kompetensi dasar masih menyisakan beberapa persen mahasiswa yang tidak bisa merepresentasikannya, *no response*. Katagori *no response* merupakan katagori yang digunakan pada *pre* dan *post-test* untuk mengelompokkan data mahasiswa yang tidak bisa memberikan representasi apapun terhadap konsep yang ditanyakan. Pada topik lokus gen prokariot dan eukariot, hampir seluruh mahasiswa tidak mampu memberikan gambaran keterkaitan antara gen dan genom/kromosom (Kristianti *et al.*, 2016a; 2016b). Hasil serupa juga ditemukan oleh beberapa peneliti di luar negeri baik pada pebelajar maupun guru karena mereka teridentifikasi tidak dapat menghubungkan konsep lokus gen dengan genom/kromosom (Marbach-Ad, 2001; Chattopadhyay, 2005; Saka *et al.*, 2006; Dikmenli, 2010 dan Malachias, 2010). Data *pre – test* ini juga dapat mendiagnosis proses pembelajaran yang mereka alami ketika mereka berada di jenjang sebelumnya yaitu sekolah menengah atas telah memberikan dampak pemahaman yang berbeda dari kaidah ilmiah pada konsep biologi molekuler dasar, *incorrect*. Katagori *incorrect* merupakan katagori yang digunakan pada *pre* dan *post-test* untuk mengelompokkan respon mahasiswa yang memberikan gambaran atau jawaban yang salah terhadap konsep yang ditanyakan. Hal ini menunjukkan bahwa masih adanya miskonsepsi pada mahasiswa pada konsep-konsep dasar biologi molekuler. Hal ini hampir sama dengan studi yang dilakukan oleh Bahar *et al.*, (1999); Nusantari, 2011; Aldamasyah & Alaysha, 2012) bahwa materi genetik merupakan salah satu konsep yang banyak dipahami secara berbeda dengan kaidah ilmiah oleh pebelajar.

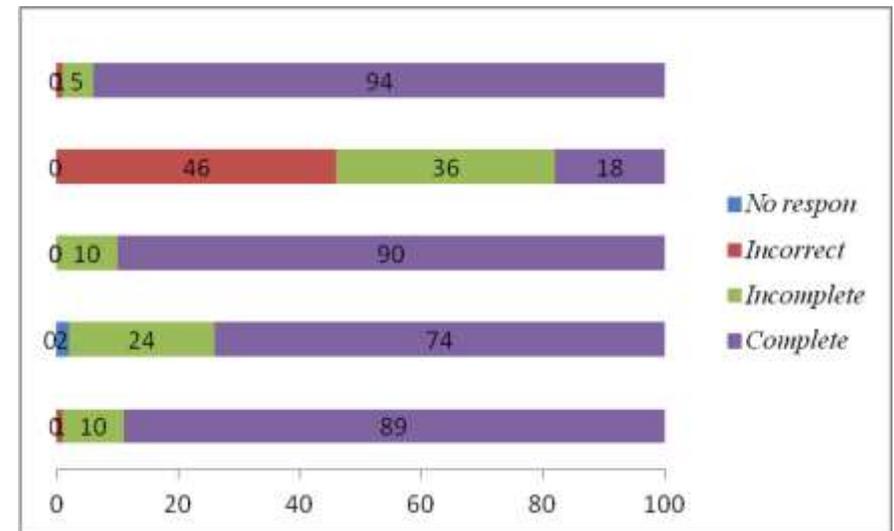
Sementara itu data rerepresentasi dapat memberikan informasi dampak proses pembelajaran yang sedang berlangsung yang dialami oleh mahasiswa. Data representasi akhir mahasiswa pada topik-topik dalam kelompok 1 ini berdasarkan gambar 4.2.b, menunjukkan perbedaan dominasi katagori respon dibandingkan dengan data *pre – test*. Hasil pembelajaran berbasis bioinformatika secara umum telah mengelompokkan topik-topik di atas ke dalam 2 katagori respon yang paling dominan yaitu *complete* dan *incomplete*. Katagori *complete* merupakan katagori yang digunakan pada *pre* dan *post-test* untuk mengelompokkan respon mahasiswa yang memberikan gambaran yang benar dan utuh terhadap konsep yang ditanyakan. Topik DNA, transkripsi, kode genetik, kodon/anti-kodon, lokus gen

prokariot dan eukariot serta struktur gen prokariot merupakan topik-topik yang mempunyai nilai persentase katagori *complete* tertinggi dibanding topik-topik lainnya. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika secara umum mampu memberikan informasi yang cukup jelas bagi mereka sehingga mereka pada akhirnya mampu merepresentasikan topik-topik tersebut secara benar dan komprehensif (Kristianti *et al.*, 2016b). Katagori dominan kedua adalah *incomplete*. Topik-topik lainnya yaitu gen, intron, ekson dan struktur gen eukariot merupakan topik-topik yang mempunyai nilai tertinggi di katagori *incomplete* dibandingkan topik-topik lainnya. Hal ini menunjukkan bahwa mahasiswa tidak mampu menggunakan representasi-representasi yang disajikan melalui proses pembelajaran berbasis bioinformatika untuk membangun pengetahuan yang utuh.

Hasil analisis representasi awal dan akhir mahasiswa pada topik-topik yang termasuk ke dalam kelompok 2 pada penelitian ini juga dihitung berdasarkan persentase katagori respon yang ada. Berikut adalah grafik data pre dan *post-test* mahasiswa pada topik-topik kelompok 2.



(a) *Pre-test*



(b) *Post-test*

Gambar 4.3 Grafik persentase distribusi katagori respon mahasiswa pada topik-topik kelompok 2

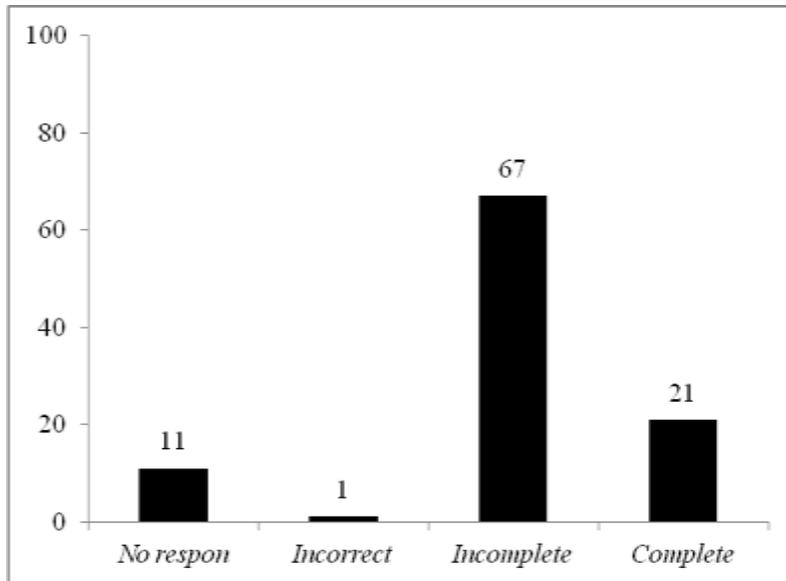
Topik-topik pada kelompok 2 merupakan materi baru bagi mahasiswa. Topik-topik ini merupakan teknik-teknik dasar pada rekayasa genetika yang memerlukan pemahaman pada konsep biologi dasar. Data *pre-test* seperti yang disajikan pada gambar 4.3 (a) menunjukkan bahwa topik-topik pada kelompok 2 ini tidak lagi merupakan materi baru bagi sebagian besar mahasiswa. Hal ini ditunjukkan dengan nilai persentase pada katagori *no respon* tidak berada pada nilai 100% tetapi berkisar antara 13 – 42%. Hasil ini mengindikasikan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika pada topik-topik kelompok 1 telah memberikan pijakan pemahaman yang baik bagi mereka, sehingga pada phase orientasi pembelajaran pada topik-topik kelompok 2 ini mereka mampu mengaplikasikan pemahamannya.

Data *pre-test* ini juga menunjukkan ada sebagian kecil mahasiswa yang mempunyai pemahaman *incorrect*. Mereka masih tidak mampu menghubungkan secara benar konsep biologi dasar pada kelompok 1 dengan teknik-teknik aplikasi pada topik kelompok 2. Data *pre-test* juga menunjukkan adanya pemahaman yang tidak utuh pada sebagian mahasiswa. Hal ini mengindikasikan bahwa mereka telah dapat mengaplikasikan secara parsial hasil proses pembelajaran pada topik kelompok 1. Data *pre-test* juga menunjukkan bahwa ada sebagian mahasiswa yang telah dapat mengaplikasikan pemahaman mereka pada konsep biologi dasar pada topik kelompok 1 untuk memahami topik-topik kelompok 2 secara benar dan utuh. Penemuan ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran pada topik-topik kelompok 1 telah memberikan bekal pengetahuan bagi mahasiswa sehingga mereka mampu memahami konsep yang lebih kompleks. Sebagai contoh pada topik PCR, sekalipun merupakan materi baru bagi mahasiswa, namun data *pre-test* menunjukkan bahwa topik ini mempunyai nilai persentase yang tertinggi pada katagori *complete*. Hal ini berarti sebagian besar dari mereka telah mampu mengaitkan hasil proses pembelajaran sebelumnya pada konsep-konsep dasar biologi molekuler dengan aplikasi konsep PCR sehingga pada akhirnya mereka mempunyai pemahaman yang utuh dan mampu masuk dalam katagori *complete*. Menurut Wiseman (2008) pengetahuan awal berperan penting dalam membentuk jaring-jaring pengetahuan bagi pebelajar. Proses pembelajaran berlangsung dengan cara ketika pebelajar membangun pengetahuannya, baik

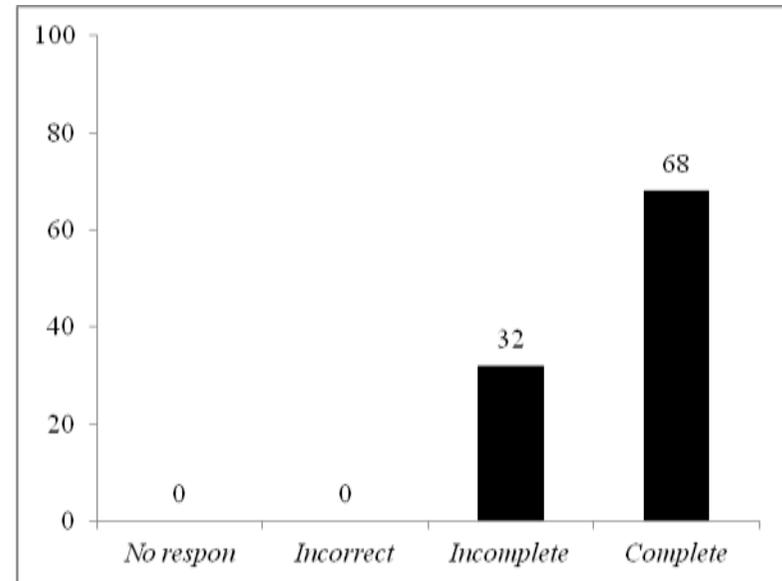
dengan cara membuat pengetahuan baru atau mengaitkan pengetahuan yang ada dengan pengetahuan yang baru (Anderson 1977, 1978 dalam Wiseman 2008).

Adapun data *post-test* pada gambar 4.3 (b) menunjukkan bahwa sebagian besar mahasiswa berada pada katagori *complete*. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah dapat memberikan informasi yang baik dan benar sehingga pada akhirnya sebagian besar dari mahasiswa yang terlibat dalam penelitian ini mampu memahami topik-topik dalam kelompok 2 ini secara benar dan utuh. Penemuan ini mengindikasikan bahwa proses pembelajaran sebelumnya pada konsep biologi molekuler dasar telah mampu memberikan bekal pengetahuan yang benar bagi mahasiswa, sehingga bekal pengetahuan yang ada tersebut mampu dikaitkan dan diaplikasikan untuk memahami konsep yang kompleks yang terdapat pada kelompok 2. Bekal pengetahuan yang terorganisir dengan baik akan dapat membantu pebelajar untuk mengaitkannya secara benar dengan informasi pengetahuan yang ada. Namun bekal pengetahuan yang tidak tersusun dengan baik dan tidak akurat dapat mengakibatkan pebelajar kesulitan dalam memahami konsep yang lebih kompleks (Wiseman, 2008).

Seperti diuraikan sebelumnya pada bab 3, bahwa *learning objective* dari proses pembelajaran berbasis bioinformatika ini adalah mahasiswa dapat memahami konsep DNA rekombinan. Oleh karena itu pada penelitian ini topik kajian pada kelompok 3 adalah DNA rekombinan. DNA rekombinan merupakan materi tingkat *advance* yang memerlukan pemahaman dari berbagai aspek. Selain memerlukan pemahaman pada konsep biologi molekuler dasar juga diperlukan pemahaman pada teknik-teknik yang dapat digunakan dalam menghasilkan DNA rekombinan. Berikut adalah hasil analisis data *pre* dan *post-test* mahasiswa pada topik DNA rekombinan.



(a) *Pre-test*



(b) *Post-test*

Gambar 4.4 Grafik persentase distribusi katagori respon mahasiswa pada topik kelompok 3 (DNA Rekombinan)

Secara kurikulum, DNA rekombinan merupakan materi baru bagi mahasiswa. Namun data *pre-test* menunjukkan bahwa materi ini tidak seratus persen merupakan materi baru bagi mereka, karena hanya ditemukan 11% mahasiswa yang tidak dapat merepresentasikan konsep DNA rekombinan. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran pada topik-topik kelompok 1 dan 2 telah mampu memberikan pijakan pemahaman yang cukup baik bagi mereka sehingga mereka mampu menggunakan dan mengaitkan representasi-representasi pengetahuan yang ada dengan materi baru (DNA rekombinan).

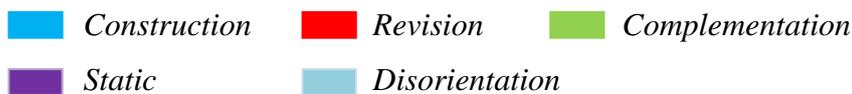
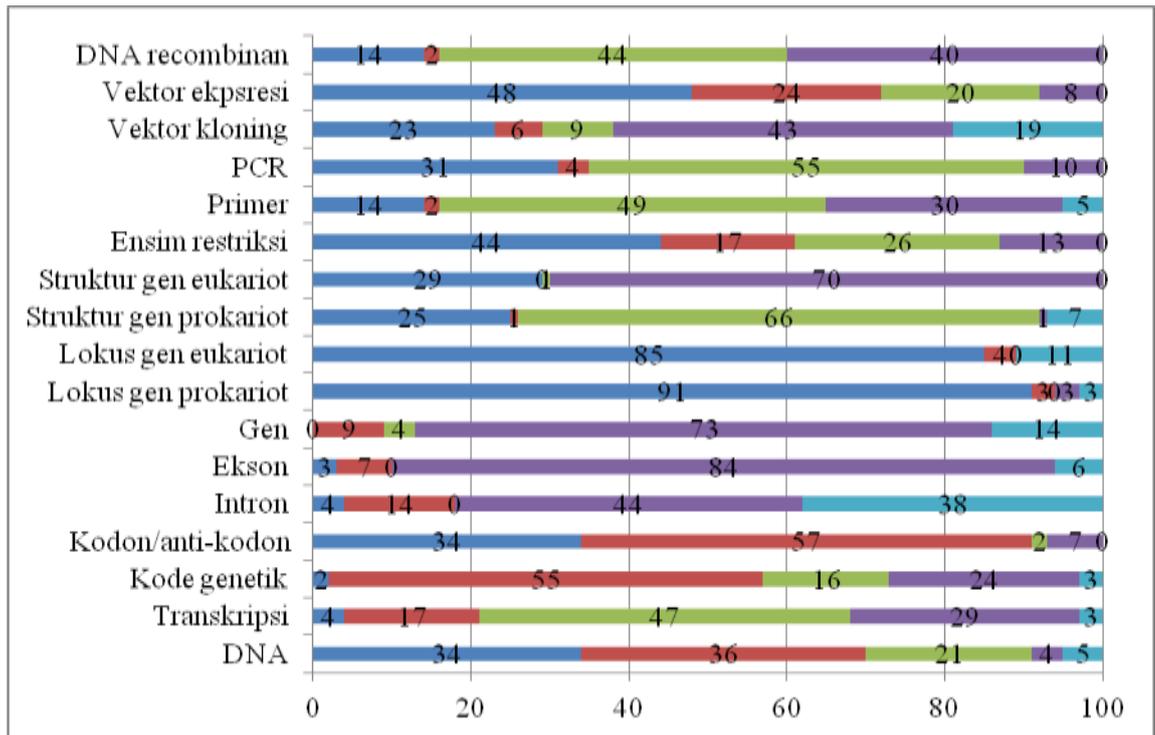
Data *post-test* (gambar 4.4.b) menunjukkan bahwa tidak ditemukan lagi mahasiswa yang tidak dapat merepresentasi dan mempunyai representasi yang salah pada konsep DNA rekombinan. Terdapat 32% mahasiswa yang memahami konsep DNA rekombinan secara parsial dan hampir 70% dari mahasiswa mampu merepresentasikannya secara benar dan utuh, *complete*. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan informasi yang cukup jelas pada topik-topik dasar dan teknik-teknik rekayasa genetika, sehingga pada akhirnya mereka mampu memahami konsep DNA rekombinan secara komprehensif.

Hasil analisis data *pre* dan *post-test* pada topik kelompok 1, 2 dan 3 di atas menunjukkan penilaian secara umum yang terjadi pada semua mahasiswa yang terlibat dalam penelitian ini. Hasil analisis ini tidak dapat digunakan untuk menilai variasi pemahaman yang terjadi pada mahasiswa secara individu. Hasil penilaian di atas pada setiap katagorinya belum bisa menentukan apakah nilai tersebut berasal dari orang-orang yang sama atau tidak. Oleh karena itu untuk mengetahui *conceptual change* yang dialami oleh setiap mahasiswa masih diperlukan analisis lebih lanjut yaitu menggunakan assessmen *conceptual change* yang diuraikan pada bab sebelumnya. Gambaran umum hasil analisis *conceptual change* disajikan pada sub-bab berikutnya.

#### **4.2.2 Gambaran umum *conceptual change* mahasiswa pada semua topik pembelajaran**

Analisis capaian level *conceptual change* yang dapat dicapai oleh setiap mahasiswa setelah melalui proses pembelajaran berbasis bioinformatika selanjutnya dapat dikaji melalui perubahan representasi yang dilakukan pada setiap mahasiswa pada *pre-test* dan *post-test*. Berdasarkan uraian metode analisis *conceptual change* yang diuraikan pada bab sebelumnya maka hasil analisis akan menghasilkan 1 sampai 5 level, yaitu *construction*, *revision*, *complementation*, *static* dan *disorientation*. Hal ini tergantung pada representasi awal yang mereka berikan pada setiap topiknya. Level *construction* dicapai oleh mahasiswa-mahasiswa yang awalnya mempunyai pemahaman yang masuk katagori *no response* dan setelah proses pembelajaran berubah menjadi katagori *incomplete* atau *complete*. Level *revision* dicapai oleh mahasiswa-mahasiswa yang awalnya mempunyai pemahaman awal yang masuk katagori *incorrect* kemudian berubah menjadi pemahaman akhir katagori *incomplete* maupun *complete*. Level *complementation* dicapai oleh mahasiswa-mahasiswa yang awalnya mempunyai pemahaman awal secara parsial kemudian berubah menjadi memahaminya secara utuh. Level *static* dicapai oleh mahasiswa-mahasiswa yang tidak mengalami perubahan pemahaman di awal maupun di akhir, yang tadinya masuk katagori *no response* tetap *no response*, *incorrect* tetap *incorrect* atau *incomplete* tetap *incomplete*. Level *disorientation* dicapai oleh mahasiswa-mahasiswa yang merubah pemahaman awalnya menjadi pemahaman akhir yang lebih buruk, seperti dari katagori *no response* menjadi *incorrect* atau dari *incomplete* menjadi *incorrect* atau dari *complete* menjadi *no response* atau *incorrect* atau *incomplete*.

Kajian umum hasil analisis proses perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap topik pembelajaran dan pada setiap mahasiswa selanjutnya disajikan pada gambar 4.5.



Gambar 4.5 Grafik persentase level *conceptual change* mahasiswa pada semua topik pembelajaran

Berdasarkan grafik di atas diketahui bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika memberikan pengaruh yang berbeda-beda pada setiap topik pembelajaran dan pada setiap perubahan pemahaman yang dicapai oleh mahasiswa. Pada topik-topik yang termasuk ke dalam kelompok 1 menunjukkan bahwa materi yang dilibatkan pada kelompok 1 ini merupakan konsep-konsep yang sudah tidak asing lagi bagi mereka yang ditunjukkan dengan nilai persentase pada level *construction* yang relatif lebih rendah dibandingkan topik-topik pada kelompok 2 dan 3. Terkecuali untuk topik lokus gen dan stuktur gen eukariot baik pada prokariot maupun eukariot. Pada keempat topik tersebut terindikasi bahwa walaupun keempat topik tersebut sudah merupakan kompetensi dasar yang harus mereka miliki ketika mereka berada di jenjang sekolah menengah atas,

namun mereka masih mengalami kesulitan ketika konsep-konsep tersebut dihubungkan dengan pemahaman secara molekuler. Hasil penelitian serupa juga ditemukan oleh Saka *et al.*, (2006) bahwa guru-guru mempunyai pemahaman yang kurang memadai untuk menghubungkan beberapa konsep-konsep dasar. Dikmenli (2010) juga menemukan hal yang sama pada guru-guru biologi di turki. Hasil penelitian yang mirip juga ditemukan pada siswa oleh Chattopadhyay (2005) yang menunjukkan bahwa siswa mempunyai pemahaman yang rendah dalam menghubungkan gen dan kromosom.

Pada topik DNA, kode genetik dan kodon/anti-kodon menghasilkan level *revision* tertinggi pada topik kelompok 1. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika mampu memberikan informasi yang jelas sehingga kelompok mahasiswa ini mampu menggunakannya untuk melakukan revisi pemahaman awalnya. Topik transkripsi dan struktur gen prokariot merupakan 2 topik yang mencapai nilai tertinggi pada level *complementation* pada topik-topik kelompok 1. Hal ini menunjukkan bahwa informasi-informasi yang disajikan melalui program-program bioinformatika mampu memberikan informasi baru bagi mereka sehingga informasi tersebut dapat mengisi *gap-gap* pengetahuan yang belum mereka pahami sebelumnya. Topik gen, intron, ekson dan struktur gen eukariot merupakan empat topik yang mencapai nilai tertinggi pada level *static* dari topik kelompok 1. Hal ini menunjukkan bahwa mahasiswa dari kelompok level ini belum mampu menggunakan informasi-informasi yang disajikan melalui program bioinformatika untuk mengubah pemahaman awalnya, sehingga pemahaman akhir mereka tetap sama dengan pemahaman awalnya. Beberapa mahasiswa yang awalnya mempunyai pemahaman *incorrect* tetap *incorrect* atau *incomplete* tepat memahaminya secara *incomplete*. Intron merupakan satu-satunya topik dari topik kelompok 1 yang mencapai nilai level disorientasi tertinggi yaitu 38%. Hal ini menunjukkan bahwa mahasiswa dari kelompok ini masih belum bisa memahami secara baik informasi-informasi yang disajikan melalui program bioinformatika. Mahasiswa dari kelompok ini telah memahami secara keliru pesan pengetahuan yang disampaikan melalui program bioinformatika, sehingga pada akhirnya mereka mengalami pemahaman ke arah yang lebih buruk dari pemahaman awalnya. Kelompok mahasiswa ini

teridentifikasi mengubah pemahamannya dari pemahaman *incomplete* menjadi pemahaman yang *incorrect*.

Hasil analisis perubahan pemahaman setiap mahasiswa pada topik kelompok 2 menunjukkan hasil yang berbeda kecenderungannya dengan hasil analisis *conceptual change* pada topik kelompok 1. Walaupun topik kelompok 2 ini merupakan materi baru bagi mereka, namun hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa menunjukkan hasil yang cukup baik. Hal ini ditunjukkan dengan persentase nilai capaian mahasiswa pada level *construction* pada umumnya relatif rendah, yang menunjukkan bahwa persentase mahasiswa yang tidak mempunyai representasi pada topik-topik ini juga rendah. Penemuan ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu memberikan pengetahuan yang baik bagi mereka sehingga mereka dapat membangun pengetahuannya. Hal ini sejalan dengan Ainsworth (1999) yang menegaskan bahwa salah satu peranan dari representasi multipel adalah dapat memberikan informasi yang jelas sehingga siswa dapat membangun pengetahuan yang baru pada suatu konsep.

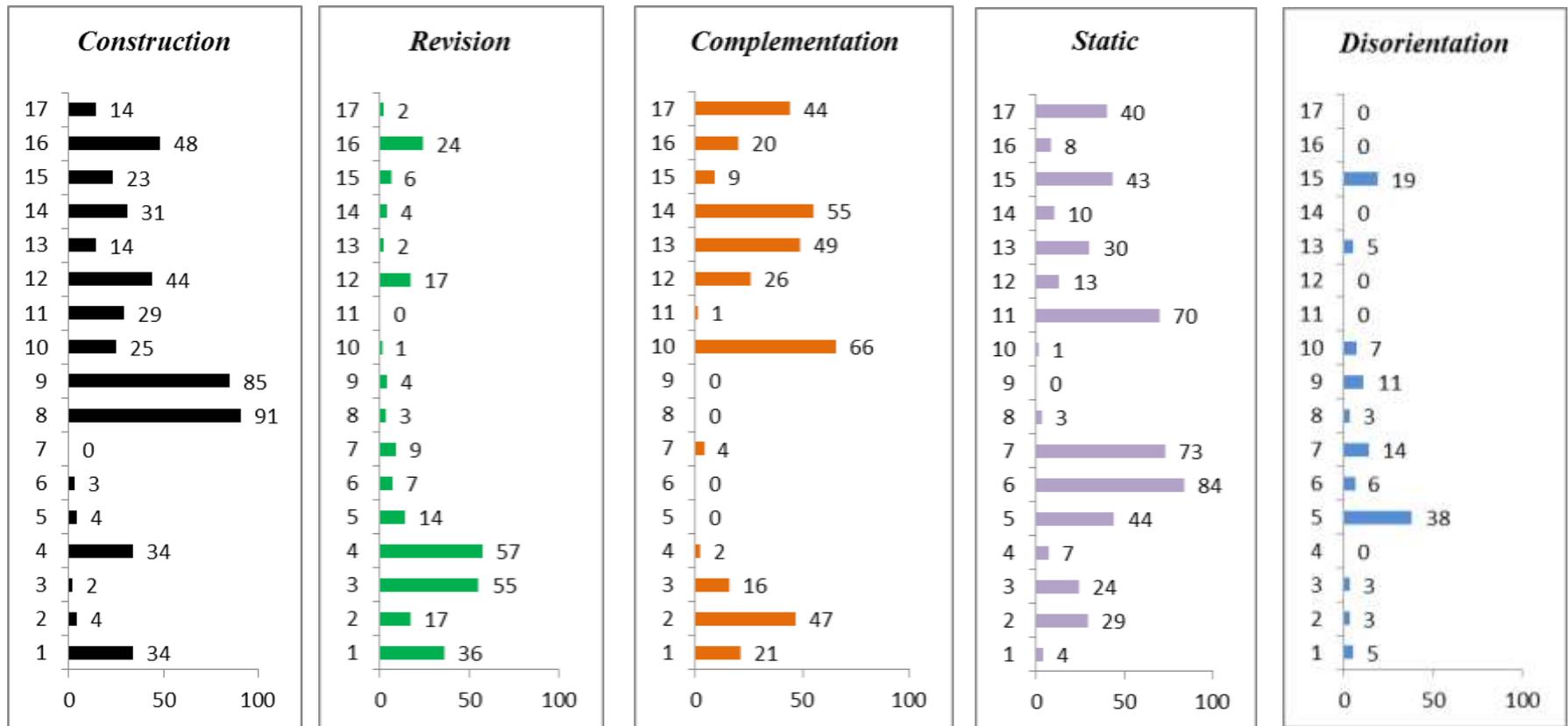
Pada umumnya perubahan pemahaman mahasiswa pada topik-topik kelompok 2 mencapai level *revision* lebih rendah dibanding pada topik kelompok 1. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika pada topik kelompok 2 telah memberikan informasi yang jelas sehingga hanya menyebabkan sebagian kecil dari jumlah mahasiswa yang terlibat dalam penelitian ini mempunyai pemahaman yang salah yang kemudian pemahaman tersebut mereka revisi sehingga menjadi pemahaman yang benar baik secara parsial maupun utuh. Representasi multipel yang baik menurut Ainsworth (1999) harus berperan dalam memberikan informasi yang jelas, sehingga siswa mampu menggunakan informasi yang ada untuk melakukan revisi terhadap pemahaman yang ada.

Hasil penelitian ini juga menunjukkan dominansi level capaian perubahan pemahaman mahasiswa pada topik primer dan PCR berada pada level *complementation* pada topik-topik kelompok 2. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu memberikan representasi-representasi pengetahuan yang jelas sehingga mereka pada akhirnya

dapat menggunakan representasi tersebut untuk memahami konsep primer dan PCR secara benar dan utuh. Capaian level *disorientation* pada topik-topik kelompok 2 ini juga menunjukkan nilai persentase yang relatif lebih rendah dibandingkan dengan topik-topik kelompok 1. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan representasi pengetahuan yang cukup jelas pada topik kelompok 1 dan kelompok 2. Wiseman (2008) bekal pengetahuan yang diatur dengan baik dapat digunakan untuk memahami informasi pengetahuan yang baru, sehingga pada penelitian ini tidak menyebabkan mahasiswa untuk masuk ke level *disorientation*.

DNA rekombinan merupakan *learning objective* dari proses pembelajaran berbasis bioinformatika ini. Pada akhir perkuliahan mahasiswa diharapkan dapat memahami konsep DNA rekombinan dengan benar. Berdasarkan gambar di atas menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika pada topik-topik sebelumnya telah memberikan representasi pengetahuan yang baik bagi mahasiswa untuk memahami konsep DNA rekombinan. Hal ini ditunjukkan dengan tidak ditemukannya mahasiswa yang masuk level *disorientation*. Penemuan ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika mampu memberikan informasi yang cukup jelas bagi mahasiswa. Program-program bioinformatika telah menunjukkan peranannya sebagai representasi multipel mahasiswa dalam memahami konsep DNA rekombinan. Peranan tersebut meliputi peranan MERs yang ditegaskan oleh Ainsworth (1999) yang meliputi 3 peranan besar yaitu berperan sebagai media untuk: (1) memberikan informasi baru sehingga mahasiswa mampu membangun pengetahuan yang baru pada suatu konsep, (2) memberikan klarifikasi terhadap suatu konsep, sehingga mahasiswa mampu melakukan koreksi terhadap pemahamannya, dan (3) mengisi *gap-gap* pengetahuan yang belum mereka pahami sehingga mereka mampu melengkapi pemahamannya menjadi pemahaman yang utuh.

Berdasarkan level capaian perubahan pemahaman mahasiswa yang terjadi pada semua topik pembelajaran, berikut disajikan grafik-grafik setiap level *conceptual change* pada semua topik pembelajaran.



Keterangan gambar;

1. DNA, 2. Transkripsi, 3. Kode genetik, 4. Kodon/anti-kodon, 5. Intron, 6. Ekson, 7. Gen, 8. Lokes gen prokariot, 9. Lokus gen eukariot, 10. Struktur gen prokariot, 11. Struktur gen eukariot, 12. Ensim restriksi, 13. Primer, 14. PCR, 15. Vektor kloning, 16. Vektor ekspresi, 17. DNA rekombinan

Gambar 4.6 Grafik setiap level *conceptual change* mahasiswa pada semua topik pembelajaran

Berdasarkan gambar 4.6, level *construction* didominasi oleh topik-topik lokus gen prokariot dan prokariot yang merupakan dua topik dengan capaian persentase tertinggi, yaitu 85% dan 91% . Hal ini menginformasikan bahwa lebih dari 50% mahasiswa tidak mempunyai pengetahuan awal, namun setelah melalui proses pembelajaran berbasis bioinformatika mereka mampu membangun pengetahuan baru yang sesuai kaidah ilmiah. Level *revision* berdasarkan grafik di atas diketahui mempunyai nilai persentase capaian yang berbeda-beda pada setiap topiknya. Grafik di atas menunjukkan bahwa konsep-konsep dasar seperti DNA, kode genetik dan kodon/anti-kodon merupakan tiga konsep yang mempunyai nilai persentase capaian tertinggi pada level *revision* diantara 17 topik pada proses pembelajaran ini. Hal ini menunjukkan bahwa pengetahuan awal mereka pada ketiga topik ini merupakan konsep-konsep yang paling banyak dimaknai secara berbeda dengan kaidah ilmiah, padahal ketiga topik tersebut merupakan konsep-konsep yang merupakan kompetensi dasar yang harus mereka miliki ketika mereka menyelesaikan pendidikan pada jenjang sekolah menengah atas (Permendiknas no. 69 tahun 2013). Hal ini sesuai dengan studi yang dilakukan oleh Bahar *et al.*, (1999); Nusantari, 2011; Aldamasyah & Alshaya, 2012) bahwa materi genetik konsep DNA merupakan salah satu konsep yang banyak dipahami secara berbeda dengan kaidah ilmiah oleh mahasiswa. Namun demikian setelah melalui proses pembelajaran berbasis bioinformatika kelompok mahasiswa ini mampu melakukan koreksi terhadap pemahamannya menjadi pemahaman yang benar.

Sementara itu pada 15 topik lainnya yaitu: DNA, transkripsi, ekson, intron, gen, lokus gen prokariot dan eukariot, struktur gen prokariot dan eukariot, primer, enzim restriksi, PCR, vektor kloning, vektor ekspresi dan DNA rekombinan dari 17 topik pembelajaran berbasis bioinformatika mempunyai nilai persentase capaian revisi yang relatif rendah yaitu di bawah 25%. Namun demikian hasil proses pembelajaran berbasis bioinformatika pada penelitian ini telah mampu melakukan koreksi pengetahuan awal mahasiswa sehingga mereka bisa mencapai level *revision* dengan nilai persentase yang berbeda-beda. Hal ini menunjukkan bahwa informasi-informasi yang disajikan melalui program-program bioinformatika baik yang *off-line* maupun *online* telah memberikan informasi

yang cukup jelas bagi mereka, sehingga mereka mampu melakukan koreksi terhadap pemahaman awalnya. Menurut Lappi (2013) bahwa pengalaman *conceptual change* dapat diamati sebagai sebuah proses transformasi dari beberapa pengetahuan awal menjadi pengetahuan akhir (mempunyai konsep yang baru). Level *revision* melalui proses memodifikasi pemahaman dari pemahaman yang salah menjadi pemahaman yang benar merupakan salah satu karakteristik dari *conceptual change*.

Level *complementation* berdasarkan grafik di atas, diketahui terdapat nilai persentase capaian yang berbeda-beda pada setiap topik. Pada topik intron, ekson, lokus gen prokariot dan eukariot merupakan topik-topik yang tidak mempunyai nilai capaian pada level *complementation*. Hal ini menunjukkan bahwa pengetahuan awal mahasiswa pada keempat topik di atas tidak ada yang bisa merepresentasikan secara parsial topik-topik tersebut. Oleh karena itu keempat topik ini tidak mempunyai nilai capaian pada level *complementation*. Sementara itu pada topik-topik DNA, kode genetik, kodon/anti-kodon, gen, struktur gen eukariot, vektor ekspresi dan vektor kloning mencapai nilai di bawah 25% yang masuk ke dalam level *complementation*. Hal ini menunjukkan bahwa kurang dari seperempat persen dari jumlah mahasiswa yang terlibat dalam penelitian ini mampu mengintegrasikan pemahaman awal dengan pengetahuan baru dari program-program bioinformatika menjadi pemahaman yang utuh. Topik-topik transkripsi, struktur gen prokariot, enzim restriksi, *primer*, PCR dan DNA rekombinan mampu mencapai nilai level *complementation* di atas 25%. Hal ini menandakan representasi-representasi yang disajikan pada topik-topik sebelumnya sudah dapat memberikan informasi yang jelas dan mampu mengisi *gap-gap* pengetahuan yang belum mereka miliki. Ainstworth (1999) peranan MERs hendaknya dapat menjadi media dalam memberikan informasi-informasi tambahan bagi pebelajar untuk membangun pengetahuan yang utuh. Topik transkripsi merupakan konsep dasar yang harus sudah mereka pahami secara utuh, namun kenyataannya pengetahuan awal mereka masih memahaminya secara parsial. Menurut hasil penelitian Nusantari (2011) pada buku teks biologi bahwa informasi materi genetik merupakan salah satu materi yang disajikan secara tidak lengkap. Topik-topik yang lain dari hasil penelitian ini merupakan topik-topik

yang baru bagi mereka, karena pada jenjang pendidikan sebelumnya materi ini tidak pernah diajarkan. Namun demikian hasil penelitian ini menunjukkan bahwa sebagian besar mahasiswa yang terlibat dalam penelitian ini sudah mempunyai pengetahuan awal yang benar walaupun pemahamannya masuk katagori tidak lengkap. Hal ini menandakan bahwa proses pembelajaran berbasis bionformatika yang disampaikan pada topik-topik dasar yang disajikan sebelumnya telah mampu memberikan pengetahuan awal bagi mereka, sehingga mereka mampu merepresentasikan topik-topik baru tersebut secara benar.

Level *static* berdasarkan grafik di atas juga memperlihatkan nilai persentase capaian yang berbeda-beda pada setiap topiknya. Terdapat 9 topik yaitu DNA, kode genetik, kodon/anti-kodon, lokus gen prokariot dan eukariot, struktur gen prokariot, ensim restriksi, PCR dan vektor ekspresi merupakan topik-topik yang mencapai level *static* dengan nilai persentase kurang dari 25%. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bionformatika tidak dapat mempengaruhi pemahaman kelompok mahasiswa ini pada kesembilan topik di atas. Sehingga pemahaman mereka setelah melalui proses pembelajaran berbasis bioformatika tidak mengalami perubahan. Proses perubahan kognitif yang diharapkan terjadi dalam proses pembelajaran adalah perubahan ke arah yang lebih baik (Gentner, 2002). Sebaliknya pada beberapa topik seperti PCR, DNA, lokus gen eukariot, ekson, DNA rekombinan, kodon/anti-kodon, vektor ekspresi dan ensim restriksi merupakan topik-topik yang dipahami oleh mahasiswa sama seperti sebelum pembelajaran berbasis bioinformatika. Dalam hal ini proses pembelajaran tidak ikut berperan dalam memberikan wawasan baru bagi mahasiswa dalam merepresentasikan topik-topik di atas. Hal ini menunjukkan bahwa pemahaman mahasiswa pada topik-topik tersebut di atas masih tetap sama seperti pemahaman awalnya, dari yang asalnya *incomplete* tetap menjadi *incomplete* dan dari yang tadinya *incorrect* tetap menjadi *incorrect*. Kondisi ini dimungkinkan mereka tidak mampu memaknai dengan baik informasi-informasi yang disajikan melalui program bioinformatika. Representasi yang baik menurut Ainsworth tahun 1999 mempunyai 3 peranan penting yaitu membangun pengetahuan baru, merevisi pemahaman yang salah dan melengkapi pemahaman yang masih kurang utuh.

Level *disorientation* berdasarkan gambar 4.6 di atas menunjukkan nilai persentase yang berbeda-beda pada setiap topik. Topik-topik kodon/anti-kodon, struktur gen eukariot, enzim restriksi, PCR, vektor ekspresi dan DNA rekombinan merupakan kelompok topik yang tidak mempunyai nilai capaian di level *disorientation*. Hal ini menunjukkan bahwa pemahaman mahasiswa pada kelompok topik ini telah mengalami perubahan ke arah yang lebih baik. Sementara itu pada topik-topik lainnya yaitu DNA, transkripsi, kode genetik, ekson, gen, lokus gen prokariot dan eukariot, struktur gen prokariot, *primer* dan vektor kloning merupakan kelompok topik yang mempunyai nilai level *disorientation* kurang dari 20%. Intron merupakan topik yang mempunyai nilai persentase tertinggi pada level *disorientation*. Hal ini menunjukkan bahwa pemahaman mahasiswa pada kelompok topik ini telah mengalami perubahan pemahaman ke arah yang lebih buruk. Beberapa faktor yang mungkin menjadi penyebab perubahan tersebut adalah karena pemahaman awal yang mereka miliki pada topik-topik sudah cukup kuat mereka yakini atau justru belum kuat mereka yakini sehingga mudah bagi mereka untuk mengubah pemahamannya ke arah yang tidak sesuai dengan kaidah ilmiah. Faktor yang kedua adalah tingkat kesulitan materi yang terkandung pada masing-masing topik di atas. Faktor yang ketiga adalah sebagian besar topik-topik dari proses pembelajaran ini saling berkaitan satu sama lain, sehingga apabila pada topik-topik dasar masih belum dipahami dengan baik maka besar kemungkinan untuk mengalami kebingungan pada mahasiswa ketika dihadapkan pada topik-topik yang lebih kompleks seperti vektor kloning, vektor ekspresi, primer dan PCR. Keempat topik ini merupakan topik-topik yang memerlukan landasan pemahaman yang kuat pada biologi molekular dasar seperti DNA, transkripsi dan kode genetik.

Perubahan pemahaman atau kognitif menurut Gentner (2002) tidak selalu berjalan ke arah yang diharapkan, namun bisa juga mereka menjadi memahaminya secara tidak akurat dapat menghasilkan rerepresentasi yang salah. Penemuan ini juga diperkuat oleh hasil penelitian Collin & Gentner, 1987 dan disessa, 1982 dalam Gentner (2002) bahwa pada domain yang sama seseorang bisa memegang 2 model rerepresentasi atau lebih yang tidak konsisten yang dikenal dengan *pastiche models* atau *knowledge in pikes*. Model rerepresentasi

yang salah ini justru dapat membantu para guru dan pendidik dalam mengungkapkan apa yang terjadi dalam proses pembelajaran dan ketika model ini sudah dipahami maka para guru dan pendidik dapat membuat materi pembelajaran yang dapat meminimalisir perubahan yang memicu kesalahan.

DNA rekombinan merupakan *learning objective* dari proses pembelajaran berbasis bioinformatika. Pada akhir perkuliahan mahasiswa diharapkan dapat memahami konsep DNA rekombinan dengan benar. Berdasarkan gambar 4.6 di atas menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika pada topik-topik sebelumnya telah memberikan representasi pengetahuan yang baik bagi mahasiswa untuk memahami konsep DNA rekombinan. Hal ini ditunjukkan dengan tidak ditemukannya mahasiswa yang mencapai level *disorientation*. Penemuan ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika mampu memberikan informasi yang cukup jelas bagi mahasiswa. Program-program bioinformatika telah menunjukkan peranannya sebagai representasi multipel bagi mahasiswa dalam memahami konsep DNA rekombinan. Peranan tersebut meliputi peranan MERs yang ditegaskan oleh Ainsworth (1999) yang meliputi 3 peranan besar yaitu berperan sebagai media untuk; (1) memberikan informasi baru sehingga mahasiswa mampu membangun pengetahuan barunya pada suatu konsep, (2) memberikan klarifikasi terhadap suatu konsep, sehingga mahasiswa mampu melakukan koreksi terhadap pemahamannya dan (3) mengisi *gap-gap* pengetahuan yang belum mereka pahami sehingga mereka mampu melengkapi pemahamannya menjadi pemahaman yang utuh.

### **4.3 Gambaran rerepresentasi dan perubahan pemahaman mahasiswa pada setiap topik pembelajaran**

#### **4.3.1 Deoxyribonukleotida (DNA)**

Untuk mengetahui perubahan pemahaman konsep yang dialami oleh mahasiswa, maka dilakukan analisis perubahan representasi respon mahasiswa pada data *pre* dan *post-test*. Berikut adalah tabel hasil analisis perubahan persentase respon mahasiswa (n) sebelum dan setelah pembelajaran.

Tabel 4.2 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep DNA

Katagori	<i>Pre</i> (n)	%	<i>Post</i> (n)	%
<b><i>No response</i></b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun	18	25	0	0
<b><i>Incorrect</i></b> a. Menuliskan pasangan purin dan pirimidin benar,tapi menuliskan ujung 3' dan 5' secara pararel pada benang ganda DNA b. Menuliskan pasangan purin dan pirimidin secara salah.	12 9	17 12	4 0	6 0
<b><i>Incomplete</i></b> Menuliskan pasangan purin dan pirimidin benar, namun tidak menuliskan ujung 3' dan 5'	17	24	4	6
<b><i>Complete</i></b> Memasangkan basa purin dan pirimidin DNA secara benar dan kedua benang tersebut berpasangan secara anti-pararel.	16	22	64	88

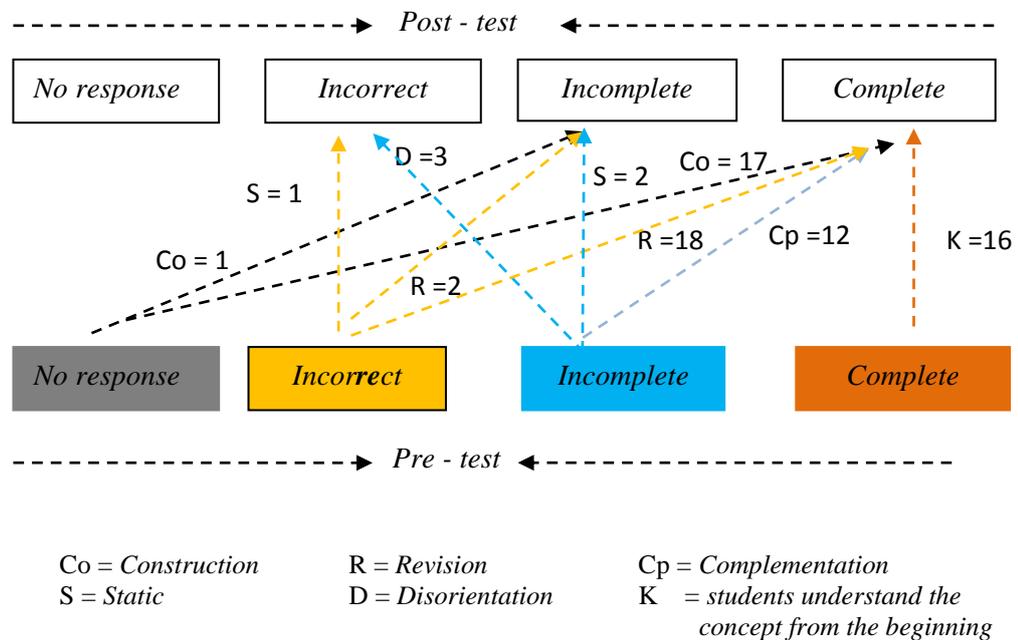
Berdasarkan data tabel di atas diketahui bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan respon yang berbeda bila dibandingkan dengan respon awalnya. Pengetahuan awal mahasiswa terhadap konsep DNA sangat bervariasi. Teridentifikasi ada 25% mahasiswa tidak mempunyai gambaran apapun (*no response*) tentang konsep DNA, 29% mahasiswa mempunyai pemahaman konsep DNA yang tidak sesuai (*incorrect*) dengan kaidah ilmiah, 24% mahasiswa mempunyai pemahaman konsep DNA yang tidak utuh (*incomplete*) dan 22% mahasiswa sudah mengetahui konsep DNA secara benar (*complete*). Sementara itu setelah proses pembelajaran berlangsung, respon mahasiswa terhadap konsep DNA mengalami perubahan besar. Teridentifikasi ada 6% mahasiswa yang masih memahami konsep DNA secara keliru (*incorrect*), 6% mahasiswa masih memahami secara partial (*incomplete*) dan 88% mahasiswa sudah mempunyai pemahaman yang komprehensif tentang konsep DNA. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu memberikan perubahan pemahaman yang cukup besar pada mahasiswa. Sebanyak 25% mahasiswa telah mengubah pemahamannya dari yang awalnya tidak mempunyai gambaran apapun tentang konsep DNA, maka setelah proses pembelajaran tidak ditemukan lagi mahasiswa yang memberikan jawaban *no response*. Sebanyak 23% mahasiswa telah mampu melakukan koreksi terhadap

pemahamannya sehingga pada akhir proses pembelajaran hanya ditemukan 6% mahasiswa yang masih tetap memberikan respon *incorrect*. Sebanyak 18% mahasiswa telah mampu melakukan pengintegrasian pemahaman awal dengan informasi dari bioinformatika sehingga bisa menjadi pemahaman yang utuh, sehingga pada akhir proses pembelajaran hanya ditemukan 6% mahasiswa yang masih memberikan respon *incomplete*.

Pemahaman mahasiswa pada konsep DNA ini meliputi beberapa hal penting yaitu: (1) DNA merupakan material hereditas dalam genom manusia dan hampir semua organisme, (2) pada umumnya struktur DNA merupakan benang ganda yang saling berlawanan arah dan (3) setiap benang tunggal DNA disusun dari molekul gula ribosa yang dihubungkan antar sesamanya melalui kelompok fosfat ke ujung 5' dari molekul gula berikutnya. Ujung 3' pada molekul gula dihubungkan melalui kelompok fosfat melalui ikatan *phosphodiester*. Semua benang DNA dibaca mulai dari ujung 5' ke 3' dimana ujung 5' diakhiri dengan kelompok fosfat dan ujung 3' diakhiri dengan molekul gula, (4) Setiap molekul gula berikatan secara kovalen dengan 1 dari 4 basa (*Adenin/A*, *Guanin/G*, *Cytosin/C* dan *Thymine/T*). A dan G merupakan kelompok *purines*, sedangkan C dan T merupakan kelompok *pyrimidines*. Pada benang ganda DNA, dua benang ganda berada dalam arah yang berlawanan (*anti-parallel*) dan basa A selalu berpasangan dengan T melalui 2 ikatan hidrogen dan basa C selalu berpasangan dengan G melalui 3 ikatan hidrogen (Campbell *et al.*, 2009). Pada proses pembelajaran berbasis bioinformatika, DNA direpresentasikan dalam berbagai program bioinformatika *off-line* snapgene/BIOEDIT maupun *online* [www.bioinformatic.org](http://www.bioinformatic.org). Program-program ini dapat merepresentasikan konsep DNA dalam hal pasangan basa purin dan pirimidin serta keberadaan ujung 5' dan 3' pada benang ganda DNA.

*Conceptual change* merupakan proses yang terjadi pada setiap individu mahasiswa. Nilai representasi yang tertera dalam *pre* dan *post-test* pada tabel 4.2 di atas masih merupakan nilai gabungan dari mahasiswa pada setiap katagori, sehingga dari nilai di atas belum bisa merepresentasikan perubahan respon yang terjadi pada setiap mahasiswa serta belum bisa menunjukkan spesifikasi mekanisme proses pembelajaran yang terjadi pada setiap mahasiswa. Oleh karena

itu perlu dilakukan analisis perubahan respon yang terjadi pada setiap individu mahasiswa. Berikut adalah hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada konsep DNA.



Gambar 4.7 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep DNA

Gambar 4.7 menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mengubah pemahaman mahasiswa pada konsep DNA ke arah yang lebih baik. Teridentifikasi saat *pre-test* pada katagori *no response* terdapat 18 orang, kemudian mengalami perubahan pemahaman konsep ke katagori *incomplete* (1 orang) dan *complete* (17 orang). Teridentifikasi saat *pre-test* pada katagori *incorrect* terdapat 21 orang, kemudian mengalami perubahan pemahaman konsep ke katagori *incomplete* (18 orang), *complete* (2 orang) serta *incorrect* (1 orang). Hal ini mengindikasikan bahwa proses pembelajaran yang diterima oleh mahasiswa mengalami proses internalisasi yang berbeda-beda pada setiap mahasiswa. Pada katagori *incorrect* yang dialami oleh 1 mahasiswa mengindikasikan bahwa pemahaman alternatif (miskonsepsi) yang dialaminya sangat kuat diyakini sehingga sulit untuk dilakukan perubahan. Hal ini sesuai

dengan studi yang dilakukan oleh Bahar *et al.*, (1999); Nusantari, 2011; Aldamasyah & Alshaya, 2012) bahwa materi genetik konsep DNA merupakan salah satu konsep yang banyak dipahami secara berbeda dengan kaidah ilmiah oleh mahasiswa. Teridentifikasi saat *pre-test* pada katagori *incomplete* terdapat 17 orang, kemudian mengalami perubahan pemahaman konsep ke katagori *incomplete* (1 orang) dan katagori *complete* (12 orang). Hal ini mengindikasikan bahwa konsep DNA telah dipahami secara utuh oleh 12 orang ini dan menyisakan 1 mahasiswa yang masih memahaminya secara parsial dan 3 mahasiswa mengalami perubahan ke arah yang lebih buruk yaitu *incorrect*. Sifat tidak konsisten ini menunjukkan bahwa pemahaman parsial mereka tidak berakar dengan kuat sehingga ketika informasi pengetahuan yang baru datang menyebabkan mereka gampang untuk mengubah pemahaman yang ada. Kondisi tersebut disebabkan karena materi genetika masih dipandang sebagai materi yang abstrak, sehingga sulit bagi mereka untuk mengintegrasikannya ke dalam pemahaman yang ada (Bahar *et al.*, 1999). Hasil penelitian Oztas *et al.*, (2003) menunjukkan bahwa topik DNA merupakan salah satu topik yang sulit untuk dipelajari.

Pada konsep DNA ini juga teridentifikasi ada 16 mahasiswa yang telah memahami konsep DNA secara komprehensif sesuai kaidah ilmiah dan tetap konsisten dengan pemahamannya sampai akhir pembelajaran. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran yang dialami mahasiswa tidak mampu menggoyahkan pemahaman yang ada, karena pemahaman mereka sudah kuat. Menurut Lappi (2013) bahwa pengalaman *conceptual change* dapat diamati sebagai sebuah proses transformasi dari beberapa pengetahuan awal menjadi pengetahuan akhir (mempunyai konsep yang baru). Oleh karena itu proses karakterisasi *conceptual change* memerlukan: (1) representasi awal, (2) representasi akhir dan (3) spesifikasi mekanisme proses pembelajaran yang telah memodifikasi perubahan. Proses pembelajaran ini menyebabkan pembelajar jadi mempunyai konsep-konsep yang sebelumnya tidak dimilikinya atau diketahuinya secara salah. Berikut adalah contoh analisis *conceptual change* yang terjadi pada setiap mahasiswa.

Mhs	DATA PRE-TEST MAHASISWA PADA KONSEP DNA					DATA POST-TEST MAHASISWA PADA KONSEP DNA					Level conceptual change					
	NR	IC(a)	IC (b)	IN	C	NR	IC(a)	IC (b)	IN	C	Co	R	Cp	S	D	K
1				1		1			1					1		
	Menuliskan pasangan purin dan pirimidin benar, namun tidak menuliskan ujung 3' dan 5'															
2		1							1			1				
	Menuliskan pasangan purin dan pirimidin benar, tapi menuliskan ujung 3' dan 5' secara paralel pada batang ganda DNA															
3	1									1				1		
	Tidak mempunyai representasi															
4					1					1						1
	Memasangkan basa purin dan pirimidin DNA secara benar dan kedua batang tersebut berpasangan secara anti-paralel															
5		1							1				1			
	Menuliskan pasangan purin dan pirimidin benar, tapi menuliskan ujung 3' dan 5' secara paralel pada batang ganda DNA															
6	1													1		
	Tidak mempunyai representasi															
7			1													1
	Menuliskan pasangan purin dan pirimidin secara salah															
	Menuliskan pasangan purin dan pirimidin benar, namun tidak menuliskan ujung 3' dan 5' secara paralel pada batang ganda DNA															

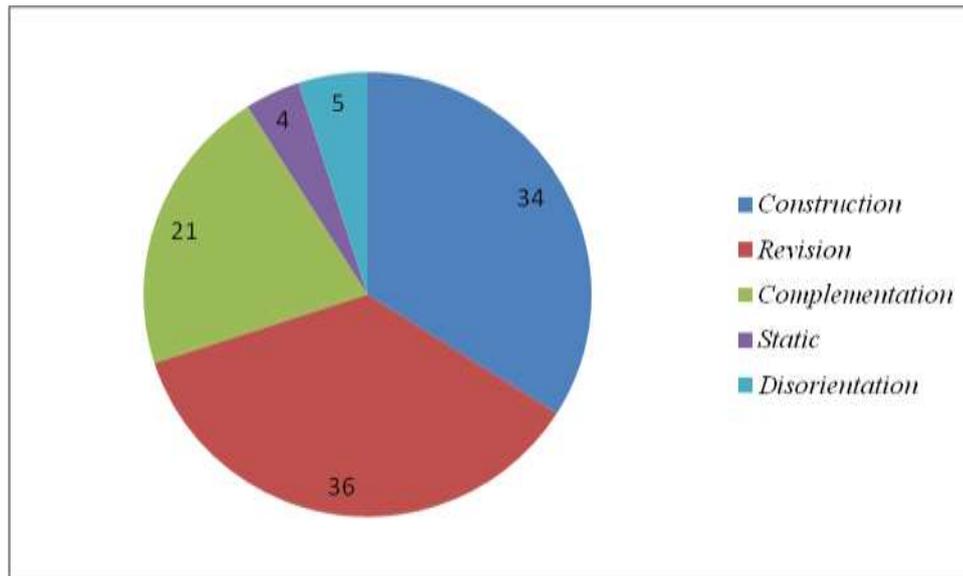
Gambar 4.8 Contoh proses analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada topik DNA

Berdasarkan data di atas, maka dapat ditentukan persentase level *conceptual change* yang dicapai oleh setiap mahasiswa pada konsep DNA setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika. Kemudian dilakukan pengelompokkan bagi mahasiswa-mahasiswa yang mempunyai capaian level *conceptual change* yang sama. Penggabungan level yang sama dilakukan untuk mengelompokkan jumlah setiap level capaian. Hal ini dilakukan untuk mengetahui persentase setiap level *conceptual change* yang dicapai oleh seluruh mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika.. Berikut adalah grafik hasil pengelompokkan level perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep DNA.



Gambar 4.9 Grafik persentase level *conceptual change* mahasiswa pada konsep DNA

Grafik persentase capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep DNA di atas menunjukkan bahwa hasil proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan proses perubahan pemahaman yang bervariasi pada mahasiswa. Untuk penghitungan persentase capaian level *conceptual change* di atas, kelompok *students know the term correctly* dikeluarkan dari proses perhitungan. Hal ini karena pada kelompok tersebut proses pembelajaran dari awal sampai akhir tidak mengubah pemahaman konsep yang sudah ada pada mahasiswa. Berikut adalah grafik variasi level *conceptual change* tanpa melibatkan kelompok *students know the term correctly*.



Gambar 4.10 Grafik persentase level *conceptual change* mahasiswa pada konsep DNA tanpa melibatkan kelompok *students know the term correctly*

Berdasarkan grafik di atas menunjukkan bahwa proses pembelajaran telah mampu memberikan variasi *conceptual change* mahasiswa pada konsep DNA. Teridentifikasi ada 34% (18 mahasiswa) telah mampu melakukan proses konstruksi pengetahuan sehingga mereka dikelompokkan ke dalam kelas level *construction*. Konsep DNA merupakan kompetensi dasar yang harus dimiliki oleh siswa lulusan sekolah menengah atas (Permendiknas no. 69 tahun 2013). Namun hasil penelitian ini menunjukkan bahwa sebagian dari mereka tidak memiliki kompetensi dasar tersebut, sehingga mereka tidak mempunyai bekal pengetahuan ini ketika menjadi mahasiswa. Hasil penelitian yang sama juga ditemukan oleh McDonal & Gomes (2013) dimana sebagian besar mahasiswa tidak mempunyai pemahaman sama sekali pada konsep DNA. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu merepresentasikan materi-materi yang ada pada konsep DNA secara jelas sehingga informasi ini menjadi pengetahuan baru bagi mereka dalam membangun pengetahuannya. Menurut Vosniadou (2004) dalam Chi *et al.*, (2008) proses pembelajaran sains pada mahasiswa mungkin saja pada awalnya tidak mempunyai pengetahuan awal

(*missing knowledge*) sehingga proses pembelajaran merupakan proses penambahan pengetahuan (*adding*). Menurut Ainsworth (1999) representasi multipel berperan dalam memberikan informasi baru yang mendukung suatu pemahaman baru.

Teridentifikasi ada 36% (20 mahasiswa) telah mampu melakukan perbaikan terhadap pemahaman yang berbeda dengan kaidah ilmiah yang selama ini mereka pahami sehingga mereka dikelompokkan ke dalam kelas *revision*. Hal ini berarti bahwa representasi bioinformatika telah mampu memberikan informasi yang cukup jelas bagi mereka sehingga mereka mampu melakukan revisi terhadap pemahaman mereka yang salah selama ini. Menurut Vosniadou (2004) dalam Chi *et al.*, 2008) dalam proses pembelajaran sains, pengetahuan awal mahasiswa mengalami konflik (*in conflict with*) dengan pengalaman sehari-hari di sekolah atau di lingkungannya sehingga pemahamannya menjadi tidak sesuai dengan kaidah ilmiah atau miskonsepsi dan proses pembelajaran merupakan proses perubahan pemahaman konsep sebelumnya menjadi pemahaman yang ilmiah. Menurut Ainsworth (1999) representasi multipel berperan membantu pebelajar dalam mengembangkan sebuah pemahaman yang lebih baik pada sebuah domain melalui penggunaan satu representasi untuk mengatasi interpretasinya pada representasi kedua. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu memberikan informasi yang jelas sehingga mahasiswa mampu melakukan koreksi terhadap pemahaman awalnya

Teridentifikasi ada 21% (12 mahasiswa) mahasiswa mampu mencapai level *complementation*. Hal ini menunjukkan bahwa informasi-informasi yang disajikan melalui program bioinformatika mampu digunakan oleh mahasiswa pada kelompok ini untuk melengkapi *gap-gap* pemahamannya yang belum mereka pahami. Sebagai contoh, beberapa mahasiswa belum memahami peranan pelabelan ujung 5' dan 3' pada benang ganda DNA. Melalui proses pembelajaran bioinformatika ini mereka menjadi paham dan terbiasa untuk selalu menuliskan sifat anti paralel dari benang ganda DNA tersebut pada setiap penulisan benang ganda DNA.

Sementara itu teridentifikasi ada 4% (3 mahasiswa) yang tidak mampu melakukan perubahan pemahamannya dari awal sampai akhir pembelajaran,

sehingga mereka dikelompokkan ke dalam kelas *static*. Hal ini menunjukkan bahwa kelompok mahasiswa ini tidak mampu mengintegrasikan informasi-informasi yang direpresentasikan dalam bioinformatika ke dalam pemahaman awal mereka. Level *static* ini berasal dari katagori *incorrect* ke *incorrect* (2%) dan *incomplete* ke *incomplete* (21%), sehingga ada 2% dari 56 jumlah mahasiswa yang masih tetap memegang pemahaman alternatif dan ada 3% dari 56 jumlah mahasiswa yang masih tetap memegang pemahaman parsial. Pemahaman alternatif yang diyakini mahasiswa merupakan pemahaman yang sulit untuk dirubah pada sebagian mahasiswa, sehingga diperlukan usaha yang lebih besar lagi untuk mengubahnya. Disisi lain pemahaman parsial yang telah mereka yakini juga belum mampu untuk dinaikkan menjadi pemahaman yang utuh. Padahal sejogyanya proses pembelajaran dapat meningkatkan pemahaman kearah yang lebih baik. Menurut Vosniadou (2004) dalam Chi *et al.*, (2008) pemahaman awal mahasiswa mungkin saja merupakan pemahaman yang belum utuh (*incomplete*) sehingga proses pembelajaran merupakan proses penambahan (*gap filling*).

Disisi lain pada penelitian ini juga ditemukan 5% (3 mahasiswa) yang dikelompokkan ke dalam kelas *disorientation*, yang berasal dari mahasiswa-mahasiswa yang awalnya sudah mempunyai pemahaman awal parsial namun setelah mengalami proses pembelajaran menjadi memahaminya secara keliru. Mahasiswa pada kelompok ini berusaha untuk melengkapi penulisan ujung 5' dan 3' pada benang ganda DNA, namun mereka menuliskannya secara paralel. Hal ini mengindikasikan bahwa saat proses pembelajaran berbasis bioinformatika mereka belum bisa memaknai penjelasan ilmiah keberadaan ujung 5' dan 3' pada benang ganda DNA sehingga pada akhirnya mereka mengalami perubahan pemahaman ke arah pemahaman yang lebih buruk dari pemahaman awalnya. Penemuan ini juga diperkuat oleh hasil penelitian Collin & Gentner, 1987 dan disessa, 1982 dalam Gentner (2002) bahwa pada domain yang sama seseorang bisa memegang 2 rerepresentasi atau lebih yang tidak konsisten yang dikenal dengan *pastiche models* atau *knowledge in pikes*. Namun demikian model rerepresentasi tidak selalu akurat sehingga model rerepresentasi juga bisa menghasilkan rerepresentasi yang salah. Rerepresentasi yang salah ini justru dapat membantu para guru dan pendidik dalam mengungkapkan apa yang terjadi dalam proses pembelajaran dan

ketika rerepresentasi ini sudah dipahami maka para guru dan pendidik dapat membuat materi pembelajaran yang lebih baik lagi dan dapat meminimalisir perubahan yang memicu kesalahan (Gentner, 2002).

### 4.3.2 Transkripsi

Konsep transkripsi merupakan salah satu konsep standar yang harus dipahami oleh lulusan SMA. Untuk mengetahui perubahan pemahaman konsep transkripsi yang dialami oleh mahasiswa, maka dilakukan analisis perubahan representasi respon mahasiswa pada data *pre* dan *post-test*. Berikut adalah tabel hasil analisis perubahan persentase respon mahasiswa (n) sebelum dan setelah pembelajaran.

Tabel 4.3 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep transkripsi

Kategori	Pre (n)	%	Post (n)	%
<b>No response</b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun	4	6	0	0
<b>Incorrect</b>				
a. Menuliskan pasangan purin dan pirimidin RNA secara salah	13	19	4	6
b. Menuliskan pasangan purin dan pirimidin RNA secara benar, namun menuliskan ujung 3' dan 5' paralel dengan benang DNA.	6	9	5	7
<b>Incomplete</b>				
a. Menuliskan pasangan purin dan pirimidin RNA secara benar, namun tidak menuliskan benang sense dan antisense DNA	14	21	15	21
b. Menuliskan pasangan purin dan pirimidin RNA secara benar, namun tidak menuliskan benang sense dan antisense DNA dan ujung 3' dan 5'	33	49	4	6
<b>Complete</b> Proses transkripsi merupakan proses penyalinan salah satu benang DNA (anti-sense) menjadi menjadi benang RNA. dengan pasangan purin dan pirimidin yaitu Adenin (A) dengan Urasil (U), sitosin (C) dan Guanin (G), sehingga benang RNA hasil transkripsi akan hampir sama dengan benang sense DNA	0	0	42	60

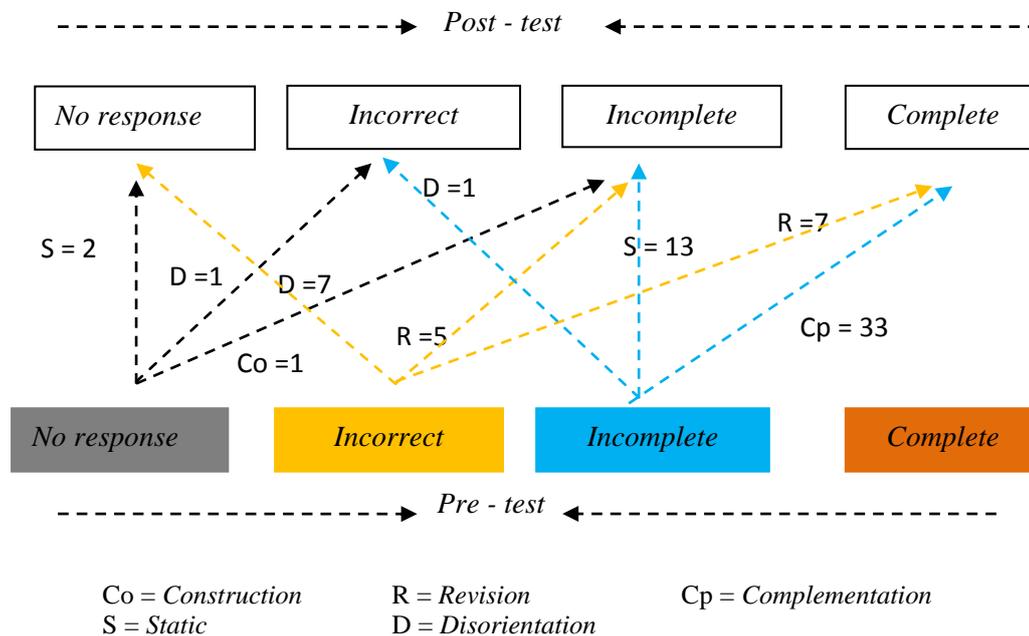
Berdasarkan data tabel 4.3 diketahui bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan respon yang berbeda pada mahasiswa bila dibandingkan dengan respon awalnya. Pertanyaan pada konsep transkripsi ini, mahasiswa diminta untuk membuat benang ganda DNA dan salah satu dari benang tersebut diminta untuk dijadikan cetakan untuk membuat benang RNA. Pertanyaan-pertanyaan ini sengaja dikaitkan dengan dampak pemahaman mahasiswa terhadap materi sebelumnya yaitu DNA. Hal ini dilakukan untuk melatih dan mengasah kembali pemahaman mahasiswa terhadap konsep DNA dan menghubungkan peranan salah satu benang ganda DNA dalam peranannya sebagai cetakan untuk membuat benang RNA melalui proses transkripsi. Melalui strategi ini mahasiswa diharapkan mulai dapat memahami arti dari *sense* dan *anti-sense* benang DNA.

Persentase kategori respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* di atas menunjukkan tingkat pemahaman yang berbeda-beda. Teridentifikasi terdapat 4 mahasiswa yang tidak memberikan jawaban apapun, 19 mahasiswa mempunyai pemahaman alternatif, 47 mahasiswa mempunyai pemahaman yang tidak utuh dan tidak satupun mahasiswa yang mempunyai pemahaman yang utuh tentang konsep transkripsi. Hal ini menunjukkan bahwa konsep transkripsi merupakan konsep yang sudah familiar bagi mereka, hanya sebagian besar dari mereka telah memahaminya secara parsial. Setelah mengalami pembelajaran berbasis bioinformatika, teridentifikasi tidak satupun mahasiswa yang tidak mempunyai jawaban, ada 13% mahasiswa yang masih mempunyai pemahaman alternatif, ada 27% mahasiswa yang masih tetap mempunyai pemahaman tidak utuh dan ada 60% mahasiswa yang kemudian mempunyai pemahaman yang komprehensif. Untuk mengetahui proses perubahan konsep yang terjadi pada mahasiswa selanjutnya dilakukan analisis perubahan konsep. Proses transformasi pemahaman di atas yang diidentifikasi dari data *pre* dan *post-test* menunjukkan mekanisme proses pembelajaran yang telah dialami oleh mahasiswa. Hal ini merupakan salah satu cara dalam mengamati pengalaman *conceptual change* (Lappi, 2013).

Menurut Ainsworth (1999) pembelajaran secara efektif dapat dilakukan dengan menggunakan representasi multipel yang dapat menguraikan ide-ide kompleks menjadi bagian-bagian ide yang lebih sederhana. RNA direpresentasikan

dalam berbagai program bioinformatika *off-line* snapgene maupun *online* dengan menggunakan *web-site* [www.attotron.com/cybertory/analysis/trans.htm](http://www.attotron.com/cybertory/analysis/trans.htm). Representasi pada konsep DNA dihubungkan dengan representasi pada konsep RNA sehingga mahasiswa diharapkan dapat memahami ide kompleks pada konsep transkripsi. Representasi konsep transkripsi menunjukkan bahwa jembatan antara DNA dan sintesis protein adalah asam nukleat *Ribonucleic acid* (RNA). Transkripsi terjadi pada semua organisme. Proses transkripsi merupakan sintesis benang RNA di bawah arahan DNA. Kedua asam nukleat menggunakan bahasa yang sama dimana informasi pada benang DNA ditranskripsi menjadi benang RNA. Struktur benang RNA berbeda dengan DNA, yaitu RNA gugus gulanya adalah ribosa dan setiap molekul gula berikatan secara kovalen dengan 1 dari 4 basa (*Adenin/A*, *Guanin/G*, *Cytosin/C* dan *Urasil/U*). Basa A dan G merupakan kelompok *purines*, sedangkan basa C dan U merupakan kelompok *pyrimidines*. Tidak seperti benang DNA yang berada dalam keadaan benang ganda, benang RNA selalu berada dalam keadaan tunggal. Pada benang ganda RNA, basa A selalu berpasangan dengan U melalui 2 ikatan hidrogen dan basa C selalu berpasangan dengan G melalui 3 ikatan hidrogen (Campbell *et al.*, 2009).

Konsep transkripsi merupakan salah satu konsep dalam mata pelajaran biologi yang sudah dipelajari mahasiswa ketika mereka berada di sekolah menengah atas. Oleh karena itu bekal pengetahuan awal mahasiswa menjadi pijakan penting bagi mahasiswa dalam mengikuti proses pembelajaran pada penelitian ini. Proses perubahan pemahaman mahasiswa dari *pre* ke *post – test* selanjutnya dapat dilihat pada gambar di bawah ini.

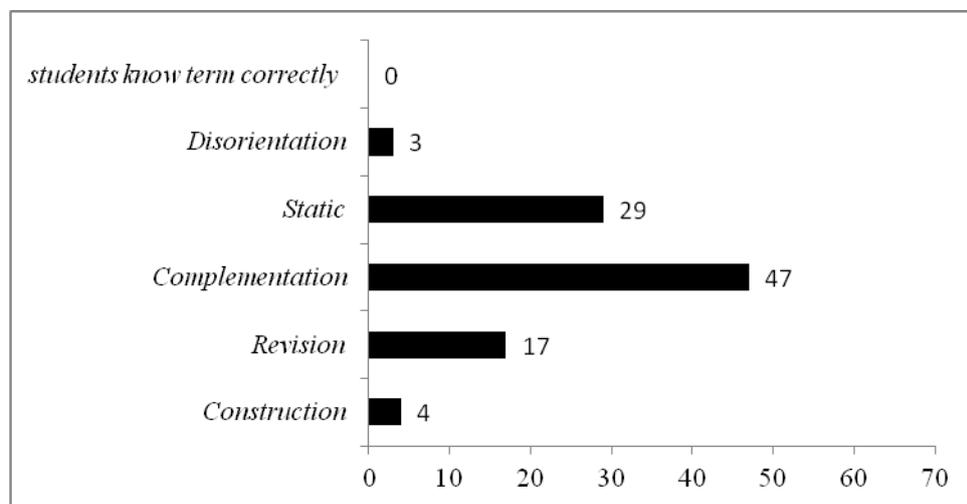


Gambar 4.11 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep transkripsi

Proses perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep transkripsi menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mengubah pemahaman mahasiswa pada konsep transkripsi ke arah yang bervariasi. Teridentifikasi saat *pre-test* pada kategori *no response* terdapat 4 orang, kemudian mengalami perubahan pemahaman konsep ke kategori *incorrect* (1 orang), *incomplete* (1 orang) dan *no response* (2 orang). Teridentifikasi saat *pre-test* pada kategori *incorrect* terdapat 19 orang, kemudian mengalami perubahan pemahaman konsep ke kategori *incomplete* (7 orang), *complete* (5 orang) serta *incorrect* (7 orang). Hal ini mengindikasikan bahwa proses pembelajaran yang diterima oleh mahasiswa mengalami proses internalisasi yang berbeda-beda pada setiap mahasiswa. Pada kategori *incorrect* tetap menjadi *incorrect* yang dialami oleh 7 mahasiswa mengindikasikan bahwa pemahaman alternatif (miskonsepsi) yang dialaminya sangat kuat diyakini sehingga sulit untuk dilakukan perubahan. Hal ini

sesuai dengan studi yang dilakukan oleh Bahar *et al.*, (1999); Nusantari, (2011; Aldamasyah & Alshaya, (2012) bahwa materi genetik konsep transkripsi merupakan salah satu konsep yang banyak dipahami secara berbeda dengan kaidah ilmiah oleh mahasiswa. Teridentifikasi saat *pre-test* pada katagori *incomplete* terdapat 47 orang, kemudian mengalami perubahan pemahaman konsep ke katagori *static incomplete* (13 orang), *complete* (33 orang) dan katagori *incorrect* (1 orang). Hal ini mengindikasikan bahwa konsep transkripsi telah dipahami secara parsial oleh 47 orang ini. Terdapat 13 orang yang tetap tidak mengubah pemahamannya. Terdapat 33 orang yang mengubah pemahaman parsialnya menjadi pemahaman yang utuh. Hal ini menunjukkan proses pembelajaran telah mampu memberikan informasi yang jelas sehingga mampu mengisi *gap-gap* pengetahuan yang selama ini belum mereka pahami. Sementara itu terdapat 1 orang yang mempunyai pemahaman yang tidak konsisten. Sifat tidak konsisten ini menunjukkan bahwa pemahaman parsial ini tidak berakar dengan kuat sehingga ketika informasi pengetahuan baru datang menyebabkan dia mudah untuk mengubah pemahaman yang ada. Pada konsep transkripsi ini tidak teridentifikasi ada mahasiswa yang telah memahami konsep transkripsi secara komprehensif sesuai kaidah ilmiah. Hal ini menunjukkan bahwa konsep transkripsi yang mereka pahami selama ini merupakan pemahaman yang parsial dan alternatif. Hasil penelitian ini lebih baik dibandingkan hasil penelitian McDonal & Gomes (2013) yang menempatkan konsep transkripsi sebagai konsep yang tersulit untuk dipahami oleh mahasiswa pada mata kuliah biologi molekuler. Hasil penelitian Wirght & Newman (2014) juga menunjukkan bahwa pemahaman mahasiswa pada konsep transkripsi sangat rendah. Menurut Corebima (2009) kondisi tersebut disebabkan karena materi genetika masih pada umumnya masih dibelajarkan dengan diawali oleh penguraian sejarah genetika, sehingga mereka mengalami pemahaman yang terfragmentasi dan miskin pemahaman pada ketika dihubungkan dengan molekuler. Hal ini yang menyebabkan materi genetik sulit bagi mereka untuk mengintegrasikannya ke dalam pemahaman yang ada.

Berdasarkan hasil uraian pada gambar 4.11, maka dapat ditentukan persentase level *conceptual change* yang dicapai oleh mahasiswa pada konsep transkripsi setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika. Data *pre-test* menjadi landasan dalam menentukan hasil capaian level *conceptual change*. Hal ini dilakukan untuk mengetahui persentase setiap level *conceptual change* yang dicapai oleh seluruh mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika (Gambar 4.12).



Gambar 4.12 Grafik persentase level capaian *conceptual change* mahasiswa pada konsep transkripsi

Berdasarkan grafik di atas menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu memberikan variasi *conceptual change* mahasiswa pada konsep transkripsi. Pada level *construction* pada penelitian ini teridentifikasi ada 4% (3 mahasiswa) dari 70 mahasiswa yang mengalami proses membangun pengetahuan. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu merepresentasikan materi-materi yang ada pada konsep transkripsi secara jelas sehingga informasi ini menjadi pengetahuan baru bagi mereka dalam membangun pengetahuannya. Sejalan dengan taksonomi

representasi multipel dari Ainsworth (1999) yang berperan dalam memberikan informasi baru sehingga proses pembelajaran dapat membangun pengetahuan baru bagi mahasiswa. Disisi lain pada Peraturan Menteri Pendidikan dan Kebudayaan Republik Indonesia Nomor 69 tahun 2013 kurikulum jenjang SMA pada bidang biologi, konsep transkripsi merupakan kompetensi dasar yang harus dipahami oleh siswa SMA. Namun penemuan pada hasil ini menunjukkan bahwa sebagian kecil mahasiswa tidak memiliki sama sekali pemahaman tentang konsep transkripsi. Hasil penelitian ini juga ditemukan oleh studi Lewis *et al.*, (2000) pada siswa sekolah menengah atas juga menunjukkan bahwa mereka tidak mempunyai pengetahuan yang cukup bahkan tidak memiliki sama sekali pemahaman tentang transkripsi.

Pada penelitian ini teridentifikasi ada 17% (12 mahasiswa dari 70) mahasiswa mengalami proses *revision*. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika mampu memberikan informasi yang jelas menggunakan representasi-representasi DNA dan RNA. Kelompok mahasiswa ini telah berhasil menggunakan representasi-representasi yang ada untuk memahami konsep transkripsi. Penemuan ini sesuai dengan proses pembelajaran sains dari Vosniadou (2004) dalam Chi *et al.*, (2008) bahwa pengetahuan awal mahasiswa mengalami konflik (*in conflict with*) dengan pengalaman sehari-hari di sekolah atau di lingkungannya sehingga pemahamannya menjadi tidak sesuai dengan kaidah ilmiah atau miskonsepsi dan proses pembelajaran merupakan proses perubahan pemahaman konsep sebelumnya menjadi pemahaman yang ilmiah. Taksonomi representasi multipel Ainsworth (1999) menerangkan perannya dalam membantu pebelajar untuk mengembangkan sebuah pemahaman yang lebih baik pada sebuah domain melalui penggunaan satu representasi untuk mengatasi interpretasinya pada representasi kedua.

Teridentifikasi ada 47% (33 mahasiswa dari 70) mahasiswa mengalami proses melengkapi pengetahuannya. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu memberikan informasi yang jelas pada konsep transkripsi, sehingga mahasiswa dalam kelompok ini mampu

melakukan integrasi pengetahuan awalnya dengan pengetahuan baru menjadi pemahaman yang utuh. Representasi-representasi dari bioinformatika dapat dipahami dengan baik oleh mahasiswa serta dapat dikaitkan antar representasinya sehingga mereka dapat membangun pengetahuan yang utuh (Ainsworth, 1999). Menurut Vosnadou (2004) dalam Chi *et al.*, (2008) bahwa dalam *conceptual change* proses pembelajaran bisa merupakan proses penambalan pengetahuan (*gap filling*) bagi mahasiswa yang sudah mempunyai pengetahuan awal kurang utuh. Melalui pembelajaran berbasis bioinformatika ini mereka mendapat pemahaman tambahan mengenai peranan ujung 3' dan 5' dalam proses transkripsi serta menentukan benang DNA bagian mana yang akan menjadi templat dalam mencetak benang RNA.

Hasil penelitian ini juga teridentifikasi ada 29% (20 mahasiswa dari 70) mahasiswa yang masuk level *static*. Kondisi miskonsepsi ditemukan pada hasil penelitian ini yaitu beberapa mahasiswa dari kelompok level *static* ini merupakan mahasiswa-mahasiswa yang memiliki pemahaman alternatif pada konsep transkripsi. Pada kelompok ini, mahasiswa tidak mampu menerima informasi yang cukup bermakna dari proses pembelajaran, sehingga mereka yang tadinya mempunyai pemahaman alternatif tetap saja diakhir pembelajaran memahaminya secara alternatif. Menurut Takaya (2002) kondisi miskonsepsi bersifat persisten yang terikat kuat pada siswa sehingga menjadi hambatan bagi siswa dalam memahami suatu konsep. Kurikulum Tingkat Satuan Pendidikan (KTSP) SMA bahwa standar kompetensi materi genetika adalah memahami penerapan konsep dasar dan prinsip-prinsip hereditas serta implikasinya pada salingtemas dengan 6 kompetensi dasar. Konsep transkripsi merupakan salah satu konsep standar yang harus dipahami oleh lulusan SMA, sehingga bila pada jenjang ini terjadi miskonsepsi maka kondisi ini akan terbawa terus ke jenjang selanjutnya.

Sebagian mahasiswa dari level *static* ini terdapat juga mahasiswa yang tidak mampu mengintegrasikan informasi yang berasal dari bioinformatika dengan pemahaman awal mereka, sehingga mereka yang tadinya mempunyai pemahaman tidak lengkap tetap saja memahaminya secara tidak utuh. Hal ini didukung oleh

hasil penelitian Nusantari (2011) pada 12 buku teks yang dipergunakan di jenjang SMA di Indonesia yang paling banyak menunjukkan ketidakjelasan materi dalam menerangkan hubungan gen, RNA, polipeptida dan proses sintesis protein. Penyampaian materi pembelajaran yang tidak lengkap ini dapat menyebabkan siswa memahaminya secara salah/miskonsepsi maupun memahaminya secara parsial.

Pada penelitian ini teridentifikasi ada 3% (2 mahasiswa dari 70) mahasiswa yang mengalami *disorientation*, dimana perubahan pemahaman terjadi ke arah yang pemahaman yang lebih buruk. Hal ini menunjukkan bahwa kelompok mahasiswa ini tidak mampu menggunakan informasi yang disajikan melalui program-program bioinformatika untuk memperbaiki maupun melengkapi pemahamannya. Hasil penelitian yang mirip juga ditemukan oleh Rotbain *et al.*, (2008) yang mengidentifikasi konsep transkripsi merupakan topik molekuler yang tersulit bagi siswa. Menurut Collin & Gentner, 1987 dan disessa, 1982 dalam Gentner (2002) bahwa pada domain yang sama seseorang bisa memegang 2 model rerepresentasi atau lebih yang tidak konsisten yang dikenal dengan *pastiche models* atau *knowledge in pikes*. Model rerepresentasi yang dihasilkan melalui proses pembelajaran tidak selalu akurat sehingga dapat menghasilkan rerepresentasi yang salah. Namun demikian rerepresentasi yang salah ini justru dapat membantu para guru dan pendidik dalam mengungkapkan apa yang terjadi dalam proses pembelajaran dan ketika model ini sudah dipahami maka para guru dan pendidik dapat membuat materi pembelajaran yang lebih baik yang dapat meminimalisir perubahan yang dapat memicu kesalahan interpretasi pebelajar.

### 4.3.3 Kode Genetik

Untuk mengetahui perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep translasi sub-topik kode genetik, maka dilakukan analisis perubahan representasi respon mahasiswa pada data *pre* dan *post-test*. Berikut adalah tabel hasil analisis perubahan persentase respon mahasiswa (n) sebelum dan setelah pembelajaran.

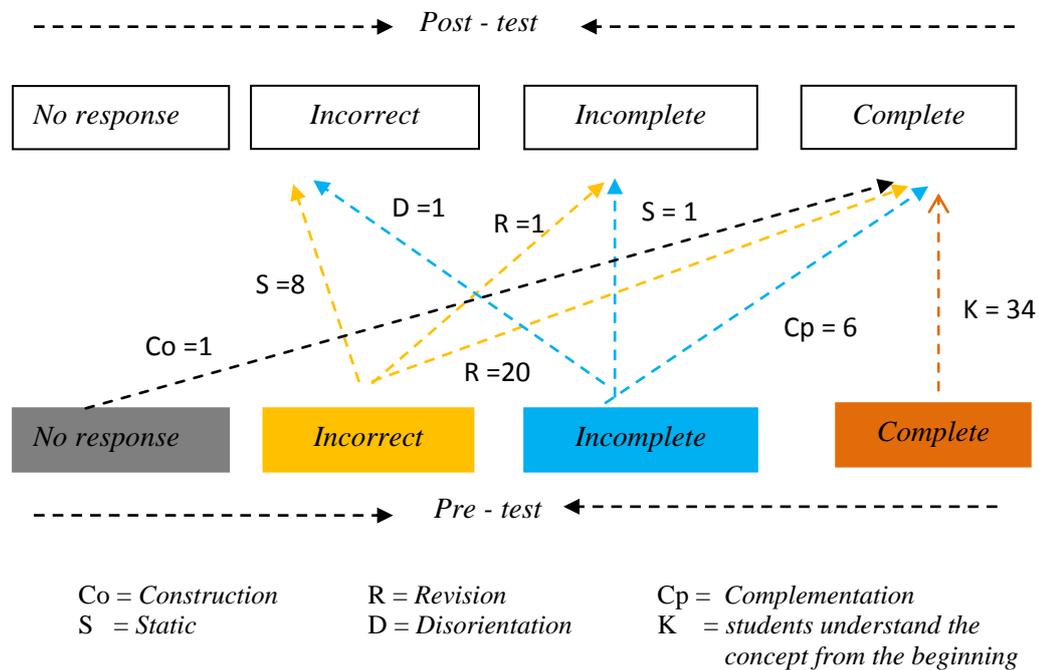
Tabel 4.4 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep kode genetik

Kategori	Pre (n)	%	Post (n)	%
<b>No response</b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun	1	1	0	0
<b>Incorrect</b> Menerjemahkan setiap tiga basa kode genetik pada mRNA menjadi suatu asam amino yang keliru	29	41	9	12
<b>Incomplete</b> Menerjemahkan setiap tiga basa kode genetik pada mRNA menjadi suatu asam amino yang benar namun menuliskan pasangan mRNA dengan basa-basa versi DNA	8	11	0	0
<b>Complete</b> Menerjemahkan setiap tiga basa kode genetik pada mRNA menjadi suatu asam amino yang benar dan menuliskan pasangan mRNA dengan basa-basa versi RNA	34	47	63	88

Berdasarkan data tabel di atas diketahui bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan respon yang berbeda-beda pada mahasiswa bila dibandingkan dengan respon awalnya. Pengetahuan awal mahasiswa pada topik kode genetik sangat bervariasi tersebar pada semua kategori. Teridentifikasi ada 1% mahasiswa yang tidak mempunyai pengetahuan tentang topik kode genetik (*no response*). Empat satu puluh persen mahasiswa memahami kode genetik secara berbeda dengan kaidah ilmiah (*incorrect*) yaitu menerjemahkan setiap tiga basa kode genetik pada mRNA menjadi suatu asam amino yang keliru. Hal ini menunjukkan bahwa mereka belum memahami cara baca kartu kode genetik. Teridentifikasi ada 11% mahasiswa yang mempunyai pemahaman parsial (*incomplete*) yaitu menerjemahkan setiap tiga basa kode genetik pada mRNA menjadi suatu asam amino yang benar namun menuliskan pasangan mRNA dengan basa-basa versi DNA. Sementara itu ada 47% mahasiswa yang sudah mempunyai pengetahuan awal yang benar pada topik ini (*complete*).

Seperti halnya pertanyaan-pertanyaan pada materi DNA dan RNA, pertanyaan-pertanyaan pada konsep translasi juga menggunakan strategi yang sama yaitu mengulang pemahaman mahasiswa pada materi sebelumnya yaitu mahasiswa diminta untuk mengaitkan pemahaman mereka pada konsep DNA dan transkripsi dengan proses sintesa protein. Pada proses sintesis ini mereka diminta untuk menentukan; urutan asam amino yang akan dihasilkan dari urutan mRNA, posisi kodon dan anti-kodon pada mRNA serta menentukan pasangan basa dari mRNA. Translasi merupakan proses sintesis polipeptida di bawah arahan mRNA. Selama tahapan ini terjadi perubahan bahasa, dimana sel harus menerjemahkan sekuen basa pada molekul mRNA menjadi sekuen asam amino untuk kemudian menjadi polipeptida. Translasi terjadi pada ribosom kompleks yang memfasilitasi arahan asam amino yang akan dirangkaikan dalam sebuah polipeptida. Aliran informasi dari gen ke protein menggunakan basa-basa pada kode triplet. Untaian basa pada mRNA merupakan untaian kode triplet (kodon) yang selanjutnya akan diterjemahkan oleh kode triplet komplemennya yaitu anti-kodon menjadi asam amino yang sesuai dengan kode triplet yang dibacanya (Campbell *et al.*, 2009).

Nilai yang tertera pada *pre* dan *post-test* pada tabel 4.4 di atas masih merupakan nilai gabungan dari mahasiswa pada setiap katagori, sehingga dari nilai tersebut belum dapat merepresentasikan perubahan respon yang terjadi pada setiap mahasiswa serta belum bisa menunjukkan spesifikasi mekanisme proses pembelajarannya. Oleh karena itu pada penelitian ini proses *conceptual change* yang dialami oleh setiap mahasiswa dilakukan dengan menilai perubahan katagori dari *pre* ke *post-test*. Hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada topik kode genetik terdapat pada gambar 4.13.

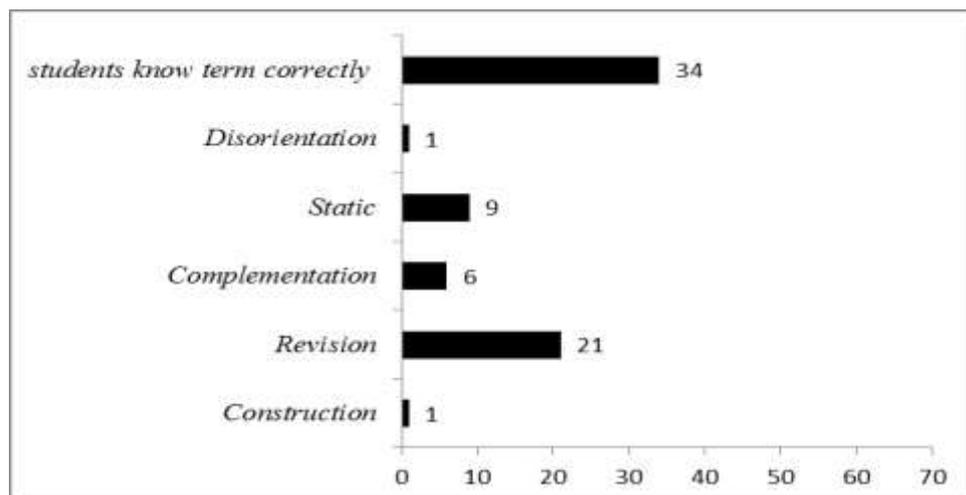


Gambar 4.13 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada topik kode genetik

Hasil analisis perubahan pemahaman mahasiswa menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah dapat memberikan perubahan pemahaman topik kode genetik pada setiap mahasiswa ke arah yang lebih baik. Hal ini ditunjukkan dengan banyaknya jumlah nilai pada setiap panah yang menuju ke arah kanan. Teridentifikasi pada saat *pre-test* ada 1 orang yang masuk katagori *no response*, kemudian mengalami perubahan pemahaman konsep ke katagori *complete*. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan informasi yang jelas sehingga mampu membuat mahasiswa ini untuk membangun pengetahuannya menjadi pemahaman yang utuh. Teridentifikasi saat *pre-test* ada 29 orang yang masuk katagori *incorrect* kemudian setelah mengalami proses pembelajaran kelompok mahasiswa ini terpecah menjadi 3 katagori yaitu 8 orang mengalami *static*, tetap berada di katagori *incorrect*, 1 orang mengalami *revision* menjadi *incomplete* dan 20 orang

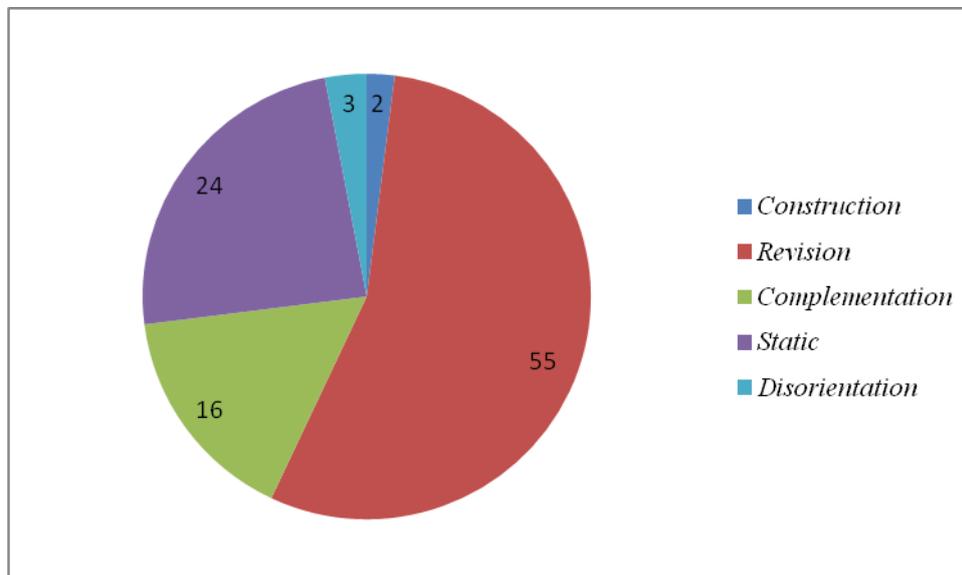
mengalami *revision* menjadi *complete*. Teridentifikasi saat *pre-test* ada 8 orang yang masuk katagori *incomplete*, kemudian setelah mengalami proses pembelajaran terpecah menjadi 3 katagori yaitu 1 orang mengalami *disorientation*, dari katagori *incomplete* menjadi *incorrect*, 1 orang mengalami *static*, tetap berada pada katagori *incomplete* dan 6 orang mengalami *complementation*, dari katagori *incomplete* menjadi *complete*. Penemuan ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran yang dialami oleh mahasiswa mengalami proses internalisasi yang berbeda-beda pada setiap mahasiswa. Penemuan respon mahasiswa yang masuk dalam katagori *no-response*, *incorrect* dan *incomplete* dari data *pre-test* menunjukkan bahwa proses pembelajaran yang mereka alami pada jenjang sekolah menengah atas belum mampu memberikan informasi yang jelas. Hal ini diperkuat dengan penemuan Nusantari (2011) materi genetik pada buku teks biologi yang digunakan hampir di seluruh sekolah menengah atas di Indonesia terdapat ketidaklengkapan informasi yang dapat menjelaskan hubungan antara RNA dan sintesis protein.

Berdasarkan data di atas, level *conceptual change* yang dicapai mahasiswa pada konsep translasi sub-topik kode genetik ini dapat digambarkan dengan grafik 4.14.



Gambar 4.14 Grafik level *conceptual change* jumlah mahasiswa pada topik kode genetik

Grafik capaian level *conceptual change* jumlah mahasiswa di atas menunjukkan bahwa dari awal proses pembelajaran sudah teridentifikasi ada 34 dari 70 mahasiswa (47%) yang masuk kelompok *students know the term correctly*. Hal ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika pada konsep DNA dan transkripsi telah memberikan bekal pemahaman bagi mereka dalam memahami konsep translasi sub-topik kode genetik ini. Pada kelompok ini sudah dipastikan tidak terjadi perubahan pemahaman, karena data respon pre dan post-test tetap berada pada katagori *complete*. Oleh karena itu kelompok ini dikeluarkan dari proses analisis level *conceptual change*. Berikut adalah grafik persentase level *conceptual change* mahasiswa pada konsep translasi sub-topik kode genetik setelah dikurangi kelompok *students know the term correctly*.



Gambar 4.15 Grafik persentase capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep kode genetik

Berdasarkan hasil analisis capaian level *conceptual change* di atas menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu memberikan perubahan pemahaman pada sejumlah besar mahasiswa. Teridentifikasi ada 2% mahasiswa (1 mahasiswa dari 38) yang mengalami proses pembangunan pemahamannya (*construction*). Pada kelompok yang mencapai level *construction* menunjukkan bahwa representasi pada program-program bioinformatika telah memberikan informasi pengetahuan baru bagi mereka. Hal ini sejalan dengan peranan representasi multipel dari Ainsworth (1999) untuk membantu mahasiswa dalam memahami konsep kompleks maka sebaiknya konsep tersebut diuraikan menjadi beberapa representasi yang saling menunjang satu sama lain. Suatu konsep yang dipaparkan dengan menggunakan representasi multipel dapat meningkatkan pemahaman yang mendalam sehingga mahasiswa dapat membangun pemahaman yang utuh pada konsep terkait. Representasi multipel memungkinkan mahasiswa untuk melihat ide-ide kompleks dalam suatu cara dan kemudian mengaplikasikan ide-ide kompleks tersebut untuk pembelajaran secara efektif.

Teridentifikasi ada 55% mahasiswa (21 mahasiswa dari 38) yang mampu melakukan *revision* pemahamannya sehingga bisa menghasilkan pemahaman yang benar secara sebagian maupun komprehensif. Pada kelompok mahasiswa ini menunjukkan beberapa representasi pada bioinformatika telah mampu memberikan informasi yang jelas sehingga mereka mampu menggunakan informasi tersebut untuk memperbaiki pemahaman yang selama ini mereka yakini. Hal ini sejalan dengan fungsi representasi multipel sebagai media yang dapat memperbaiki pemahaman (Ainsworth, 1999). Representasi pada program-program bioinformatika telah berperan membantu mahasiswa dalam mengembangkan sebuah pemahaman yang lebih baik pada sebuah domain melalui penggunaan satu representasi untuk mengatasi interpretasinya pada representasi kedua.

Teridentifikasi ada 16% mahasiswa (6 mahasiswa dari 38) yang mampu mengasimilasi informasi yang direpresentasikan melalui bioinformatika dengan pemahaman sebelumnya sehingga menjadi pemahaman yang benar dan utuh (*complementation*). Pada kelompok mahasiswa yang mencapai level *complementation* menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah berperan dalam melengkapi pemahaman mahasiswa pada topik kode genetik. Salah satu alasan dalam mengeksploitasi representasi multipel adalah peranannya untuk melengkapi, dimana perbedaan antara representasi bisa saja menjadi sebuah informasi baru atau sebuah proses yang mendukung suatu pemahaman baru. Melalui penggabungan representasi yang saling melengkapi mahasiswa dapat membangun pemahaman ilmiah. Sebuah representasi yang saling berhubungan dengan representasi lainnya dapat memberikan suatu proses bagi mahasiswa dalam memahami suatu konsep. Representasi multipel cenderung digunakan untuk mengatasi ketidakcukupan dari sebuah representasi dalam menyampaikan sebuah informasi secara lengkap. Representasi multipel juga bisa memberikan beberapa informasi yang bersifat *sharing*, sehingga setiap representasi dapat menjelaskan bagian-bagian lain yang dapat memperkuat informasi yang direpresentasikan. Oleh karena itu setiap representasi dalam representasi multipel dapat menjadi sebuah informasi yang saling melengkapi sehingga bisa terbangun sebuah pemahaman yang utuh (Ainsworth, 1999).

Disisi lain teridentifikasi juga 24% mahasiswa (9 mahasiswa dari 38) yang tetap dengan pemahaman awalnya (*static*). Pada kelompok mahasiswa yang tetap berada pada level *static* menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika tidak mampu memberikan pengaruh apa-apa terhadap kelompok ini. Mahasiswa yang mempunyai pemahaman salah tetap meyakini pemahamannya dan mahasiswa yang mempunyai pemahaman tidak utuh tetap meyakini pemahaman parsialnya. Hal ini menunjukkan bahwa informasi yang terdapat pada bioinformatika masih belum bisa diasimilasi dengan baik ataupun belum bisa dipahami dengan benar oleh mahasiswa dari kelompok ini.

Sementara itu terdapat 3% mahasiswa yang mengalami *disorientation*. Hal ini mengindikasikan bahwa sejumlah mahasiswa tersebut belum mampu menerima dan memahami pesan pengetahuan yang direpresentasikan dalam bioinformatika. Menurut Gentner (2002) representasi kognitif merupakan model rerepresentasi pada setiap individu. Model rerepresentasi yang terjadi tidak selalu ke arah yang benar namun bisa saja individu menangkap informasi secara keliru sehingga individu ini mempunyai model rerepresentasi *incorrect*. Dalam hal ini individu tersebut masuk level *disorientation*. Rerepresentasi yang salah ini justru dapat membantu para guru dan pendidik dalam mengungkapkan apa yang terjadi dalam proses pembelajaran. Ketika kondisi ini sudah dipahami dengan baik maka para guru dan pendidik dapat mencari solusi untuk membuat materi pembelajaran yang dapat meminimalisir perubahan yang memicu kesalahan (Gentner, 2002). Model rerepresentasi ini juga dapat menunjukkan kelemahan dari representasi bioinformatika dalam menyajikan konsep-konsep tertentu.

#### 4.3.4 Kodon/anti-kodon

Topik kodon/anti-kodon merupakan bagian dari konsep translasi. Rerepresentasi mahasiswa mahasiswa pada sub-topik kodon/anti-kodon ini dapat memberikan salah satu gambaran keberhasilan mahasiswa dalam memahami konsep translasi setelah melalui pembelajaran berbasis bioinformatika. Perubahan persentase respon mahasiswa dari data *pre* ke *post-test* disajikan pada tabel di bawah ini.

Tabel 4.5 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* konsep kodon/anti-kodon

Katagori	<i>Pre</i> (n)	%	<i>Post</i> (n)	%
<b><i>No response</i></b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun	20	28	0	0
<b><i>Incorrect</i></b>				
a. Memposisikan kodon dan anti-kodon secara terbalik	9	12	1	1
b. Memposisikan kodon dan anti-kodon secara linear pada mRNA	17	24	0	0

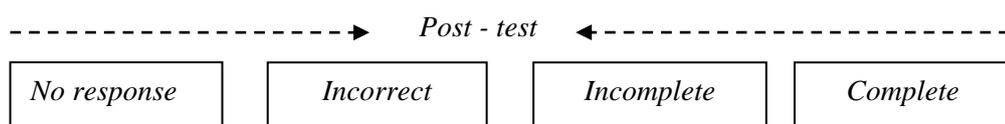
c. Membuat pasangan basa kodon secara keliru	12	17	3	4
<b><i>Incomplete</i></b> Kodon dan anti-kodon saling komplemen, namun masih menggunakan basa-basa versi DNA	1	1	0	0
<b><i>Complete</i></b> Kodon merupakan pembacaan setiap tiga basa pada mRNA, sedangkan anti-kodon merupakan komplemen dari kodon dengan basa-basa dalam versi RNA.	13	18	68	95

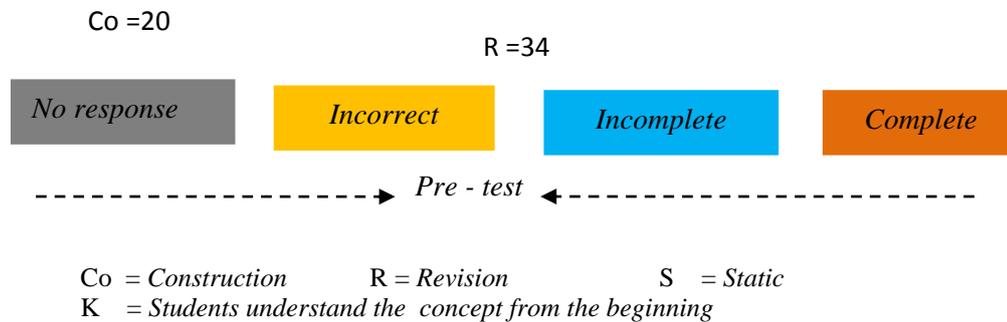
Berdasarkan data tabel di atas diketahui bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mengubah representasi awal mahasiswa menjadi representasi yang bervariasi. Teridentifikasi ada 28% mahasiswa yang awalnya tidak mempunyai representasi apapun (*no response*) tentang kodon maupun anti-kodon. Setelah proses pembelajaran tidak ditemukan lagi mahasiswa yang tidak mempunyai representasi pada topik ini. Teridentifikasi ada 53% mahasiswa yang awalnya mempunyai pemahaman alternatif (*incorrect*) tentang kodon maupun anti-kodon. Pemahaman itu meliputi memposisikan kodon dan anti-kodon secara terbalik, memposisikan kodon dan anti-kodon secara linear pada mRNA dan membuat pasangan basa kodon secara keliru. Hal ini menunjukkan bahwa kelompok mahasiswa ini mempunyai pemahaman alternatif pada konsep translasi. Setelah proses pembelajaran jumlah kelompok ini masih menyisakan 5% mahasiswa yang memahami secara salah. Teridentifikasi ada 1% mahasiswa yang memahami sub-topik kodon/anti-kodon secara parsial (*incomplete*) yaitu mereka sudah memahami posisi kodon dan anti-kodon namun masih menuliskan basa anti-kodon dalam versi DNA. Jumlah ini kemudian tidak ditemukan lagi pada data *post-test* setelah proses pembelajaran berlangsung. Sementara itu teridentifikasi ada 18% mahasiswa yang sudah mempunyai representasi yang utuh (*complete*) tentang kodon/anti-kodon.

Translasi merupakan proses perubahan benang mRNA menjadi suatu protein (Campbell *et al.*, 2009). Sebelum menjadi suatu protein, proses ini melibatkan pembacaan urutan basa pada benang mRNA. Pembacaan basa ini berlangsung per tiga basa menjadi satu asam amino, sehingga pada akhirnya akan

menghasilkan untaian asam amino. Pasangan dari kodon adalah anti-kodon yang merupakan basa RNA yang komplemen dengan kodon. Proses translasi protein direpresentasikan melalui 2 sub-topik yaitu kode genetik dan kodon/anti-kodon menggunakan program bioinformatika off-line BIOEDIT dan *online web-site* [www.attotron.com/cybertory/analysis/trans.htm](http://www.attotron.com/cybertory/analysis/trans.htm). Pada program bioinformatik ini menyajikan perubahan benang DNA menjadi benang RNA kemudian menjadi urutan asam amino. Pada program ini proses perubahan kodon menjadi suatu asam amino tanpa mengetahui kemungkinan frame yang benar. Oleh karena itu pada proses pembelajaran ini mahasiswa juga diperkenalkan pada program bioinformatika lainnya yaitu program *translation tools* dari *web-site* <http://www.expasy.org/translate>. Pada program bioinformatika ini ditampilkan cara baca sekuen (*frame*) menjadi kodon yang benar sesuai dengan gen target. Pembagian representasi ini bertujuan untuk membantu menyederhanakan konsep translasi. Hal ini sesuai dengan yang dinyatakan oleh Ainsworth (1999) konsep kompleks dapat diuraikan menjadi beberapa representasi yang saling melengkapi satu sama lain sehingga proses pemahaman yang dialami oleh mahasiswa akan lebih mudah.

Data yang tertera pada tabel 4.5 masih merupakan hasil penjumlahan setiap katagori dari populasi mahasiswa yang terlibat sehingga belum bisa menunjukkan mekanisme proses perubahan pemahaman yang dialami oleh setiap mahasiswa. Oleh karena itu untuk mengetahui *conceptual change* yang dialami oleh setiap individu mahasiswa dilakukan analisis lanjutan seperti tertera dalam bab 3 pada penelitian ini. Hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada konsep translasi sub-topik kodon/anti-kodon terdapat pada gambar berikut ini.



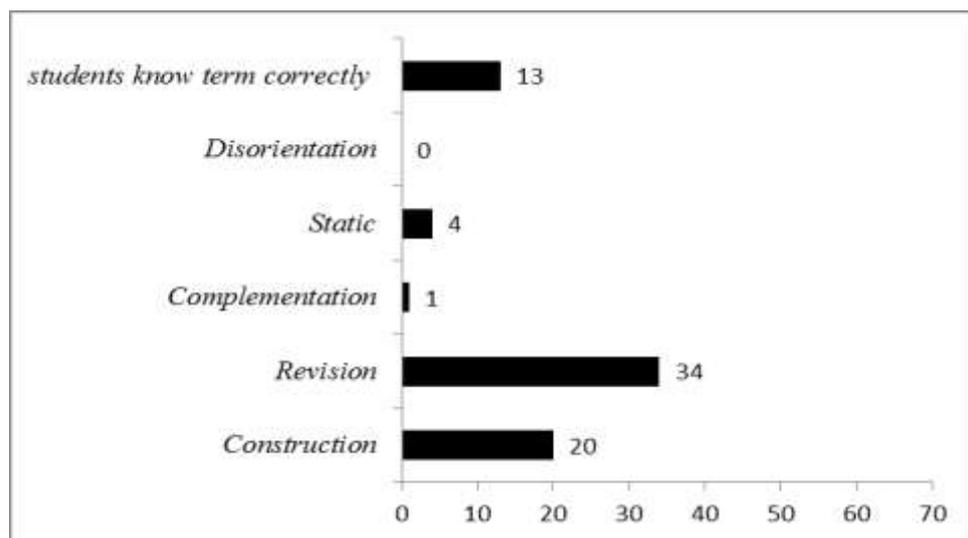


Gambar 4.16 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada topik kodon/anti-kodon

Berdasarkan hasil analisis proses perubahan pemahaman mahasiswa menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mengubah pemahaman sebagian besar mahasiswa pada topik kodon/anti-kodon ke arah pemahaman yang lebih baik. Teridentifikasi saat *pre-test* ada 28% mahasiswa yang masuk katagori *no response* dan setelah proses pembelajaran semua kelompok mahasiswa ini mengubah pemahamannya sehingga menjadi pemahaman yang utuh dan masuk katagori *complete*. Untuk katagori *incorrect* pada awalnya teridentifikasi ada 53% mahasiswa dan setelah proses pembelajaran kelompok mahasiswa ini terbagi ke dalam 2 katagori yaitu yang tetap berada pada katagori *incorrect* (6%) dan katagori *complete* (47%). Untuk katagori *incomplete* pada awalnya ada 1% mahasiswa yang kemudian setelah mengalami proses pembelajaran, mahasiswa ini melengkapi pemahamannya sehingga masuk katagori *complete*. Pada penelitian ini juga ditemukan ada 18% mahasiswa yang sudah memahami topik kodon/anti-kodon secara benar. Menurut Lappi (2013) proses transformasi pengetahuan awal menjadi pengetahuan akhir sehingga mahasiswa mempunyai pemahaman yang baru, lebih baik maupun pemahaman utuh merupakan proses yang terjadi pada *conceptual change*. Pada penelitian ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah berperan dalam mengubah pemahaman mahasiswa sehingga mahasiswa jadi

mempunyai pemahaman yang sebelumnya tidak diketahuinya atau sudah diketahuinya tetapi salah atau sudah diketahuinya namun pemahamannya masih parsial.

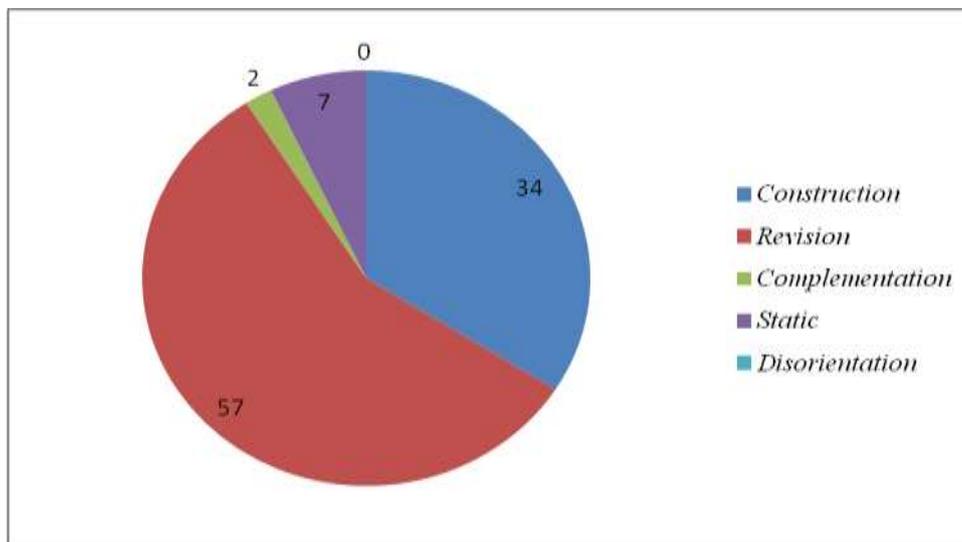
Berdasarkan data perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa seperti digambarkan di atas, maka dapat ditentukan persentase level *conceptual change* yang dicapai oleh mahasiswa pada topik kodon/anti-kodon setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika. Berikut adalah jumlah mahasiswa yang berada pada setiap level *conceptual change* pada konsep translasi topik kodon/anti-kodon yang digambarkan pada gambar 4.17.



Gambar 4.17 Grafik level *conceptual change* jumlah mahasiswa pada topik kodon/anti-kodon

Berdasarkan grafik di atas diketahui bahwa dari total mahasiswa yang berpartisipasi dalam penelitian ini teridentifikasi dari hasil *pre* dan *post-test* ada 13 dari 71 mahasiswa (18%) yang sudah memahami konsep translasi topik

kodon/anti-kodon secara benar dan komprehensif. Oleh karena itu untuk menganalisis persentase capaian level *conceptual change* mahasiswa pada topik ini, maka kelompok mahasiswa tersebut tidak dilibatkan dalam proses analisis. Gambar 4.18 adalah grafik persentase capaian level *conceptual change* mahasiswa setelah dikurangi sejumlah mahasiswa yang sudah memahami secara benar dari awal perkuliahan.



Gambar 4.18 Grafik persentase capaian level *conceptual change* mahasiswa pada topik kodon/anti-kodon

Berdasarkan grafik di atas menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan beberapa perubahan pemahaman pada mahasiswa. Setelah mengalami proses pembelajaran, teridentifikasi ada 34% mahasiswa (20 mahasiswa dari 59) mencapai level *construction*, yaitu perubahan pemahaman dari tidak mempunyai representasi apapun menjadi memiliki pemahaman secara benar pada topik kodon/anti-kodon. Hal ini mengindikasikan bahwa kelompok mahasiswa ini mampu mengakomodasi dan mengintegrasikan informasi-informasi pengetahuan yang direpresentasikan melalui berbagai

program bioinformatik. Mengacu pada standar konten dari Peraturan Menteri Pendidikan dan Kebudayaan Republik Indonesia Nomor 69 tahun 2013 kurikulum jenjang SMA pada bidang biologi, konsep translasi merupakan kompetensi dasar yang harus dipahami oleh siswa SMA. Namun dari hasil penelitian ini menunjukkan bahwa kompetensi dasar tersebut tidak dimiliki oleh siswa sehingga ketika status mereka naik menjadi mahasiswa, mereka tidak mempunyai bekal pengetahuan ini sama sekali (*no response*). Hasil penelitian yang sama juga ditemukan oleh McDonal & Gomes (2013) dimana sebagian besar mahasiswa tidak mempunyai pemahaman sama sekali pada konsep translasi.

Pada penelitian ini teridentifikasi 57% mahasiswa mencapai level *revision* yang mengindikasikan bahwa lebih dari 50% mahasiswa mampu mengasimilasi informasi-informasi pengetahuan dari paparan bioinformatika sehingga mereka melakukan koreksi terhadap pemahaman alternatif yang selama ini mereka pahami. Pemahaman alternatif dari mahasiswa pada pengetahuan awal menunjukkan bahwa mahasiswa telah memahami konsep secara berbeda dengan pemahaman ilmiah. Hal ini bisa disebabkan oleh berbagai faktor. Menurut Vosniadou (2004) dalam Chi *et al.*, (2008) bahwa pengalaman sehari-hari juga bisa menyebabkan konflik pada mahasiswa dalam memahami suatu konsep. Faktor lain adalah sumber pembelajaran atau buku yang digunakan mahasiswa. Hasil penelitian Nusantari (2011) pada buku teks biologi materi genetika, terdapat miskonsepsi pada pengkodean triplet basa nukleotida dari DNA dan RNA. Hal ini teridentifikasi dalam pemahaman awal mahasiswa yaitu pemahaman bahwa kodon dan anti-kodon saling komplemen, namun masih menggunakan basa-basa versi DNA. Pemahaman yang rendah pada konsep translasi juga teridentifikasi oleh McDonal & Gomes (2013).

Pada penelitian ini teridentifikasi ada 2% mahasiswa yang mampu melakukan pengintergrasian pengetahuan dari bioinformatika dengan pengetahuan yang sudah mereka pahami sehingga menjadi pemahaman yang komprehensif. Pada topik ini, kelompok mahasiswa memahaminya secara parsial. Hal ini bisa disebabkan oleh representasi materi yang tidak lengkap dalam buku yang

digunakannya. Nusantari (2011) konsep translasi merupakan salah satu konsep yang dipaparkan secara tidak lengkap pada sebagian besar buku teks biologi yang digunakan di jenjang sekolah menengah atas. Namun demikian proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah berperan untuk melengkapi *gap-gap* informasi yang belum mereka miliki, sehingga setelah proses pembelajaran mereka dapat mengintegrasikan pengetahuan awalnya dengan informasi dari program bioinformatika menjadi pemahaman yang utuh.

Pada penelitian ini teridentifikasi 7% mahasiswa yang belum mampu merubah pemahaman awalnya, sehingga mereka masuk dalam level *static*. Kondisi *static* ini berasal dari pemahaman mahasiswa yang awalnya memahami secara *incorrect* tetap dalam kondisi *incorrect* dan yang awalnya *incomplete* tetap berada pada kondisi *incomplete*. Pada kelompok ini mahasiswa tidak mampu mengasimilasi informasi pengetahuan yang disajikan melalui program-program bioinformatik untuk memperbaiki maupun melengkapi pemahaman yang ada.

#### 4.3.5 Intron

Untuk mengetahui perubahan pemahaman konsep intron yang dialami oleh mahasiswa, maka dilakukan analisis perubahan representasi respon mahasiswa pada data *pre* dan *post-test*. Berikut adalah tabel hasil analisis perubahan persentase respon mahasiswa (n) sebelum dan setelah pembelajaran.

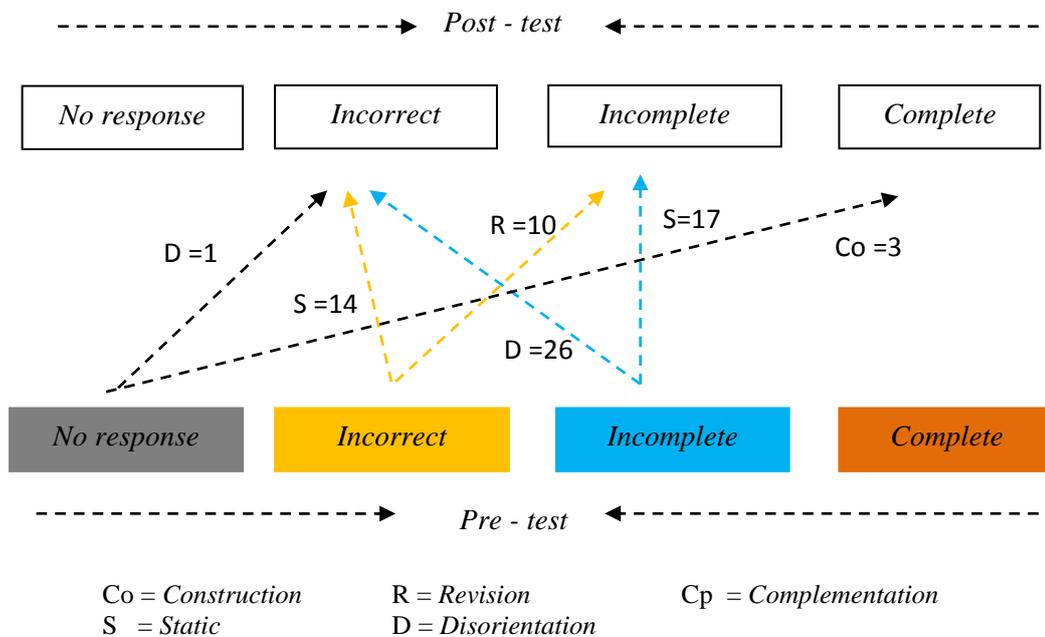
Tabel 4.6 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep intron

Kategori	Pre (n)	%	Post (n)	%
<b>No response</b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun.	4	6	0	0
<b>Incorrect</b>				
a. Intron sebagai sekuen yang tidak mempunyai pasangan.	0	0	2	3
b. Intron sebagai daerah yang tidak di blok.	2	3	7	10
c. Intron sebagai daerah yang tidak dibuang ketika proses <i>splicing</i> .	22	31	3	4
d. Intron sebagai sekuen <i>coding</i> .	0	0	6	9
e. Intron sebagai daerah yang diarsir/blok.	0	0	8	11
<b>Incomplete</b>				
a. Intron sebagai sekuen <i>non-coding</i> .	11	15	0	0

b. Intron sebagai sekuen yang dibuang ketika proses <i>splicing</i> .	25	35	3	4
c. Intron sebagai sekuen yang terdapat pada struktur gen eukariot.	7	10	42	59
<b>Complete</b> Intron merupakan daerah non-koding yang terdapat pada struktur gen (pre-mRNA) yang akan dibuang pada proses <i>splicing</i> sehingga terbentuk mRNA. Sekuen intron ini bisa berfungsi sebagai daerah regulator atau merupakan daerah yang belum diketahui fungsinya.	0	0	0	0

Berdasarkan grafik di atas diketahui bahwa persentase *pre-test* menunjukkan adanya variasi pemahaman konsep intron pada mahasiswa. Teridentifikasi ada 6% mahasiswa yang tidak mempunyai gambaran apapun tentang konsep intron. Sementara itu teridentifikasi ada 34.% beberapa pemahaman yang tidak sesuai dengan kaidah ilmiah. Mahasiswa mempunyai konsepsi intron sebagai (a) sekuen yang tidak mempunyai pasangan, (b) daerah yang diblok, (c) daerah yang tidak dibuang ketika proses *splicing* dan (d) daerah *coding*. Sebagian besar respon mahasiswa berada pada katagori jawaban yang kurang utuh (*incomplete*), beberapa jawaban meliputi: (a) intron sebagai sekuen *non-coding*, (b) intron sebagai sekuen yang dibuang ketika proses *splicing*, (c) intron sebagai sekuen yang terdapat pada struktur gen eukariot dan (d) intron sebagai sekuen yang belum diketahui fungsinya. Hasil analisis presentase *post-test* menunjukkan adanya perubahan respon mahasiswa. Pemahaman yang salah mengalami peningkatan menjadi 37% sedangkan respon yang masuk katagori kurang lengkap mengalami penurunan menjadi 63%. Menurut Campbell *et al.*, (2009) segmen *non-coding* dari asam nukleat yang terdapat antara daerah *coding* disebut sebagai intron. Pada saat proses transkripsi sebuah gen, maka RNA *polymerase* akan mentranskripsi daerah intron dan ekson dari segmen DNA, tetapi sebelum masuk ke dalam sitoplasma maka segmen intron kemudian dibuang melalui proses *splicing*. Oleh karena itu konsep gen secara komprehensif harus dimaknai secara menyeluruh yang dikaitkan dengan proses *splicing*.

Hasil penelitian ini, nilai yang tertera dalam *pre* dan *post – test* pada tabel 4.6 masih merupakan nilai gabungan dari mahasiswa pada setiap katagori, sehingga dari nilai tersebut belum bisa menunjukkan spesifikasi mekanisme proses pembelajaran yang dialami oleh setiap mahasiswa. Oleh karena itu perlu dilakukan analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa sebagai suatu proses *conceptual change*. Hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada konsep intron eukariot selanjutnya disajikan pada gambar 4.19.

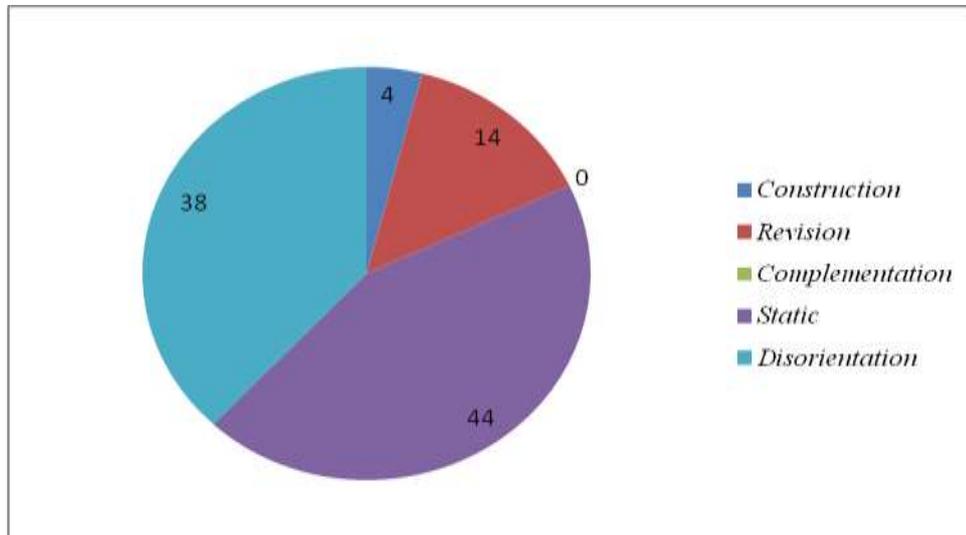


Gambar 4.19 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep intron

Hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah

memberikan pengaruh pada mahasiswa yang ditunjukkan dengan terjadinya proses perubahan katagori pemahaman dari *pre-test* ke *post-test*. Teridentifikasi ada 4 mahasiswa yang awalnya tidak mempunyai gambaran apapun, *no response*, tentang intron, kemudian berubah menjadi 1 mahasiswa berubah menjadi memahami secara salah, *incorrect* dan 3 mahasiswa menjadi memahaminya secara utuh, *complete*. Teridentifikasi ada 40 mahasiswa yang awalnya mempunyai pemahaman alternatif, *incorrect*, pada konsep intron selanjutnya setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika mampu mengubah 26 mahasiswa dari kelompok ini menjadi memahaminya secara parsial (*incomplete*). Teridentifikasi ada 43 mahasiswa yang awalnya telah memahami konsep intron secara parsial, *incomplete*, kemudian terbagi menjadi 2 kelompok yaitu 27 mahasiswa tetap dengan pemahaman parsialnya dan 16 mahasiswa merubah pemahamannya ke arah yang buruk menjadi *incorrect*. Hasil penemuan ini menunjukkan bahwa walaupun mahasiswa awalnya mempunyai pemahaman yang sama, namun proses pembelajaran dapat diinterpretasikan secara berbeda-beda oleh setiap mahasiswa. Mekanisme transformasi dari pengetahuan awal menjadi pengetahuan akhir merupakan pengalaman *conceptual change* (Lappi, 2013). Hasil penelitian Gericke (2013) juga menunjukkan bahwa walapun sebagian besar mahasiswa bisa menyebutkan istilah intron namun mereka secara umum tidak mempunyai kemampuan untuk menjelaskannya secara lebih detail.

Berdasarkan data di atas, maka capaian level *conceptual change* dari setiap mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran dapat ditentukan secara sistematis. Pengelompokkan mahasiswa berdasarkan level *conceptual change* ini sangat penting dalam mekanisme perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa. Berikut adalah grafik capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep intron (Gambar 4.20).



Gambar 4.20 Grafik persentase capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep intron

Berdasarkan hasil analisis di atas menunjukkan adanya presentase capaian level perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep intron. Teridentifikasi ada 3 mahasiswa (4%) yang mencapai level *construction*. Hal ini mengindikasikan bahwa pada kelompok ini proses pembelajaran berbasis bioinformatika mampu memberikan informasi baru tentang konsep intron, sehingga mereka yang tadinya tidak mempunyai gambaran sedikitpun tentang konsep ini menjadi memahaminya. Konsep intron pada materi genetik yang diajarkan pada jenjang sekolah menengah atas tidak dibahas secara detil berdasarkan molekulernya. Oleh karena itu bagi kelompok ini, konsep intron bisa jadi merupakan pengetahuan baru.

Pada penelitian ini teridentifikasi ada 10 mahasiswa (14%) yang mencapai level *revision* yang mengindikasikan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu memberikan pemahaman yang jelas sehingga mereka dapat melakukan koreksi terhadap pemahaman alternatif yang selama ini mereka pahami. Mereka melakukan revisi pada pemahaman konsep intron sebagai daerah yang tidak diblok menjadi intron sebagai sekuen yang terdapat pada struktur gen

eukariot. Hasil analisis 12 buku teks biologi yang digunakan di jenjang sekolah menengah atas yang dilakukan oleh Nusantari pada tahun 2011 menemukan bahwa materi genetik banyak mengandung penjelasan yang tidak lengkap. Penjelasan yang tidak lengkap ini dapat menyebabkan siswa untuk mempersepsikan konsep menurut pemahamannya sendiri.

Teridentifikasi ada 44% mahasiswa yang masuk level *static* yang mengindikasikan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika belum mampu memberikan tambahan pengetahuan baru bagi mereka, sehingga mereka masih tetap memahami konsep intron sama dengan pemahaman awalnya. Beberapa mahasiswa masih tidak dapat mengubah pemahamannya dan masih memegang konsepsi yang berbeda dengan kaidah ilmiah yaitu mereka masih memahami intron sebagai; (a) sekuen yang tidak mempunyai pasangan, (b) daerah yang diblok dan (c) daerah yang tidak dibuang ketika proses *splicing*. Hal ini kemungkinan terdapat kesulitan mahasiswa dalam memahami representasi-representasi konsep intron melalui program bioinformatika. Menurut Takayya, (2002) & Saka *et al.*, (2006) pemahaman alternatif/miskonsepsi pada umumnya bersifat persisten dan sulit untuk diubah melalui metode didaktik. Oleh karena itu pemahaman alternatif ini menjadi *barrier* nyata bagi peningkatan pemahaman mahasiswa.

Sementara itu teridentifikasi ada 38% mahasiswa yang masuk level *disorientation* yang mengindikasikan bahwa pemahaman kelompok mahasiswa ini menjadi lebih rendah dari pemahaman awalnya. Pada latihan-latihan ini mahasiswa dipaparkan pada contoh sebuah gen yang masih terdiri dari daerah intron dan ekson. Untuk mengetahui bagian-bagian intron atau ekson pada *web-site* tersebut diperlihatkan dengan cara memilih kata intron maka daerah intron dalam gen tersebut otomatis akan diblok sementara daerah yang bukan intron tidak akan diblok. Tujuan dibloknya daerah intron ini adalah untuk memberikan penekanan pada kata kunci yang diminta oleh pengguna *web-site*. Pesan pembelajaran melalui *web-site* tersebut rupanya dimaknai lain oleh mahasiswa. Hal ini menurut Gentner (2003) bisa terjadi bilamana proses pembelajaran

menggunakan multimedia, maka setiap representasi pada umumnya akan tampil secara berurutan tergantung bagian mana dulu yang menjadi target. Waktu representasi yang tidak bersamaan ini dapat menyebabkan ‘*split-attention effect*’ yaitu mahasiswa dapat melupakan informasi dari representasi sebelumnya ketika representasi yang baru dimunculkan. Faktor lain kemungkinan karena program-program bioinformatika merupakan program baru yang digunakan sebagai dasar pembelajaran, sehingga mahasiswa masih mengalami beberapa kesulitan dalam menggunakannya. Strategi lain untuk mengatasi kesulitan mahasiswa pada suatu konsep yaitu dengan mengurangi konten biologi melalui beberapa teknik (Cimer, 2012). Hal ini menunjukkan bahwa konten yang bersifat berat bagi mahasiswa dapat dikurangi dengan cara dibagi-bagi menjadi bagian-bagian yang lebih sederhana.

#### 4.3.6 Ekson

Untuk mengetahui perubahan pemahaman konsep ekson yang dialami oleh mahasiswa, maka dilakukan analisis perubahan representasi respon mahasiswa pada data *pre* dan *post-test*. Berikut adalah tabel hasil analisis perubahan persentase respon mahasiswa (n) sebelum dan setelah pembelajaran.

Tabel 4.7 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep ekson

Kategori	Pre (n)	%	Post (n)	%
<b>No response</b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun	3	4	0	0
<b>Incorrect</b>				
a. Ekson sebagai sekuen yang tidak mempunyai pasangan	2	3	2	3
b. Ekson sebagai sekuen yang mempunyai pasangan	1	1	12	18
c. Ekson sebagai sekuen <i>non-coding</i>	12	18	0	0
<b>Incomplete</b>				
a. Ekson sebagai sekuen <i>coding</i>	9	14	48	70
	3	4	4	6
b. Ekson sebagai sekuen yang dipertahankan ketika proses <i>splicing</i>	35	52	2	3
c. Ekson sebagai sekuen yang terdapat pada struktur gen eukariot	3	4	0	0
d. Ekson sebagai sekuen yang akan dikirim keluar inti sel sebagai mRNA				
<b>Complete</b> Ekson merupakan daerah <i>coding</i> yang terdapat pada struktur gen (pre-mRNA) yang akan tetap dipertahankan pada proses <i>splicing</i> dan dikirim keluar inti sel sebagai mRNA.	0	0	0	0

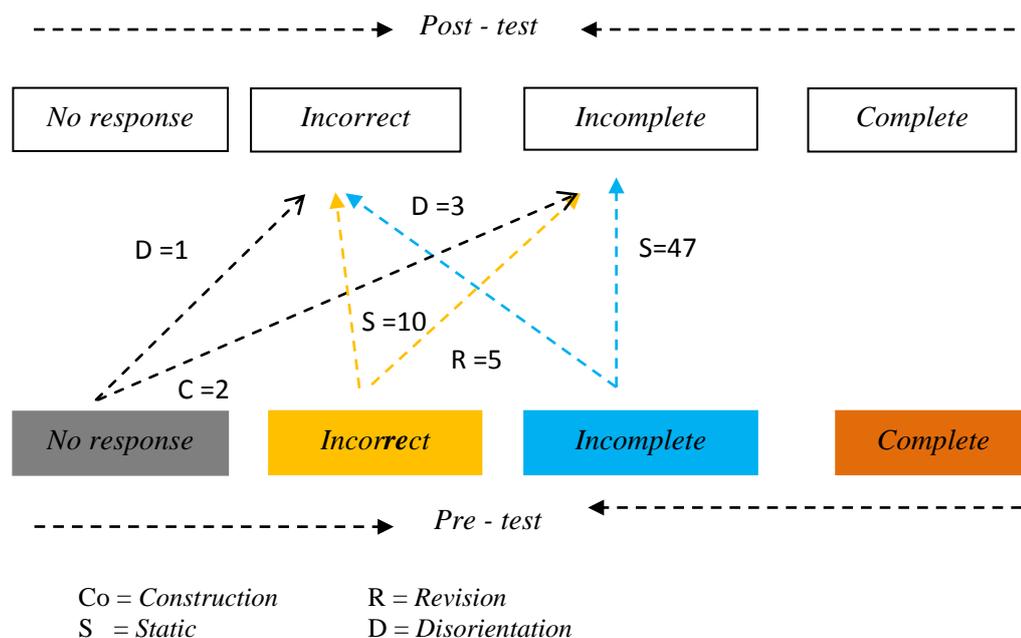
Berdasarkan tabel 4.7 diketahui bahwa pada *pre – test*, teridentifikasi ada 4% mahasiswa yang tidak mempunyai gambaran apapun, *no response*, tentang konsep ekson, ada 22% mahasiswa yang mempunyai pemahaman alternatif, *incorrect*, ada 74% mahasiswa teridentifikasi mempunyai pemahaman yang tidak utuh, *incomplete* dan tidak ada satupun mahasiswa yang teridentifikasi memahami konsep ekson secara benar dan komprehensif, *complete*. Hal ini menunjukkan

bahwa konsep ekson merupakan konsep yang sebagian besar sudah diketahui oleh mahasiswa hanya pemahamannya masih belum utuh. Sementara itu hasil analisis persentase pada *post-test* teridentifikasi ada 21% mahasiswa yang masih memahami konsep ekson secara tidak jelas/salah, yaitu ekson dipahami sebagai sekuen yang mempunyai pasangan. Terdapat 79% mahasiswa yang masih memahami konsep ekson secara parsial. Sebagian besar mahasiswa hanya merepresentasikan konsep ekson sebagai sebagai sekuen *coding*. Hasil penelitian Gericke (2013) juga menunjukkan bahwa walaupun sebagian besar mahasiswa bisa menyebutkan istilah ekson namun mereka secara umum tidak mempunyai kemampuan untuk menjelaskannya secara lebih detail.

Pada eukariot, nukleotida DNA yang mengkode polipeptida biasanya tidak hanya terdiri dari sekuen *coding* saja (ekson) tetapi juga disisipi oleh segmen-segmen *non-coding*. Segmen-segmen *non-coding* ini disebut sebagai intron. Segmen-segmen intron ini akan dibuang melalui proses splicing, sehingga mRNA selanjutnya hanya akan terdiri dari sekuen ekson-ekson yang akan mengekspresikan untaian asam amino sehingga menjadi suatu protein (Campbell *et al.*, 2009). Pada penelitian ini, konsep ekson disampaikan dengan menggunakan studi kasus gen *cytochrome P450 reductase* dari *Artemisia annua* pada *web-site* [www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/EF1046423](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/EF1046423). Informasi dari *web-site* ini meliputi peneliti yang menemukan gennya, sudah dipublikasi atau belum dan bila sudah dipublikasi ada link jurnal yang bisa diunduh. Informasi terkait sekuen di atas juga dijelaskan lebih detail seperti ukuran gen, daerah sekuen *coding* (ekson), daerah sekuen *non-coding* (intron), urutan asam amino hasil translasi daerah *coding* dan protein yang dihasilkannya. Pada tampilan ini, mahasiswa dapat mengetahui posisi sebaran daerah sekuen *coding* maupun *non-coding* dengan cara melakukan *double click* pada kata yang ingin dicari dan kata yang dicari tersebut akan ditampilkan dengan cara diblok daerah tersebut. Contohnya bila mencari daerah ekson, maka hanya urutan yang menunjukkan ekson saja yang akan di blok. Pemblokkan ini ditujukan untuk membedakan daerah yang sedang dicari dengan daerah yang tidak. Begitu juga bilamana mahasiswa menginginkan

mencari daerah *non-coding* (intron), maka daerah intron akan dibedakan dari daerah lain dengan cara diblok.

Pada penelitian ini nilai yang tertera dalam *pre* dan *post-test* pada tabel di atas masih merupakan nilai gabungan dari mahasiswa pada setiap katagori, sehingga dari nilai tersebut belum bisa menunjukkan spesifikasi mekanisme proses pembelajaran yang dialami oleh setiap mahasiswa. Oleh karena itu perlu dilakukan analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa sebagai suatu proses *conceptual change*. Hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada konsep ekson eukariot disajikan pada gambar 4.21.

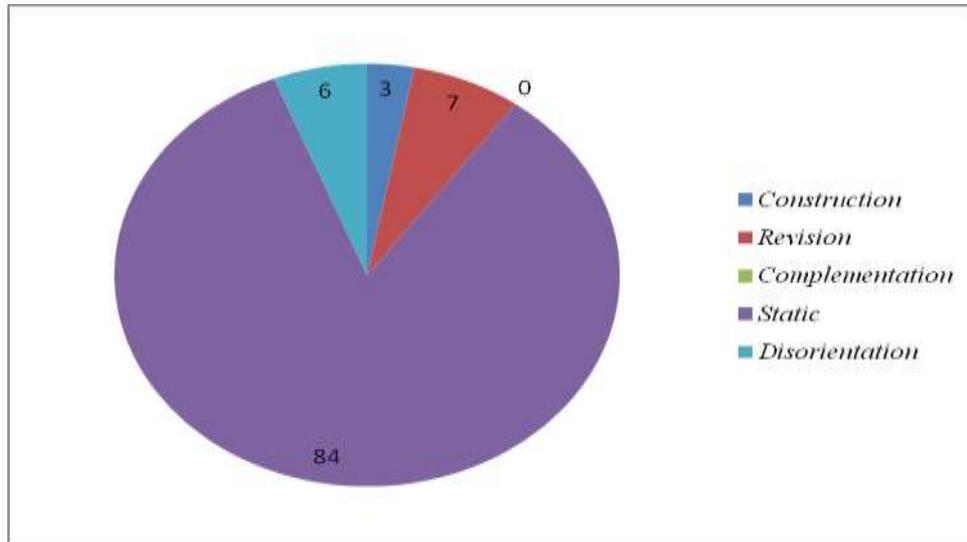


Gambar 4.21 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep ekson

Hasil analisis perubahan pemahaman menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan pengaruh yang berbeda-beda pada mahasiswa yang ditunjukkan dengan terjadinya proses perubahan kategori pemahaman mahasiswa dari *pre-test* ke *post-test*. Teridentifikasi ada 3 mahasiswa yang awalnya tidak mempunyai gambaran apapun tentang ekson, kemudian berubah menjadi 1 mahasiswa berubah menjadi memahami secara salah dan 2 mahasiswa menjadi memahaminya secara parsial. Teridentifikasi ada 15 mahasiswa yang awalnya mempunyai pemahaman alternatif pada konsep ekson selanjutnya setelah proses pembelajaran mampu mengubah 5 mahasiswa dari kelompok ini menjadi memahaminya secara parsial, sedangkan 10 mahasiswa lainnya tetap berada pada pemahaman alternatifnya. Teridentifikasi ada 50 mahasiswa yang awalnya telah memahami konsep ekson secara parsial kemudian terbagi menjadi 2 kelompok yaitu 47 mahasiswa tetap dengan pemahaman parsialnya dan 3 mahasiswa merubah pemahamannya ke arah yang buruk yaitu jatuh ke pemahaman yang salah (*incorrect*). Berdasarkan penemuan ini menunjukkan bahwa pembelajaran berbasis bioinformatika tidak cukup berperan dalam membantu mahasiswa untuk memahami konsep ekson secara lebih baik, karena sebagian besar pemahaman mahasiswa tetap sama dengan pemahaman akhirnya. Sementara itu tidak ditemukan satu mahasiswa pun yang mampu mengubah pemahamannya ke pemahaman yang utuh. Hasil penemuan ini menunjukkan bahwa walaupun mahasiswa awalnya mempunyai pemahaman yang sama, namun proses pembelajaran dapat diinterpretasikan secara berbeda-beda oleh setiap mahasiswa. Mekanisme transformasi dari pengetahuan awal menjadi pengetahuan akhir merupakan pengalaman *conceptual change* (Lappi, 2013). Pada penelitian ini ditemukan pengalaman perubahan konseptual yang berbeda-beda yang dialami oleh setiap mahasiswa.

Berdasarkan data di atas, maka capaian level *conceptual change* dari setiap mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran dapat ditentukan secara sistematis. Pengelompokan mahasiswa berdasarkan level *conceptual change* ini sangat penting dalam mengungkap mekanisme perubahan pemahaman yang

terjadi pada setiap mahasiswa. Adapun capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep ekson dapat dilihat pada gambar 4.22.



Gambar 4.22 Grafik persentase capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep ekson

Hasil assessmen di atas menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan variasi jumlah level capaian *conceptual change*. Grafik tersebut menunjukkan bahwa dari awal sampai akhir proses pembelajaran, tidak ada satu mahasiswa pun yang teridentifikasi sudah memahami konsep ekson secara benar. Penelitian ini menunjukkan bahwa ekson masih lebih baik dipahami oleh mahasiswa dibandingkan konsep intron.

Berdasarkan grafik di atas teridentifikasi ada 2 mahasiswa (3%) mahasiswa yang mencapai level *construction*. Jumlah capaian ini cukup kecil bila dibandingkan dengan capaian pada level *revision*, *static* dan *disorientation*. Hal ini karena dari awal hanya teridentifikasi ada 3 mahasiswa yang tidak mempunyai pemahaman pada konsep ekson. Proses pembelajaran berbasis bioinformatika hanya mampu mengubah 2 mahasiswa dari jumlah tersebut menjadi pemahaman yang *incomplete*. Bagi kedua mahasiswa ini, representasi-representasi yang disajikan melalui program bioinformatika sudah cukup jelas memberikan informasi tentang konsep ekson, sehingga pada saat *post – test* mereka menjadi

dapat merepresentasikannya secara benar walaupun masih parsial. Ini sesuai dengan taksonomi fungsi representasi multipel dari Ainsworth (1999) bahwa representasi multipel salah satunya berfungsi untuk membangun pengetahuan. Hal ini menandakan bahwa representasi pada bioinformatika telah berfungsi sebagai alat bantu bagi mahasiswa dalam membangun pengetahuannya.

Berdasarkan grafik di atas teridentifikasi ada 7% (5 mahasiswa dari 70 mahasiswa) yang mencapai level *revision*. Capaian level ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu merevisi pemahaman mahasiswa yang awalnya mempunyai pemahaman yang berbeda dengan pemahaman ilmiah sehingga menjadi pemahaman yang benar walaupun masih masuk katagori parsial. Ini sesuai dengan taksonomi fungsi representasi multipel dari Ainsworth (1999), bahwa salah satu peranannya adalah untuk membantu mahasiswa dalam memperbaiki pemahamannya pada suatu konsep.

Pada penelitian ini teridentifikasi ada 57 mahasiswa (84%) yang berada pada level *static* yang mengindikasikan bahwa mahasiswa belum mampu menggunakan informasi-informasi yang disajikan melalui proses pembelajaran berbasis bioinformatika dalam memberikan tambahan pengetahuan yang bisa merevisi pengetahuan awalnya maupun menambah *gap-gap* pengetahuan yang masih belum mereka pahami, sehingga mereka masih tetap meyakini pemahaman yang sama dengan pemahaman awalnya. Berdasarkan grafik di atas, mahasiswa yang mencapai level *static* menempati jumlah terbesar dibandingkan level-level lainnya. Sebagian besar mahasiswa dari kelompok ini berasal dari mereka yang awalnya mempunyai pemahaman tidak utuh yaitu ekson sebagai daerah *coding*. Penemuan ini mengindikasikan bahwa representasi-representasi yang disajikan melalui bioinformatika ini belum berfungsi dengan baik sebagai alat bantu bagi siswa dalam melengkapi pemahamannya. Pada kelompok ini, mahasiswa tidak melihat ada informasi-informasi tambahan yang diperlukan bagi mereka untuk melengkapi pemahaman parsialnya. Representasi multipel yang baik harus mempunyai fungsi untuk membantu mahasiswa dalam melengkapi pemahamannya (Ainsworth, 1999).

Disisi lain teridentifikasi ada 6% yang masuk level *disorientation* yang mengindikasikan bahwa proses pembelajaran bioinformatika telah membuat kelompok ini bingung sehingga mereka mengalami penurunan pemahaman ke arah yang lebih buruk dari pemahaman awalnya. Hal ini bila dihubungkan dengan fungsi representasi multipel dari Ainstworth (1999) menunjukkan bahwa representasi-representasi yang disajikan melalui program bioinformatika tidak dapat memberikan peranannya sebagai representasi multipel baik peranannya dalam membangun, memperbaiki maupun membangun pengetahuan pada konsep ekson. Disisi lain level *disorientation* ini merupakan informasi yang berguna bagi penelitian ini sebagai data bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika ini masih memiliki kelemahan dalam merepresentasikan konsep ekson.

#### **4.3.7 GEN**

Untuk mengetahui perubahan pemahaman konsep gen yang dialami oleh mahasiswa, maka dilakukan analisis perubahan representasi respon mahasiswa pada data *pre* dan *post-test*. Berikut adalah tabel hasil analisis perubahan persentase respon mahasiswa (n) sebelum dan setelah pembelajaran.

Tabel 4.8 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep gen

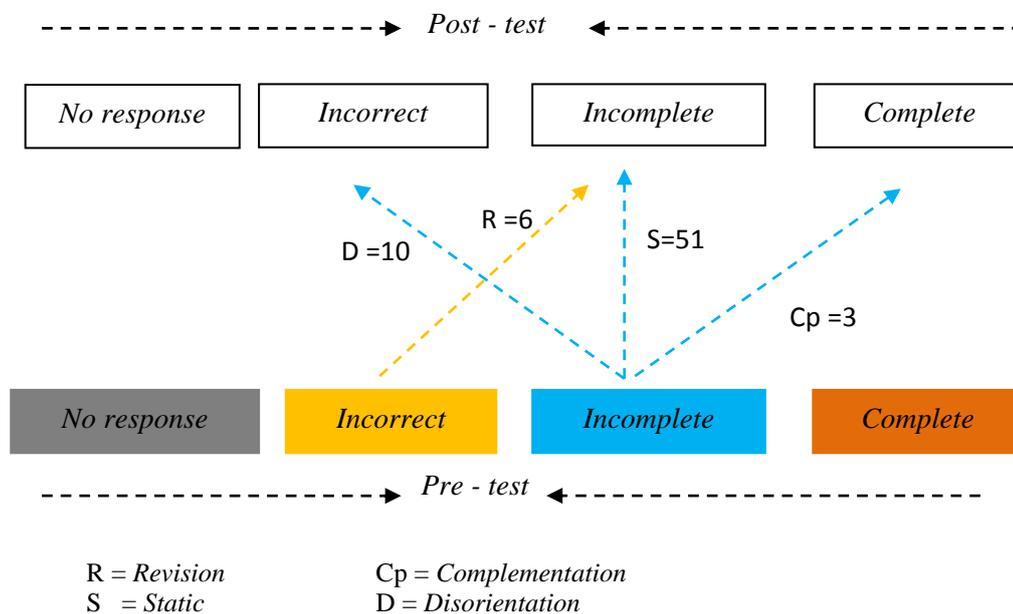
Katagori	<i>Pre</i> (n)	%	<i>Post</i> (n)	%
<b><i>No response</i></b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun	0	0	0	0
<b><i>Incorrect</i></b>				
a. Gen sebagai suatu senyawa yang diturunkan	1	1	0	0
b. Gen sebagai kumpulan dari asam amino	5	7	0	0
c. Gen sebagai daerah <i>coding</i>	0	0	9	13
<b><i>Incomplete</i></b>				
a. Gen sebagai unit lokus dalam kromosom	22	31	9	13
b. Gen sebagai sifat yang diwariskan	4	6	3	4
c. Gen sebagai materi genetik yang mengkode suatu karakter	6	9	26	37
d. Gen sebagai suatu protein yang mempunyai ciri khas	12	17	3	4
e. Gen sebagai bagian dari kromosom	20	29	20	29
<b><i>Complete</i></b>				
Gen merupakan unit material genetik yang terdapat dalam kromosom (lokus) yang mengkode suatu protein yang bisa mempunyai ciri khas tertentu maupun tidak yang diwariskan dari induk ke keturunannya.	0	0	0	0

Hasil analisis respon *pre-test* diketahui bahwa semua mahasiswa sudah mempunyai representasi tentang definisi gen. Delapan persen respon mahasiswa mendefinisikan gen sebagai suatu senyawa yang diturunkan dan kumpulan dari asam amino. Sebagian besar mahasiswa (94%) mempunyai definisi gen secara bervariasi, yaitu: (a) gen sebagai unit lokus dalam kromosom, (b) gen sebagai sifat yang diwariskan, (c) gen sebagai materi genetik yang mengkode suatu karakter, (d) gen sebagai suatu protein yang mempunyai ciri khas dan (e) gen sebagai bagian dari kromosom. Sementara itu tidak terdapat respon mahasiswa yang dapat mendefinisikan gen secara utuh yaitu gen merupakan unit material genetik yang terdapat dalam kromosom (lokus) yang mengkode suatu protein yang bisa mempunyai ciri khas tertentu maupun tidak yang diwariskan dari induk ke keturunannya. Setelah pembelajaran berbasis bioinformatika teridentifikasi perubahan jumlah respon yang memberikan katagori *incorrect* naik dari 8%

menjadi 13% dan jumlah respon *incomplete* turun dari 92% menjadi 87%. Hal ini menunjukkan bahwa sebagian besar mahasiswa tidak memperoleh informasi tambahan yang dapat melengkapi pemahamannya pada konsep gen. Hasil penemuan yang mirip juga ditemukan oleh studi yang dilakukan oleh Dikmenli (2011) pada guru sains. Sebagian dari mereka mempunyai konsepsi gen sebagai unit hereditas sebagai pembawa sifat keturunan.

Bila merunut sejarah penemuan gen yang disimpulkan oleh Gerstein *et al.*, (2007), maka definisi gen berubah-ubah sesuai dengan teknologi yang berkembang pada jaman tersebut. Pada tahun 1860 – 1900, gen didefinisikan sebagai unit hereditas, yaitu berdasarkan kemampuannya untuk menunjukkan karakteristik tertentu. Hasil penelitian Mendel menunjukkan bahwa beberapa sifat merupakan entitas yang berbeda. Pada tahun 1910, gen didefinisikan sebagai sebuah lokus. Hunt Morgan menunjukkan bahwa gen-gen terletak secara paralel dalam kromosom. Pada tahun 1940, gen didefinisikan sebagai cetak biru bagi suatu protein. Pada tahun 1950, gen didefinisikan sebagai suatu molekul fisik. Pada tahun 1960, gen didefinisikan sebagai daerah DNA yang ditranskripsikan. Pada tahun 1970 – 1980, gen didefinisikan sebagai pola sekuen *open reading frame*. Kemajuan pada teknologi kloning dan molekuler telah memberikan informasi tentang bagaimana suatu gen diorganisasikan dan diekspresikan. Pada tahun 1990 – 2000, gen didefinisikan entiti genomik yang dianotasi. *Human Genome Nomenclature Organization* mendefinisikan gen sebagai segmen DNA yang berkontribusi dalam munculnya fenotipee atau fungsi tertentu, ketika fungsi tidak bisa didemonstrasikan maka gen dapat dikarakterisasi melalui sekuennya, transkripsinya maupun homologinya dengan gen lain (Wain *et al.*, 2002). Hasil penelitian Dikmenli (2012) menunjukkan bahwa guru-guru sains mempunyai konsep gen yang tidak bisa dihubungkan dengan deskripsi gen secara ilmiah dari genetika modern. Menurut Chattopadhyay (2005) *gap* yang ada pada genetika klasik dan molekuler masih menjadi tantangan untuk mengembangkan konsep-konsep genetika secara holistik karena level klasik dan modern pada umumnya diajarkan pada level berbeda dengan hubungan yang tidak benar.

Pada penelitian ini nilai yang tertera dalam *pre* dan *post-test* pada tabel 4.8 masih merupakan nilai gabungan dari mahasiswa pada setiap katagori, sehingga dari nilai tersebut belum bisa menunjukkan spesifikasi mekanisme proses pembelajaran yang dialami oleh setiap mahasiswa. Oleh karena itu perlu dilakukan analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa sebagai suatu proses *conceptual change*. Hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada konsep gen disajikan pada gambar 4.23.

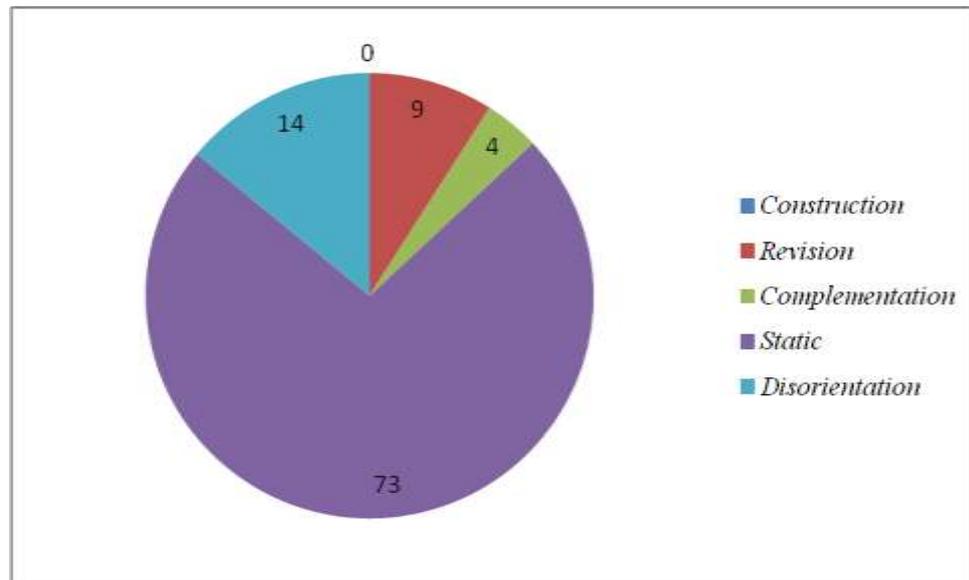


Gambar 4.23 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep gen

Hasil analisis proses perubahan pemahaman menunjukkan telah terjadi perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep gen yang ditunjukkan dengan perubahan jumlah pada setiap katagori pada *pre-test* ke *post-test*. Teridentifikasi dari data *pre-test* tidak ditemukan mahasiswa yang tidak mempunyai representasi, *no response*, tentang konsep gen. Hal ini menunjukkan bahwa konsep gen merupakan konsep yang sudah familiar bagi mahasiswa. Teridentifikasi ada 6

orang yang tadinya memahami gen secara berbeda dengan kaidah ilmiah (*incorrect*), maka setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika mereka mengubah pemahamannya menjadi pemahaman yang lebih baik dan benar walaupun masih merupakan pemahaman parsial (*incomplete*). Hal ini menunjukkan bahwa pada kelompok ini telah terjadi proses perubahan ke arah yang lebih baik. Teridentifikasi ada lebih dari 90% mahasiswa sudah memahami konsep gen secara parsial, *incomplete*, sebagai pengetahuan awalnya dan setelah mengalami proses pembelajaran jumlah ini terbagi menjadi berubah ke *incorrect* (14%), *static* (73%) dan *complete* (4%). Hal ini menunjukkan bahwa sebagian besar mahasiswa masih tetap dengan pemahaman parsialnya. Kemungkinan lain adalah informasi yang disajikan melalui program bioinformatika tidak dapat memberikan informasi tambahan yang dapat mengisi *gap-gap* pengetahuan yang selama ini tidak mereka pahami ataupun mahasiswa yang belum mampu memaknai informasi yang disajikan melalui bioinformatika.

Berdasarkan data di atas, maka capaian level *conceptual change* dari setiap mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran dapat ditentukan secara sistematis. Pengelompokkan mahasiswa berdasarkan level *conceptual change* ini sangat penting dalam menentukan mekanisme perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa. Berikut adalah grafik capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep gen (Gambar 4.24).



Gambar 4.24 Grafik persentase capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep gen

Berdasarkan hasil assessmen di atas menunjukkan bahwa proses pembelajaran telah memberikan variasi capaian level perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep gen. Teridentifikasi ada 9% (6 dari 71 mahasiswa) yang mencapai level *revision*, yang mampu melakukan revisi terhadap pemahamannya. Hal ini mengindikasikan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu memberikan pemahaman yang lebih jelas sehingga mereka dapat melakukan koreksi terhadap pemahaman alternatif yang mereka pahami selama ini. Pemahaman awal konsep gen pada kelompok ini menyatakan bahwa gen sebagai ; (1) suatu senyawa yang diturunkan, (2) kumpulan dari asam amino dan sebagai daerah *coding*. Setelah mengalami pembelajaran berbasis bioinformatika pemahaman mereka berubah menjadi gen sebagai materi genetik yang mengkode suatu karakter.

Teridentifikasi ada 4% (3 dari 71 mahasiswa) yang mencapai level *complementation* yang menunjukkan bahwa kelompok mahasiswa ini telah mampu mengintegrasikan informasi – informasi pengetahuan yang dipresentasikan melalui bioinformatika dengan pemahaman awal mereka sehingga bisa menjadi pemahaman yang komprehensif. Hasil ini menunjukkan bahwa

hanya sebagian kecil dari jumlah mahasiswa yang telah memahami secara parsial konsep gen yang bisa berubah ke arah pemahaman yang utuh (*complete*). Hal ini bisa menjadi pertanda bahwa informasi-informasi yang disajikan melalui program bioinformatika tidak memberikan informasi tambahan bagi mereka untuk mengisi *gap-gap* pengetahuan yang belum mereka pahami.

Teridentifikasi ada 73% (52 dari 71 mahasiswa) yang masuk level *static*. Hal ini menunjukkan bahwa kelompok mahasiswa ini tidak mendapatkan tambahan pengetahuan yang lebih dalam lagi dari program-program bioinformatika sehingga mereka tetap dengan pemahaman awalnya, sehingga yang awalnya mempunyai pemahaman salah tetap memahaminya secara salah dan yang tadinya mempunyai pemahaman awal parsial tetap memahaminya secara parsial. Hal ini bisa menjadi pertanda bahwa representasi-representasi dari bioinformatika belum bisa memberikan informasi-informasi tambahan bagi mahasiswa yang bisa merevisi dan mengisi *gap-gap* pengetahuan pada pemahaman parsialnya. Konsep yang kompleks seperti gen harus disajikan dalam berbagai representasi yang saling melengkapi satu sama lain. Representasi-representasi yang disajikan pun harus mempunyai keterkaitan satu sama lain. Representasi yang satu mungkin saja dapat memberikan informasi tentang strukturnya dan representasi yang lainnya bisa disajikan dari sisi fungsinya, sehingga representasi-representasi tersebut bisa saling mengisi sehingga bisa menjadi media bagi siswa dalam membangun pemahaman yang utuh. Ainsworth (1999) menekankan pentingnya uraian sederhana melalui representasi multipel dalam menyampaikan konsep yang kompleks.

Disisi lain teridentifikasi ada 14% (10 dari 71 mahasiswa) yang masuk level *disorientation*. Hal ini mengindikasikan bahwa kelompok mahasiswa ini mengalami penurunan pemahaman menjadi pemahaman yang lebih buruk dari pemahaman awalnya. Bila diamati dari gambar hasil analisis perubahan pemahaman (Gambar 4.25), jumlah ini berasal dari kelompok mahasiswa yang tadinya telah memahami konsep gen secara parsial namun setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika mereka mengalami perubahan

pemahamannya menjadi pemahaman yang *incorrect*. Hal ini dimungkinkan bahwa pada kelompok ini pemahaman parsialnya bersifat tidak konsisten sehingga ketika ada informasi baru yang datang dan belum sepenuhnya mereka pahami kemudian mereka menjadi gampang untuk merubah pemahamannya. Hasil penelitian Cimer (2012) siswa mempunyai kesulitan dalam mempelajari gen. Alasan utama dari kesulitan ini berasal dari hakikat topik gen yang bersifat abstrak, cara mengajar guru, kebiasaan belajar siswa, motivasi siswa serta tidak tersedianya sumber daya. Namun demikian informasi ini sangat penting bagi penelitian ini untuk memperbaiki cara maupun materi pembelajaran yang digunakan pada penelitian ini. Rerepresentasi yang salah ini justru dapat membantu para guru dan pendidik dalam mengungkapkan apa yang terjadi dalam proses pembelajaran dan ketika rerepresentasi ini sudah dipahami maka para guru dan pendidik dapat membuat materi pembelajaran yang dapat meminimalisir perubahan yang memicu kesalahan persepsi pada mahasiswa (Gentner, 2002).

#### 4.3.8 Lokus Gen Prokariot

Analisis representasi awal dan akhir mahasiswa pada konsep lokus gen prokariot dapat menginformasikan ada tidaknya proses perubahan pemahaman yang dialami oleh mahasiswa. Berikut adalah tabel hasil analisis perubahan persentase respon mahasiswa (n) sebelum dan setelah pembelajaran berbasis bioinformatika.

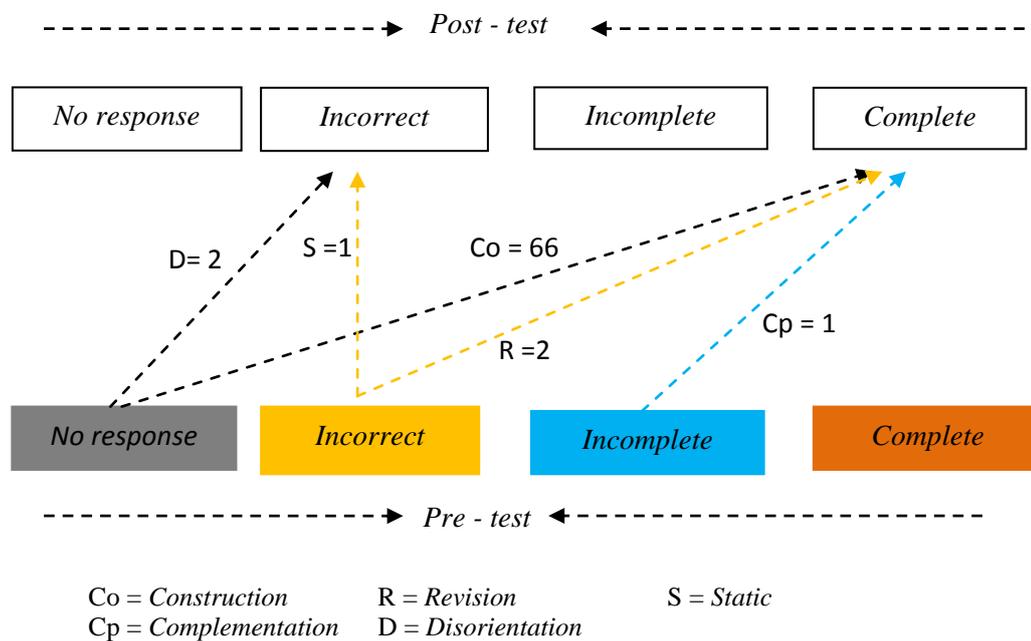
Tabel 4.9 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep lokus gen prokariot

Kategori	Pre (n)	%	Post (n)	%
<b>No response</b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun	68	95	2	3
<b>Incorrect</b> Gen terletak secara terpisah dari genom	3	4	1	1
<b>Incomplete</b> Gen terletak secara paralel dalam genom linear/sirkuler	1	1	2	3
<b>Complete</b> Gen terletak secara paralel dan berpasangan pada genom linear / sirkuler	0	0	67	93

Berdasarkan tabel di atas diketahui bahwa pada *pre-test* mahasiswa sebagian besar yaitu 95% tidak mempunyai gambaran apapun, *no response*, tentang konsep letak lokus gen dalam genom prokariot. Hal ini menunjukkan bahwa hampir 100% mahasiswa tidak mempunyai kemampuan untuk menghubungkan pemahamannya pada konsep lokus gen dengan konsep genom/kromosom. Sebesar 4% respon mahasiswa masih menggambarkan letak lokus gen di luar daripada genom prokariot. Hal ini menandakan bahwa keempat persen mahasiswa ini masih mempunyai konsep bahwa lokus gen tersebut tidak ada hubungannya dengan genom. Padahal kompetensi dasar yang harus dimiliki oleh siswa lulusan sekolah menengah atas adalah mereka harus mampu menganalisis keterkaitan antara struktur gen dan kromosom (Permendiknas no. 69 tahun 2013). Penemuan penelitian ini menunjukkan bahwa ketika mereka memasuki level sarjana, mereka

sebagian besar tidak mempunyai kompetensi dasar ini. Hal ini juga ditunjukkan oleh hasil penelitian Newman *et al.*, (2012) dan McDonal & Gomes (2013) bahwa beberapa mahasiswa mempunyai representasi yang lemah pada gen, alel dan kromosom. Bila dikaji lebih dalam pada buku-buku pelajaran SMA pelajaran biologi dengan topik genetika lebih banyak disajikan percobaan Mendel yang menghasilkan berbagai fenotif tanpa menghubungkannya dengan konsep gen. Hal ini menimbulkan adanya *gap* pengetahuan antara gen dan fenotipe yang merupakan produk dari suatu gen. Begitu pula pada topik alel, beberapa buku pelajaran SMA lebih menekankan pemahaman alel dengan penulisan huruf besar dan huruf kecil tanpa menghubungkan keberadaan alel-alel tersebut dengan kromosom. Temuan beberapa buku teks biologi pada materi penyajian konsep genetika masih didominasi dengan konsep Mendel tanpa menghubungkannya dengan informasi molekuler (Nusantari, 2011). Sementara itu hasil analisis persentase *post-test* menunjukkan hasil yang lebih baik, yaitu lebih dari 90% respon mahasiswa setelah mengalami pembelajaran berbasis bioinformatika ternyata sudah dapat menggambarkan letak suatu gen dalam genom prokariot sesuai dengan kaidah ilmiah. Hal ini menandakan bahwa latihan-latihan serta program-program pada bioinformatika telah mampu memberikan gambaran yang jelas bagi mahasiswa, sehingga mahasiswa dapat mempersepsikan kemungkinan letak lokus gen dalam genom prokariot.

Berdasarkan tabel 4.9 sudah diperoleh masing-masing nilai kategori baik pada awal pembelajaran maupun akhir pembelajaran. Namun nilai-nilai tersebut belum bisa mencerminkan perubahan pemahaman yang dialami oleh setiap mahasiswa. Oleh karena itu dengan mengacu pada cara analisis yang diuraikan pada bab 3 dari penelitian ini, maka dilakukan analisis perubahan respon yang terjadi pada setiap mahasiswa. Hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada konsep lokus gen prokariot disajikan pada gambar 4.25.



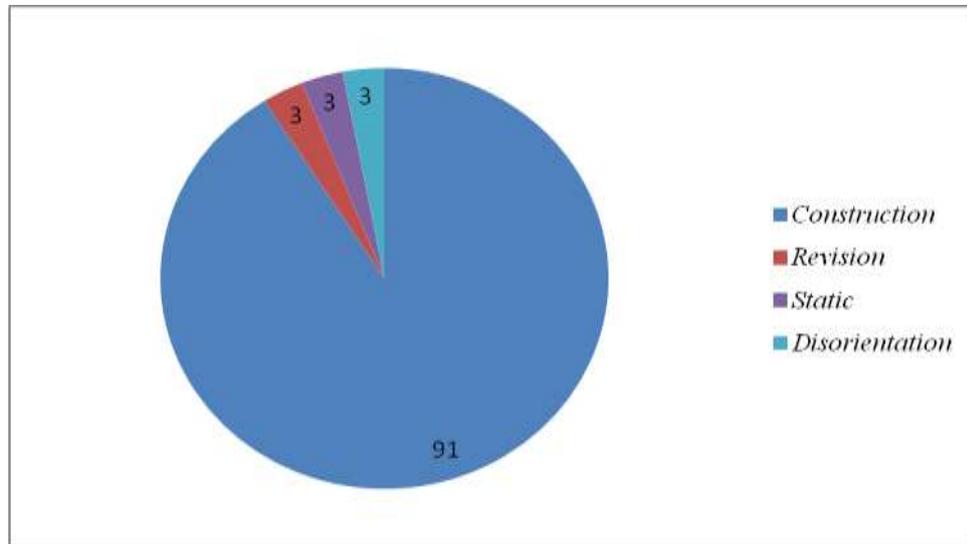
#### 4.25 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep lokus gen prokariot

Hasil analisis perubahan pemahaman tersebut menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mengubah pemahaman sebagian besar mahasiswa pada konsep lokus gen prokariot ke arah pemahaman yang lebih baik. Pada tes awal teridentifikasi ada 68 mahasiswa yang tidak mempunyai representasi apapun tentang lokus gen prokariot, namun setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika jumlah tersebut berubah menjadi 66 mahasiswa menjadi paham secara benar, *complete*, sedangkan 2 orang berubah menjadi memahaminya secara salah, *incorrect*. Pada tes awal teridentifikasi ada 3 mahasiswa yang memahami konsep lokus gen prokariot secara berbeda dengan kaidah ilmiah, *incorrect*, dan setelah proses pembelajaran mereka berubah menjadi memahami secara benar, 2 mahasiswa, serta 1 mahasiswa tetap memahaminya secara salah. Pada tes awal juga ditemukan hanya 1 mahasiswa

yang telah memahami secara parsial konsep lokus gen prokariot dan setelah proses pembelajaran mahasiswa ini mengubah pemahamannya menjadi pemahaman yang sesuai dengan kaidah ilmiah. Sementara itu hasil penelitian ini tidak teridentifikasi satu pun mahasiswa yang telah memahami konsep lokus gen prokariot secara benar.

Mengingat pemahaman awal mahasiswa merupakan hasil proses pembelajaran ketika mereka berada pada jenjang sekolah menengah atas, maka hasil analisis penelitian ini juga menyajikan tentang kualitas proses pembelajaran yang berlangsung pada jenjang SMA. Kompetensi dasar berdasarkan kurikulum permendiknas no. 69 tahun 2013 lulusan SMA harus memahami struktur gen dan keterkaitannya dengan kromosom. Hasil penelitian ini jelas mengindikasikan bahwa proses pembelajaran pada jenjang SMA belum mampu memberikan gambaran yang jelas tentang keterkaitan antara gen dan kromosom yang ditunjukkan dengan teridentifikasinya 95% mahasiswa tidak dapat memberikan representasi apapun tentang lokus gen. Konsep alel gen pada proses pembelajaran di jenjang SMA pada umumnya hanya dicontohkan dengan huruf besar atau kecil tanpa mengaitkannya dengan keberadaan kromosom. Contoh-contoh alel gen yang digunakan pun hanya menggunakan tanaman sebagai contoh dan hampir tidak pernah menggunakan contoh dari bakteri atau mikroorganisme prokariot lainnya. Hasil penelitian ini juga terungkap pada studi yang dilakukan oleh Bahar *et al.*, (1999), alel gen merupakan salah satu konsep yang paling sulit dipahami oleh mahasiswa. Namun demikian pemahaman awal ini menjadi informasi yang sangat penting dalam menentukan tingkat perubahan yang dapat dicapai oleh mahasiswa (Lappi, 2013).

Berdasarkan data perubahan yang terjadi pada setiap mahasiswa, maka analisis selanjutnya dapat ditentukan persentase level *conceptual change* yang dapat dicapai oleh mahasiswa pada konsep lokus gen prokariot setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika. Capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep lokus gen prokariot dapat digambarkan dengan grafik di bawah ini.



Gambar 4.26 Grafik persentase capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep lokus gen prokariot

Berdasarkan hasil assessmen di atas menunjukkan proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan berbagai capaian level *conceptual change* pada mahasiswa. Teridentifikasi lebih dari 90% (66 dari 72 mahasiswa) mencapai level *construction* yang mengindikasikan bahwa informasi-informasi pengetahuan yang direpresentasikan dalam program bioinformatika telah memberikan pengetahuan yang jelas sehingga mahasiswa mempunyai kemampuan untuk membangun pengetahuan tentang konsep lokus gen prokariot secara benar dan komprehensif. Dalam memahami keterkaitan antara lokus gen dan kromosom diperlukan pemahaman mendasar pada masing-masing konsep. Menurut Johnstone (1991), suatu konsep memerlukan 3 level berpikir agar bisa disampaikan secara bermakna yaitu mikro, makro dan representasional. Bilamana masing-masing level berpikir di atas tidak dapat dipresentasikan secara jelas atau tidak lengkap, maka proses pemahaman konsep tersebut menjadi sulit bagi mahasiswa. Oleh karena itu

Ainsworth (1999) menekankan pentingnya representasi multipel yang saling melengkapi sehingga mahasiswa akan memperoleh pemahaman yang utuh. Pada penelitian ini pembelajaran genom prokariot dilakukan dengan menggunakan studi kasus pada genom *Escherichia coli* (*E. coli*) dengan menggunakan *web-site* <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/AE014075.1>. Melalui representasi dari *web-site* tersebut, mahasiswa memperoleh banyak informasi tentang genom *Escherichia coli*, seperti bentuk genom, ukuran genom, peneliti yang melakukannya, publikasi serta gen dan *coding sekuen* (CDS) yang ada serta lokasinya dalam genom tersebut. Informasi ini sangat berguna bagi mahasiswa dalam membantu memvisualisasikan pengetahuan tentang genom *E. coli*. Letak satu gen dengan gen lainnya direpresentasikan dengan sangat jelas dalam ukuran basanya. Berdasarkan hasil penelitian ini diketahui bahwa representasi multipel pada program bioinformatika di atas dapat memberikan informasi yang jelas sehingga hampir 100 persen dari kelompok ini mampu membangun pengetahuannya tentang lokus gen prokariot secara benar.

Teridentifikasi 3% (2 dari 72 mahasiswa) mencapai level *revision* yang mengindikasikan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu menyajikan materi konsep dengan cukup jelas, sehingga memberikan kemampuan mahasiswa untuk memperbaiki konsep yang selama ini mereka pahami secara salah. Kelompok mahasiswa ini memahami konsep lokus gen prokariot secara terpisah dari genom bakteri. Hal ini menunjukkan mahasiswa mempunyai pemahaman bahwa gen merupakan bagian terpisah dari genom/kromosom. Hal ini cukup mengejutkan karena pemahaman ini merupakan kompetensi dasar ketika mereka lulus dari jenjang SMA (Permendiknas no. 69 tahun 2013). Namun demikian setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika dengan menggunakan studi kasus pada genom *E. coli*, kelompok ini mampu melakukan proses perbaikan pemahamannya ke arah yang sesuai dengan kaidah ilmiah.

Teridentifikasi 3% (2 dari 72 mahasiswa) yang mencapai level *static* yang mengindikasikan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika tidak

memberikan tambahan pengetahuan, sehingga mereka masih tetap meyakini pemahaman yang sama dengan pemahaman awalnya, yaitu gen terletak secara terpisah dari genom. Kondisi ini menunjukkan bahwa pemahaman alternatif dari kelompok mahasiswa sulit untuk berubah, walaupun representasi dari bioinformatika bagi hampir 100 persen mahasiswa sudah cukup jelas memberikan informasi tentang konsep lokus gen prokariot. Hasil penemuan yang sama juga diperoleh oleh McDonal & Gomes (2013) setelah proses pembelajaran masih menyisakan beberapa mahasiswa yang tetap memegang pemahaman alternatifnya.

Pada penelitian ini teridentifikasi 3% (2 dari 72 mahasiswa) yang masuk level *disorientation* yang mengindikasikan bahwa proses pembelajaran telah membuat kelompok mahasiswa ini menjadi lebih bingung, sehingga mereka mengalami perubahan pemahaman ke arah yang lebih buruk dari pemahaman awalnya. Proses perubahan pemahaman/kognitif berhubungan dengan rerepresentasi mahasiswa. Rerepresentasi itu sendiri merupakan representasi kognitif dari seseorang pada suatu konsep. Hasil penelitian juga menunjukkan bahwa rerepresentasi tidak selalu akurat. Level *disorientation* merupakan rerepresentasi *incorrect*. Rerepresentasi yang salah ini justru dapat membantu para guru dan pendidik dalam mengungkapkan apa yang terjadi dalam proses pembelajaran dan ketika rerepresentasi ini sudah dipahami maka para guru dan pendidik dapat membuat materi pembelajaran yang dapat meminimalisir perubahan yang memicu kesalahan (Gentner, 2002).

#### **4.3.9 Lokus Gen Eukariot**

Untuk mengetahui perubahan pemahaman konsep lokus gen eukariot yang dialami oleh mahasiswa, maka dilakukan analisis perubahan representasi respon mahasiswa pada data *pre* dan *post-test*. Berikut adalah tabel hasil analisis perubahan persentase respon mahasiswa (n) sebelum dan setelah pembelajaran.

Tabel 4.10 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep lokus gen eukariot

Kategori	Pre (n)	%	Post (n)	%
<b>No response</b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun	68	95	8	11
<b>Incorrect</b> Gen terletak secara paralel dalam kromosom sister tetrad	3	4	3	4
<b>Incomplete</b> Gen terletak secara paralel kromosom haploid	0	0	0	0
<b>Complete</b> Gen terletak secara paralel dan berpasangan pada genom eukariot	1	1	61	85

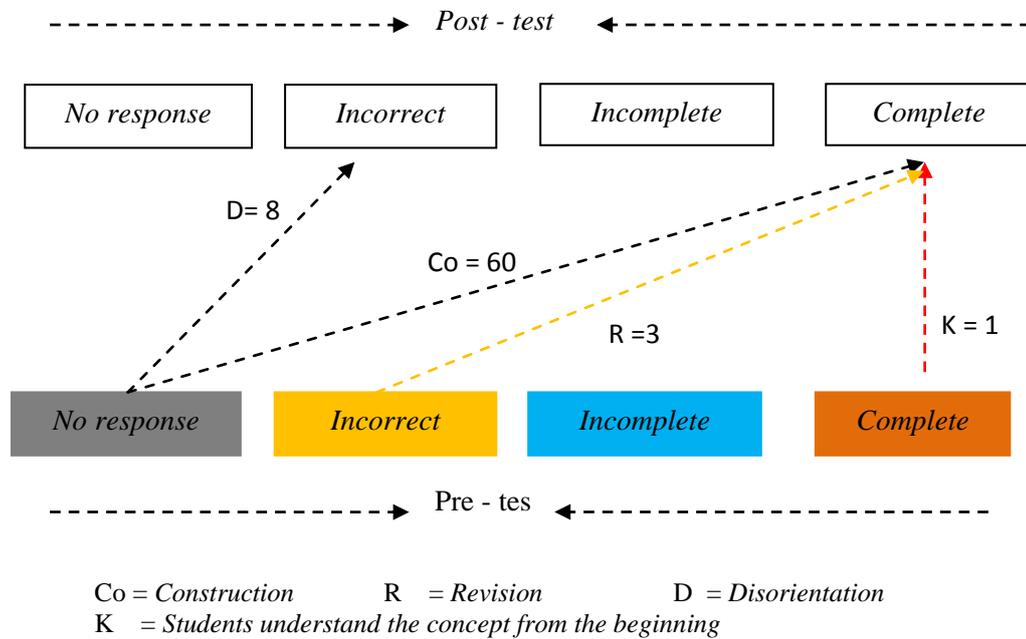
Pertanyaan yang diajukan pada konsep lokus gen ini merupakan pertanyaan yang berhubungan dengan pemahaman mahasiswa pada konsep genom. Pada pertanyaan ini penelitian mencoba untuk mengetahui kemampuan mahasiswa dalam menentukan lokus gen pada kromosom. Hasil analisis deskripsi menunjukkan bahwa mahasiswa mempunyai representasi yang bervariasi pada konsep lokus gen eukariot. Hasil analisis di atas dari *pre-test* menunjukkan bahwa hampir seratus persen mahasiswa (95%) tidak mempunyai pengetahuan awal, *no response*, tentang lokus gen eukariot. Hal ini menunjukkan bahwa mahasiswa tidak mempunyai kompetensi dasar tentang hubungan antara gen dan kromosom. Teridentifikasi ada 4% mahasiswa memahami hubungan antara lokus gen dan kromosom secara berbeda dari kaidah ilmiah, *incorrect*. Teridentifikasi ada 1% mahasiswa yang sudah memahami secara utuh (*complete*) keterkaitan lokus gen dan kromosom dengan menggambarkan gen dengan pasangannya (alel gen) pada kromosom. Sementara itu setelah melalui proses pembelajaran berbasis bioinformatika, jumlah mahasiswa untuk masing-masing kategori mengalami perubahan yang cukup besar. Teridentifikasi hampir 85% mahasiswa mampu mengkonstruksi pemahamannya pada konsep hubungan antara lokus gen dan kromosom sehingga masih ada 11% mahasiswa yang masih tidak mempunyai

representasi. Sementara itu jumlah respon yang masuk dalam katagori *incorrect* tetap ada 4%. Disisi lain representasi yang masuk katagori *incomplete* ditemukan ada 1% pada *post-test*.

Genom eukariotik dalam inti sel dikemas menjadi beberapa kromosom. Setiap organisme eukariotik mempunyai jumlah kromosom yang berbeda-beda. Sebagai contoh manusia mempunyai 46 kromosom dalam sel tubuhnya. Setiap kromosom tersebut terdiri dari molekul DNA dan beberapa protein lainnya. Setiap kromosom mempunyai panjang yang berbeda-beda tergantung panjang molekul DNA. Setiap kromosom dapat mengandung ratusan sampai ribuan gen, tergantung daerah spesifik yang ada pada molekul DNA tersebut. Keberadaan gen-gen dalam kromosom tersebut disebut sebagai lokus gen. Genom eukariot meliputi semua material genetik yang ada dalam sel, baik dalam inti sel, organel mitokondria maupun kloroplast (Campbell *et al.*, 2009). Pada penelitian ini pembelajaran genom hanya ditekankan pada pembahasan materi genetik yang ada dalam inti sel saja. Selanjutnya studi kasus untuk mempelajari genom dan lokus gen eukariot dilakukan dengan menggunakan studi kasus pada genom (into sel) manusia melalui *web-site* <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?item=human>. Melalui *web-site* ini dipresentasikan banyak informasi penting bagi mahasiswa. Informasi-informasi itu meliputi: (1) materi genetik dalam inti sel manusia tersebar menjadi 23 pasang kromosom, (2) setiap kromosom mempunyai ukuran panjang/jumlah basa (Mb) yang berbeda-beda dan (3) setiap kromosom mempunyai persen GC, jumlah protein dan gen yang berbeda-beda. Informasi-informasi ini dapat memberikan gambaran yang cukup jelas tentang hubungan lokus gen dengan kromosom.

Pada penelitian ini nilai yang tertera dalam *pre* dan *post-test* pada tabel 4.10 masih merupakan nilai gabungan dari mahasiswa pada setiap katagori, sehingga dari nilai tersebut belum bisa menunjukkan spesifikasi mekanisme proses pembelajaran yang dialami oleh setiap mahasiswa. Oleh karena itu perlu dilakukan analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa sebagai suatu proses *conceptual change*. Hasil analisis perubahan pemahaman

yang terjadi pada setiap mahasiswa pada konsep lokus gen eukariot disajikan pada gambar 4.27.



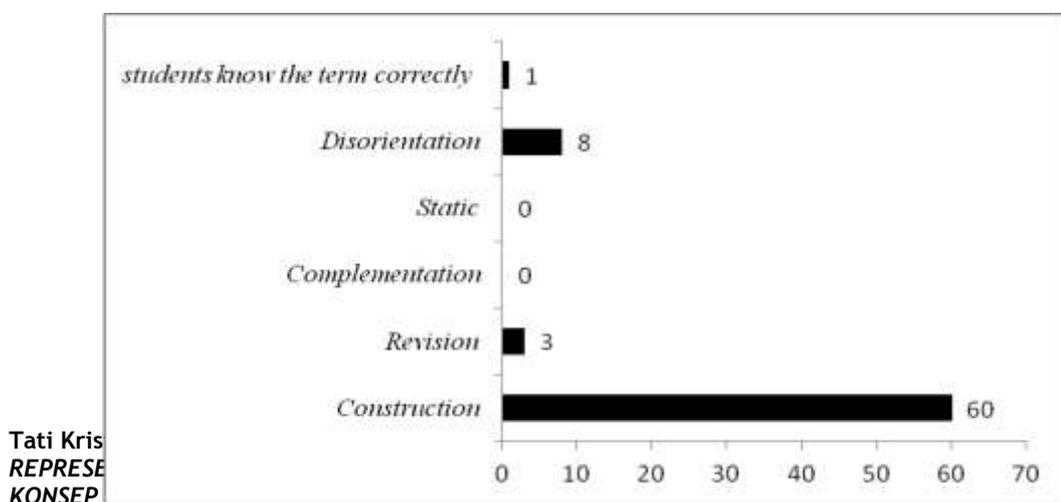
#### 4.27 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep lokus gen eukariot

Hasil analisis perubahan pemahaman di atas menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mengubah pemahaman mahasiswa pada konsep lokus gen eukariot ke arah yang lebih baik. Hal ini ditunjukkan dengan arah panah dari masing-masing katagori berubah menuju ke satu arah yaitu katagori *complete*. Sebanyak 68 mahasiswa yang tadinya berada pada katagori *no response* terbagi menjadi 2 katagori yaitu *incorrect* (8 mahasiswa) dan *complete* (60 dari 72 mahasiswa). Penemuan ini menunjukkan adanya pengaruh positif dari proses pembelajaran berbasis bioinformatika. Sebanyak 3 mahasiswa yang tadinya berada pada katagori *incorrect* kemudian merevisi pemahamannya sehingga pada *post-test* masuk ke dalam katagori *complete*. Sementara itu hanya

ditemukan 1 mahasiswa yang dari awal sudah mempunyai pemahaman utuh (*complete*).

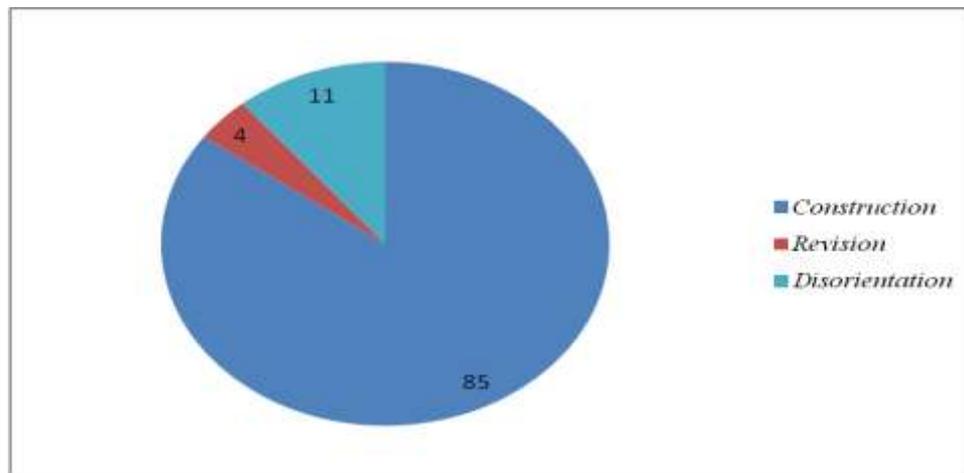
Beberapa hasil penelitian yang dilakukan oleh peneliti di luar negeri juga tidak berbeda jauh hasilnya dengan hasil penelitian ini. Malachias *et al.*, (2010) menemukan pemahaman yang keliru pada siswa SMA yaitu: mereka mererepresentasikan kromosom dengan mempunyai 2 sister kromatid yang masing-masing mempunyai informasi genetik yang berbeda. Mereka tidak memahami bahwa alel merupakan bentuk berbeda suatu gen yang terdapat pada lokus yang sama. Marbah-Ad *et al.*, (2001) juga melaporkan bahwa siswa kelas 12 mengalami kesulitan dalam menghubungkan antara konsep genetik dan mereka tidak mampu menghubungkan konsep gen dengan konsep molekuler seperti DNA, gen dan kromosom. Hasil studi Saka *et al.*, (2006) menunjukkan bahwa DNA sebagai struktur sel yang bebas dalam sebuah sel. Dikmenli (2010) melaporkan hasil penelitiannya pada guru SMA yang menunjukkan pemahaman yang tidak memadai untuk menjelaskan hubungan antara beberapa konsep dasar genetik. Beberapa guru biologi di Turki juga mererepresentasikan DNA, gen dan kromosom sebagai struktur terpisah dalam sebuah sel (Dikmenli, 2010). Hasil penelitian pada siswa juga ditemukan dari studi yang dilakukan oleh Chattopadhyay (2005) siswa mempunyai pemahaman yang rendah untuk menjelaskan hubungan antara kromosom dan gen.

Adapun capaian level *conceptual change* mahasiswa setelah mengalami pembelajaran berbasis bioinformatika ini dapat dilihat pada gambar 4.28.



Gambar 4.28 Grafik level *conceptual change* jumlah mahasiswa pada konsep lokus gen eukariot

Berdasarkan grafik di atas, diketahui bahwa dari hasil perhitungan persentase level *conceptual change* tersebut terdapat 1 mahasiswa yang teridentifikasi sudah memahami konsep lokus gen eukariot secara benar dan komprehensif (*students know the term correctly*). Oleh karena itu untuk menghitung capaian level *conceptual change*, maka persentase tersebut tidak dilibatkan dalam proses analisisnya. Berikut adalah grafik persentase capaian level *conceptual change* setelah dikurangi oleh mahasiswa yang sudah paham benar dari awal sampai akhir perkuliahan (Gambar 4.29).



Gambar 4.29 Grafik persentase capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep lokus gen eukariot

Hasil analisis di atas menghasilkan jumlah yang berbeda-beda pada setiap level *conceptual change*. Berdasarkan hasil assessmen di atas menunjukkan bahwa konsep lokus gen eukariot merupakan pengetahuan yang baru bagi mahasiswa sehingga melalui proses pembelajaran berbasis bioinformatika teridentifikasi ada

85% (60 dari 71 mahasiswa) mencapai level *construction*. Seperti diuraikan sebelumnya bahwa mahasiswa seharusnya sudah mempunyai pemahaman pada konsep lokus gen dan kromosom sebagai kompetensi dasar ketika mereka lulus dari sekolah menengah. Namun ketika pada penelitian ini diajukan studi kasus yang meminta mahasiswa untuk menggambarkan hubungan antara keduanya, ternyata hampir 100 persen mahasiswa tidak mengetahuinya sehingga mereka tidak dapat merepresentasikan apapun. Proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu berperan dalam memberikan informasi yang jelas bagi kelompok ini untuk membangun pengetahuan baru berdasarkan representasi-representasi yang disajikan pada program bioinformatika. Hasil studi Chattopadhyay (2005) juga menunjukkan hal yang mirip, mahasiswa mempunyai pemahaman yang rendah pada kromosom dan gen. Hal ini karena proses pembelajaran genetik di jenjang SMA masih berada pada level yang berbeda. Seharusnya genetik disampaikan dengan menghubungkan antara genetik klasik (Mendell) dengan genetik modern pada level molekular. Representasi materi pembelajaran dapat mempengaruhi proses berpikir mahasiswa. Menurut Johnstone (1991) terdapat level makro, mikro dan representasi untuk menyampaikan konsep secara bermakna. Bilamana ketiga level berpikir di atas tidak dapat direpresentasikan secara jelas atau tidak lengkap, maka proses pemahaman konsep tersebut menjadi sulit bagi mahasiswa. Oleh karena itu Ainsworth (1999) menekankan pentingnya representasi multipel yang saling melengkapi sehingga mahasiswa akan memperoleh pemahaman yang utuh.

Hasil analisis level *conceptual change* menunjukkan ada 4% (3 dari 71 mahasiswa) mencapai level *revision* yang mengindikasikan bahwa proses pembelajaran telah memberikan kemampuan bagi mahasiswa untuk melakukan revisi terhadap pemahamannya yang keliru yang selama ini mereka pahami. Hal ini mengindikasikan bahwa representasi bioinformatika pada konsep lokus gen eukariot dengan menggunakan studi kasus dari *web-site* <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?item=human> cukup jelas bagi kelompok mahasiswa ini untuk melakukan perbaikan terhadap pemahamannya. Pemahaman

alternatif pada pemahaman awal mahasiswa ini salah satu faktornya bisa disebabkan oleh penyampaian materi yang tidak lengkap pada bahan ajar yang digunakan pada jenjang SMA. Hal ini teridentifikasi oleh studi yang dilakukan oleh Nusantari pada tahun 2011 yang meneliti miskonsepsi pada 12 buku teks biologi yang digunakan di jenjang SMA.

Teridentifikasi ada 11% (8 dari 71 mahasiswa) yang masuk level *disorientation* yang mengindikasikan penurunan pemahaman yang dialami oleh kelompok mahasiswa ini. Hal ini mengindikasikan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika cukup membuat mereka kesulitan dalam mengadopsi pesan-pesan pengetahuan yang terkandung di dalamnya, sehingga mereka pada akhirnya mengalami perubahan pemahaman ke arah yang lebih buruk. Pemahaman yang ada pada mahasiswa dapat memegang dua rerepresentasi yang tidak konsisten. Kondisi tersebut disebut dengan *pastiche models* atau *knowledge in pikes* (Gentner, 2002), sehingga ketika proses pembelajaran tidak cukup untuk meyakinkan pemahaman ke arah yang benar, maka mereka akan jatuh ke pemahaman yang salah.

#### 4.3.10 Struktur Gen Prokariot

Untuk mengetahui perubahan pemahaman pada konsep struktur gen prokariot yang dialami oleh mahasiswa, maka dilakukan analisis perubahan representasi respon mahasiswa pada data *pre* dan *post-test*. Berikut adalah tabel hasil analisis perubahan persentase respon mahasiswa (n) sebelum dan setelah pembelajaran.

Tabel 4.11 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep struktur gen prokariot

Katagori	<i>Pre</i> (n)	%	<i>Post</i> (n)	%
<b><i>No response</i></b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun	21	29	0	0
<b><i>Incorrect</i></b> a. Struktur gen terdiri dari mRNA	1	1	0	0

b. Struktur gen terdiri dari ekson dan intron	2	3	9	13
<b>Incomplete</b>				
a. Struktur gen terdiri dari promoter, ekson, poly A	48	67	15	21
b. Struktur gen merupakan monocistrosik	0	0	1	1
<b>Complete</b>				
Struktur suatu gen prokariot terdiri promoter, <i>start codon</i> , ekson, <i>stop codon</i> , poly A. Struktur gen meliputi monocistronik dan polycistronik	0	0	47	65

Tabel 4.11 menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan variasi perubahan representasi mahasiswa pada konsep struktur gen prokariot. Hasil analisis katagori representasi mahasiswa dari data *pre-test* menunjukkan bahwa representasi mereka terbagi ke dalam 3 katagori, yaitu *no response*, *incorrect* dan *incomplete*. Teridentifikasi ada 21 mahasiswa atau 29% mahasiswa yang tidak mempunyai representasi tentang struktur gen prokariot. Teridentifikasi ada 3 mahasiswa atau 4% mahasiswa yang merepresentasikan struktur gen prokariot secara salah, *incorrect*. Sementara itu teridentifikasi ada 47 mahasiswa atau 67% mahasiswa yang telah mengetahui struktur gen prokariot walaupun pemahaman mereka masih masuk dalam katagori parsial, *incomplete*. Hal ini menunjukkan bahwa sebagian besar mahasiswa sudah mengetahui konsep struktur gen prokariot namun pemahamannya masih parsial.

Setelah proses pembelajaran, representasi post-test mahasiswa pada konsep struktur gen prokariot telah mengalami perubahan. Berdasarkan analisis jumlah untuk setiap katagori di atas menunjukkan bahwa representasi mahasiswa sebagian besar berada pada katagori *incomplete*. Tidak ditemukan lagi mahasiswa yang tidak mempunyai representasi pada struktur gen prokariot. Jumlah mahasiswa yang masuk katagori *incorrect* meningkat menjadi 13%. Peningkatan ini bisa terjadi karena adanya pelimpahan jumlah mahasiswa baik dari katagori *no response* maupun *incomplete*. Sementara itu jumlah mahasiswa yang masuk katagori *incomplete* mengalami penurunan dari 67% menjadi 22%. Penurunan jumlah ini bisa disebabkan oleh berpindahnya mahasiswa dalam katagori ini ke

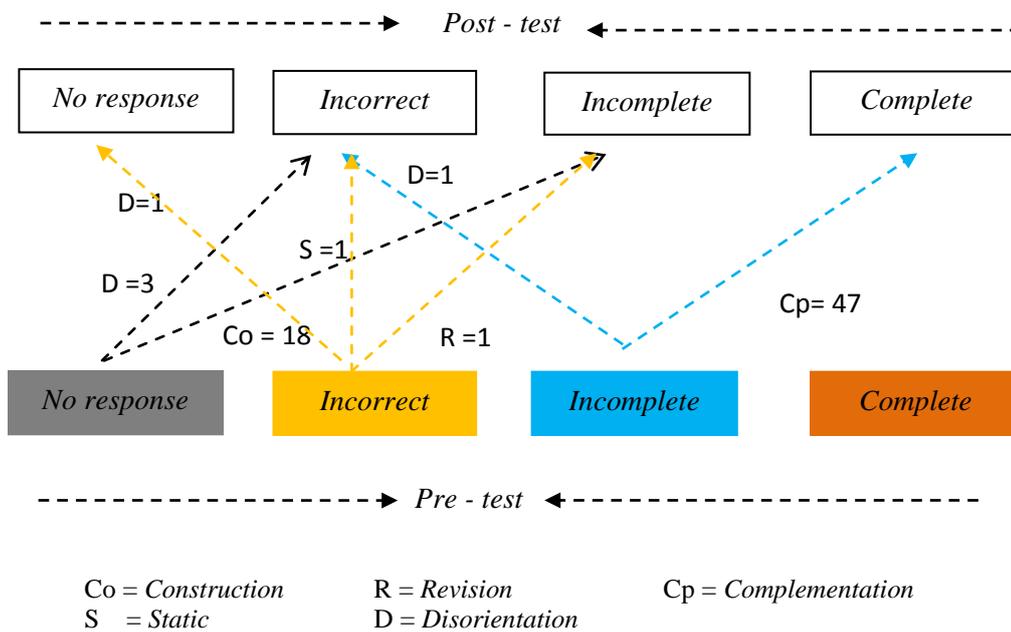
katagori lain. Seperti yang terjadi pada katagori *incorrect*, pada katagori *incomplete* ini juga bisa berasal dari pengurangan jumlah mahasiswa dari katagori *no response* maupun *incorrect*. Disisi lain terdapat peningkatan yang cukup besar pada katagori *complete* yaitu sebesar 47%. Hal ini cukup menggembarakan karena dari data tes awal tidak ditemukan satu mahasiswa pun yang memahami konsep struktur gen prokariot secara benar. Namun munculnya jumlah respon mahasiswa pada katagori *complete* ini masih belum bisa terdeteksi berasal dari katagori yang mana saja.

Representasi struktur gen prokariot memerlukan pemahaman mahasiswa pada proses transkripsi. Pemahaman pada struktur gen prokariot hampir sama dengan struktur gen eukariot, hanya pada prokariot tidak ditemukan adanya intron. Struktur level gen ini berada pada level DNA yang menandai bagian-bagian penting untuk terjadinya proses transkripsi. Mengingat untuk diekspresikannya suatu gen diperlukan adanya regulator, Cap 5' sebagai penanda mRNA, sekuen ekson-ekson yang diawali dengan *start* kodon dan diakhiri *stop* kodon, *poly-adenilasi* (Poly-A) sebagai penanda lepasnya ribosom dari mRNA serta ujung 3' (Campbell *et al.*, 2009).

Nilai yang tertera dalam *pre* dan *post-test* pada tabel 4.11 masih merupakan nilai gabungan dari mahasiswa pada setiap katagori, sehingga dari nilai tersebut belum bisa menunjukkan spesifikasi mekanisme proses pembelajaran yang dialami oleh setiap mahasiswa. Oleh karena itu perlu dilakukan analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa sebagai suatu proses *conceptual change*. Hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada konsep struktur gen prokariot disajikan pada gambar 4.30.

Hasil analisis perubahan pemahaman tersebut menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan pengaruh pada mahasiswa yang ditunjukkan dengan terjadinya proses perubahan katagori pemahaman mahasiswa dari *pre-test* ke *post-test*. Teridentifikasi ada 21 mahasiswa yang awalnya tidak mempunyai gambaran apapun, *no response*, tentang struktur gen prokariot, kemudian berubah menjadi 3 mahasiswa berubah

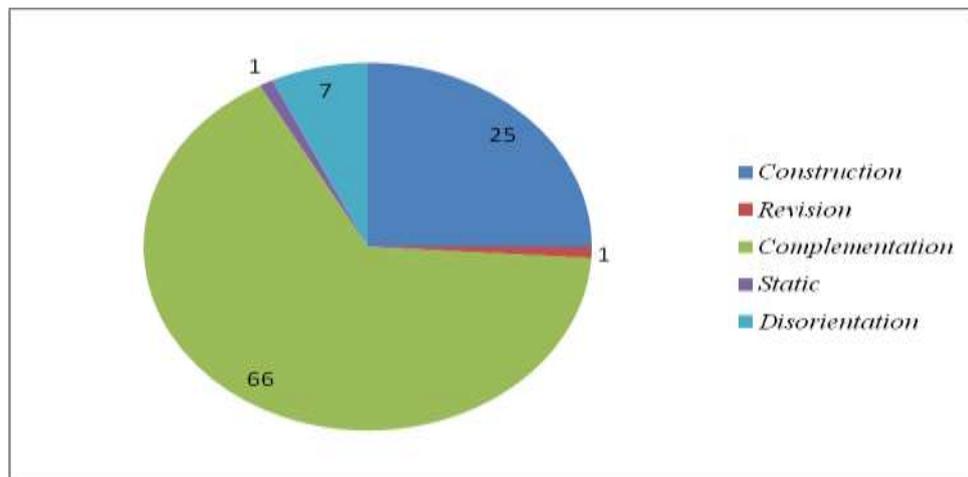
menjadi memahami secara salah, *incorrect*, dan 18 mahasiswa menjadi memahaminya secara parsial, *incomplete*. Teridentifikasi ada 3 mahasiswa yang awalnya mempunyai pemahaman alternatif pada konsep struktur gen prokariot selanjutnya setelah proses pembelajaran mampu mengubah 3 mahasiswa dari kelompok ini menjadi memahaminya secara parsial (*incomplete*) 1 orang, 1 mahasiswa lainnya tetap berada pada pemahaman alternatifnya, *incorrect*, dan 1 mahasiswa mengalami perubahan menjadi *no response*. Teridentifikasi ada 48 mahasiswa yang awalnya telah memahami konsep struktur gen prokariot secara parsial (*incomplete*) kemudian terbagi menjadi 2 kelompok yaitu 47 mahasiswa mengalami peningkatan menjadi dapat memahaminya secara utuh (*complete*) dan 1 mahasiswa merubah pemahamannya ke arah yang buruk yaitu jatuh ke pemahaman yang salah (*incorrect*).



Gambar 4.30 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep struktur gen prokariot

Sementara itu tidak ditemukan satu mahasiswa pun yang mampu mengubah pemahamannya ke pemahaman yang utuh. Hasil penemuan ini menunjukkan bahwa pengalaman *conceptual change* pada mahasiswa berjalan berbeda-beda walaupun awalnya mereka mempunyai pemahaman yang sama. Mekanisme transformasi dari pengetahuan awal menjadi pengetahuan akhir merupakan pengalaman *conceptual change* (Lappi, 2013).

Data yang disajikan pada tabel 4.11 masih merupakan total penjumlahan yang diperoleh untuk masing-masing katagori respon, sehingga tidak dapat digunakan untuk menilai proses perubahan pemahaman yang dialami oleh setiap mahasiswa. Melalui data perubahan respon pada gambar 4.30, maka capaian level *conceptual change* dari setiap mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran dapat ditentukan secara sistematis. Pengelompokkan mahasiswa berdasarkan level *conceptual change* ini sangat penting dalam mengungkap mekanisme perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa. Adapun persentase capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep struktur gen prokariot dapat dilihat pada grafik di bawah ini (Gambar 4.31).



Gambar 4.31 Grafik persentase capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep struktur gen prokariot

Berdasarkan hasil assessmen di atas menunjukkan bahwa konsep struktur gen prokariot bukan merupakan pengetahuan yang baru bagi mahasiswa, karena terdeteksi ada sejumlah mahasiswa yang mencapai level *revision*, *static*, *complementation* dan *disorientation*. Proses pembelajaran telah menghasilkan level perubahan pemahaman mahasiswa yang cukup bervariasi pada berbagai level. Teridentifikasi ada 25% (18 mahasiswa dari 72) yang mengalami proses konstruksi pengetahuan sehingga kelompok mahasiswa ini mencapai level *conctruction*. Pada kelompok ini, awalnya mereka tidak mempunyai gambaran apapun tentang konsep struktur gen prokariot. Setelah melalui pembelajaran berbasis bioinformatika, maka mereka menjadi memperoleh pemahaman yang benar tentang konsep ini. Hal ini menunjukkan bahwa representasi-representasi dari program bioinformatika telah mampu memberikan informasi yang jelas, sehingga mahasiswa dari kelompok ini mampu membangun pengetahuannya secara benar. Menurut Ainsworth (1999) multipel representasi yang baik harus mampu memberikan informasi-informasi yang bisa membantu mahasiswa salah satunya dalam membangun pengetahuan baru.

Pada konsep ini hanya ditemukan 1 mahasiswa dari 3 mahasiswa yang masuk katagori *incorrect* yang mencapai level *revision* (1%). Representasi – representasi pada program bioinformatika telah mampu memberikan informasi yang cukup jelas, sehingga dia mampu melakukan koreksi pada pemahaman awalnya. Sementara pada mahasiswa lainnya dari kelompok ini, representasi-representasi bioinformatika belum mampu memberikan informasi yang cukup jelas sehingga mereka mengalami perubahan pemahaman ke arah yang berbeda. Hal ini menunjukkan bahwa proses perubahan pemahaman diinternalisasikan secara berbeda-beda pada setiap orang.

Berdasarkan gambar 4.31 menunjukkan bahwa level *complementation* merupakan level yang mempunyai porsi terbesar dibandingkan level-level lainnya. Teridentifikasi ada 47 mahasiswa dari jumlah 72 mahasiswa yang berpartisipasi dalam penelitian ini mampu mencapai level *complementation* (66%). Hal ini menunjukkan bahwa informasi-informasi pengetahuan yang dipresentasikan

melalui program bioinformatik mampu mereka integrasikan dengan pemahaman yang ada sebelumnya sehingga menjadi pemahaman yang utuh. Beberapa representasi dari program bioinformatika mampu memberikan informasi-informasi yang selama ini belum mereka ketahui seperti awalnya mereka hanya memahami struktur gen prokariot hanya terdiri dari ekson, *start* kodon dan *stop* kodon saja. Setelah mengalami pembelajaran berbasis bioinformatika ada penambahan pengetahuan yang terjadi pada mahasiswa seperti kata-kata promoter dan *poly-adenilasi*. Hal ini mengindikasikan bahwa bagi kelompok ini representasi multipel dari program-program bioinformatika telah mampu memberikan informasi-informasi baru sehingga mereka dapat melengkapi pemahamannya. Hal ini sejalan dengan salah satu fungsi representasi multipel dari Ainsworth (1999) sebagai alat untuk membantu mahasiswa dalam melengkapi pemahamannya.

Berdasarkan gambar 4.31 menunjukkan bahwa masih ada 1 mahasiswa yang tidak mengalami perubahan pemahaman yaitu dari pemahaman salah tetap memegang pemahaman yang salah sehingga mahasiswa ini berada pada level *static*. Setelah mengalami pembelajaran berbasis bioinformatika, mahasiswa ini tetap saja meyakini bahwa struktur gen prokariot terdiri dari intron dan ekson. Nampaknya bagi mahasiswa ini, representasi yang disajikan melalui program bioinformatika tidak mampu memberikan informasi yang jelas yang dapat merevisi pemahaman yang dia yakini.

Teridentifikasi ada 7% (5 dari 72 mahasiswa) yang terlibat dalam penelitian ini mengalami kemunduran dalam memahami konsep struktur gen prokariot. Jumlah ini diperoleh dari mahasiswa-mahasiswa yang tadinya berada pada katagori *no response* berubah menjadi katagori *incorrect*; katagori *incorrect* menjadi *no response* dan katagori *incomplete* menjadi *incorrect*. Bagi kelompok mahasiswa ini konsep struktur gen prokariot yang disajikan melalui program-program bioinformatika dimungkinkan telah membuat mereka menjadi kurang yakin dengan pemahamannya. Kondisi ini menurut Gentner (2002) mahasiswa mengalami '*slip attention effe*t' bahwa pembelajaran yang menggunakan berbagai

representasi dapat menyebabkan kondisi yang tidak diharapkan. Hal ini karena mereka tidak mampu memahami kaitan representasi yang satu dengan representasi berikutnya yang dimunculkan secara beriringan tidak pada satu tampilan. Kondisi yang salah ini justru dapat membantu para guru dan pendidik dalam mengungkapkan apa yang terjadi dalam proses pembelajaran dan ketika kondisi ini sudah dipahami maka para guru dan pendidik dapat membuat materi pembelajaran yang dapat meminimalisir perubahan yang memicu kesalahan.

#### 4.3.11 Struktur Gen Eukariot

Untuk mengetahui perubahan pemahaman pada konsep struktur gen eukariot yang dialami oleh mahasiswa, maka dilakukan analisis perubahan representasi respon mahasiswa pada data *pre* dan *post-test*. Berikut adalah tabel hasil analisis perubahan persentase respon mahasiswa (n) sebelum dan setelah pembelajaran.

Tabel 4.12 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep struktur gen eukariot

Katagori	Pre (n)	%	Post (n)	%
<b>No response</b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun	32	44	0	0
<b>Incorrect</b>				
a. Struktur gen hanya terdiri dari ekson	1	1	0	0
b. Menggambarkan lokus gen	4	6	0	0
c. Menggambarkan kromosom	35	49	2	3
d. Polycistronik	0	0	1	1
<b>Incomplete</b>				
a. Struktur gen terdiri dari promoter, ekson dan intron.	0	0	47	66
b. Struktur gen terdiri dari promoter, ekson, intron dan poly A	0	0	21	29
<b>Complete</b> Struktur suatu gen eukariot terdiri promoter, start kodon, ekson, intron, stop kodon, poly A.	0	0	1	1

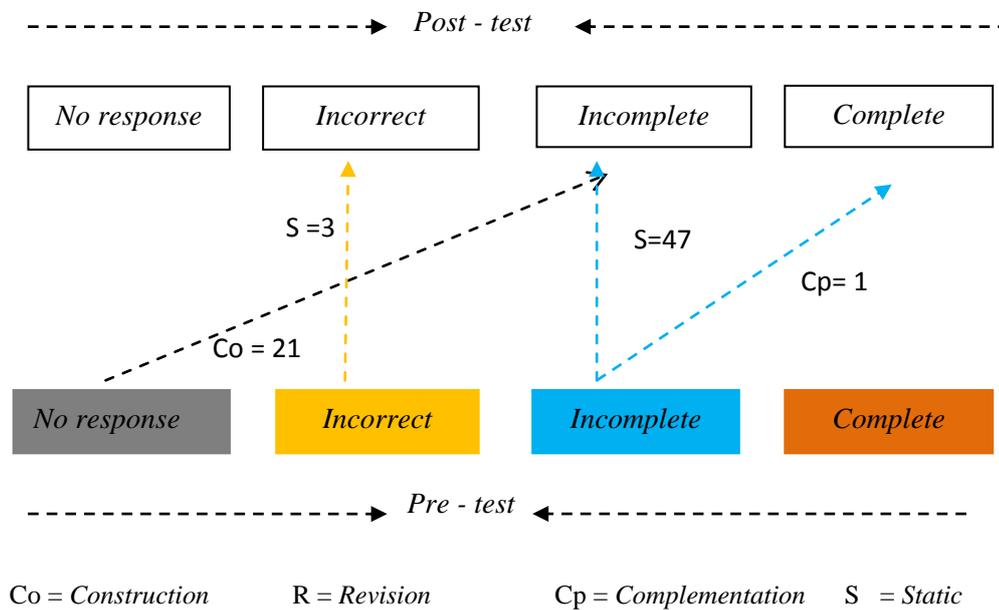
Berdasarkan tabel 4.12 menunjukkan bahwa pada *pre-test* hampir 45% mahasiswa tidak mempunyai gambaran tentang struktur gen eukariot, *no response*. Lebih dari 50% mahasiswa menggambarkan struktur gen eukariot yang berbeda dengan kaidah ilmiah, *incorrect*. Beberapa konsepsi alternatif mahasiswa meliputi: (a) struktur gen hanya terdiri dari ekson saja, (b) struktur gen hanya digambarkan sebagai sebuah lokus gen, (c) struktur gen digambarkan sebagai kromosom dan (d) struktur gen eukariot merupakan polycistronik. Tidak ditemukan mahasiswa yang mempunyai pemahaman yang kurang lengkap, *incomplete* maupun pemahaman utuh, *complete*.

Sementara representasi mahasiswa yang dijaring melalui data *pos-test* menunjukkan bahwa tidak terdapat lagi mahasiswa yang tidak mempunyai representasi pada konsep struktur gen eukariot (*no response*). Teridentifikasi kategori *incorrect* mengalami penurunan jumlah respon yaitu dari 56% menjadi 2% mahasiswa yang memberikan representasi tentang konsep struktur gen eukariot sebagai gambaran kromosom dan polycistronik. Teridentifikasi pada kategori *incomplete* mengalami peningkatan yang sangat besar yaitu dari 0 menjadi 98% mahasiswa mampu merepresentasikan konsep struktur gen eukariot secara benar walaupun masih merupakan pemahaman parsial (*incomplete*). Deskripsi sebagian besar mahasiswa sudah bisa merepresentasikan keberadaan elemen-elemen lain pada struktur gen eukariot seperti adanya sekuen promotor dan *poly-adenilasi*. Hal ini mengindikasikan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu memberikan informasi tambahan yang tadinya belum mereka ketahui menjadi mereka ketahui. Mekanisme penambahan pemahaman ini sangat penting terjadi pada proses pembelajaran *conceptual change* yang dialami oleh mahasiswa (Lappi, 2013).

Nilai yang tertera dalam pre dan *post-test* pada tabel di atas masih merupakan nilai gabungan dari mahasiswa pada setiap kategori, sehingga dari nilai tersebut belum bisa menunjukkan spesifikasi mekanisme proses pembelajaran yang dialami oleh setiap mahasiswa. Oleh karena itu perlu dilakukan analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa

sebagai suatu proses *conceptual change*. Hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada konsep struktur gen eukariot disajikan pada gambar 4.32.

Gambar hasil analisis tersebut menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan pengaruh pada mahasiswa yang ditunjukkan dengan terjadinya proses perubahan katagori pemahaman mahasiswa dari *pre-test* ke *post-test*. Bila diamati dengan seksama proses perubahan yang terjadi pada konsep ini tidak terlalu bervariasi dibandingkan proses perubahan yang terjadi pada konsep-konsep lain yang diangkat pada penelitian ini. Teridentifikasi ada 21 mahasiswa yang awalnya tidak mempunyai gambaran apapun tentang struktur gen eukariot (*no response*), kemudian berubah semuanya menjadi memahami secara parsial (*incomplete*).

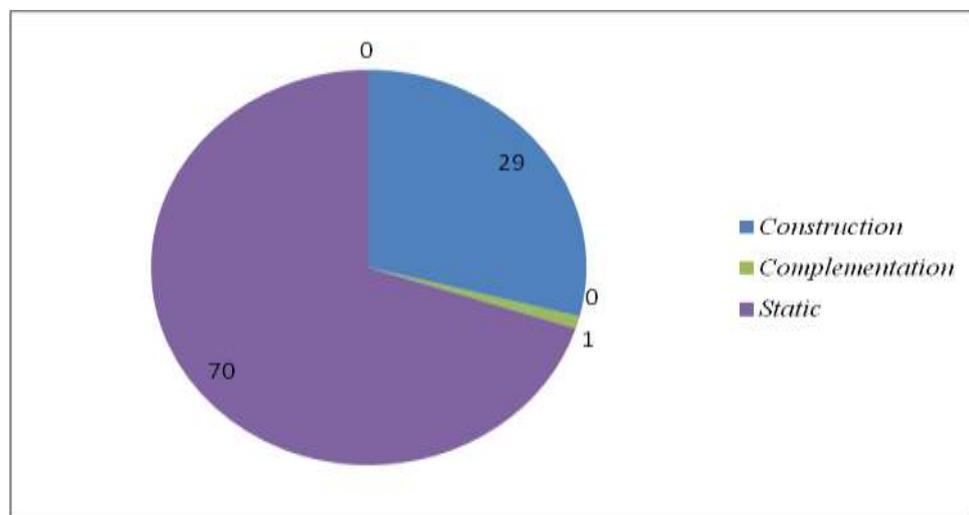


Gambar 4.32 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep struktur gen eukariot

Teridentifikasi ada 3 mahasiswa yang awalnya mempunyai pemahaman alternatif pada konsep struktur gen prokariot (*incorrect*) selanjutnya setelah proses pembelajaran tetap tidak mampu mengubah pemahaman alternatifnya. Teridentifikasi ada 48 mahasiswa yang masuk katagori pemahaman tidak lengkap, *incomplete*, namun setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika hanya mampu mengubah 1 mahasiswa saja untuk naik ke level pemahaman yang utuh, *complete*, sementara mahasiswa lainnya tetap berada pada pemahaman *incomplete*. Hasil penemuan ini menunjukkan bahwa mekanisme transformasi dari pengetahuan awal menjadi pengetahuan akhir yang merupakan pengalaman *conceptual change* pada konsep struktur gen eukariot ini sebagian besar berada pada kemampuan mahasiswa untuk mencapai level *construction*.

Data yang disajikan pada tabel 4.12 masih merupakan total penjumlahan yang diperoleh untuk masing-masing katagori respon. Berdasarkan data hasil

analisis perubahan pemahaman pada lampiran 1, maka capaian level *conceptual change* dari setiap mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran dapat ditentukan secara sistematis. Pengelompokan mahasiswa berdasarkan level *conceptual change* ini sangat penting dalam mengungkap mekanisme perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa. Adapun capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep struktur gen eukariot dapat dilihat pada gambar 4.33.



4.33 Grafik persentase capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep struktur gen eukariot

Sesuai dengan hasil analisis perubahan yang digambarkan pada gambar 4.33, maka pada hasil assessmen pola perubahan pemahaman yang dapat dicapai oleh mahasiswa pada konsep struktur gen eukariot ini tidak terlalu memberikan banyak variasi level capaian. Level *conceptual change* yang mampu dicapai oleh mahasiswa hanya ada tiga level yaitu *construction*, *complementation* dan *static*.

Berdasarkan gambar 4.33 teridentifikasi ada 21 mahasiswa dari total 72 mahasiswa yang mampu mencapai level *construction* (29%). Level ini hanya

dapat dicapai oleh mereka yang pada pengetahuan awalnya tidak mempunyai representasi apapun (*no response*) namun setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika mereka mampu membangun pengetahuan baru walaupun pemahaman tersebut masih masuk katagori *incomplete*. Hal ini menunjukkan bahwa bagi kelompok ini, representasi-representasi pada program-program bioinformatika cukup dapat memberikan informasi yang jelas sehingga informasi-informasi itu bisa digunakan mereka dalam merepresentasikan konsep struktur gen eukariot. Pemahaman tambahan yang mereka dapatkan melalui representasi – representasi bioinformatika tentang konsep struktur gen eukariot adalah term ekson, intron, promoter, *poly-adenilasi*. Respon mahasiswa pada konsep intron dan ekson pada topik sebelumnya kemungkinan mahasiswa masuk dalam katagori *no response* atau *incorrect* dan pada konsep struktur gen eukariot ini, mahasiswa baru memperoleh informasi yang cukup jelas tentang keberadaan informasi-informasi tersebut sebagai elemen-elemen penting dalam struktur gen eukariot. Pemecahan topik-topik kajian pada penelitian ini bertujuan untuk mengurangi beban kognitif yang akan terjadi pada mahasiswa pada saat proses pembelajaran berlangsung. Menurut Ainsworth (1999) konsep yang kompleks sebaiknya disederhanakan menjadi beberapa representasi yang saling berkaitan dan mendukung satu sama lain. Setiap representasi dari konsep yang kompleks tersebut bisa menjadi tangga yang memberikan pemahaman dasar bagi mahasiswa.

Berdasarkan gambar 4.33 teridentifikasi ada 1 mahasiswa dari total 48 mahasiswa yang berada pada katagori pemahaman *incomplete* menjadi mampu memahaminya secara utuh, *complete*, sehingga mahasiswa ini mampu mencapai level *complementation* (1%). Hampir 100% dari mahasiswa yang masuk katagori *incomplete* tidak mampu menaikkan level pemahamannya menjadi pemahaman yang utuh (*complete*). Hal ini menunjukkan bahwa hanya 1 mahasiswa saja yang mampu melakukan pengintegrasian pemahaman awal dengan informasi-informasi baru tentang struktur gen eukariot sehingga menjadi pemahaman yang utuh. Mahasiswa ini merepresentasikan bahwa struktur suatu gen eukariot terdiri

promoter, *start* kodon, ekson, intron, *stop* kodon, *poly-Adenilasi*. Pada awalnya elemen-elemen yang ada pada struktur gen eukariot tersebut dipahaminya secara sendiri-sendiri. Proses pembelajaran berbasis bioinformatika pada mahasiswa ini telah mampu menyatukan ide-ide konsep gen eukariot yang direpresentasikan secara terpisah-pisah menjadi satu kesatuan yang utuh.

Berdasarkan gambar 4.33 teridentifikasi ada 50 mahasiswa dari total 72 mahasiswa masuk pada level *static* (70%). Level ini menunjukkan tidak adanya perubahan yang dialami oleh mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika. Kondisi *static* ini berasal dari mahasiswa yang tadinya berada pada katagori *incorrect* dan *incomplete*. Proses pembelajaran berbasis bioinformatika ternyata tidak mampu mengubah pemahaman awal yang telah mereka yakini. Mereka tetap dengan pemahaman bahwa struktur gen eukariot terdiri dari elemen-elemen yang tidak lengkap. Secara umum representasi-representasi bioinformatika pada konsep struktur gen eukariot tidak memberikan peranannya dalam meningkatkan pemahaman mahasiswa ke arah yang lebih baik. Hal ini bisa terjadi bilamana mahasiswa tidak mampu memaknai representasi-representasi tersebut sebagai satu kesatuan yang utuh sesuai dengan peranannya sebagai multi representasi dari suatu konsep yang kompleks seperti yang diuraikan oleh Ainsworth (1999).

#### **4.3.12 Enzim Restriksi**

Untuk mengetahui perubahan pemahaman pada konsep enzim restriksi yang dialami oleh mahasiswa, maka dilakukan analisis perubahan representasi respon mahasiswa pada data *pre* dan *post-test*. Berikut adalah tabel hasil analisis perubahan persentase respon mahasiswa (n) sebelum dan setelah proses pembelajaran.

Tabel 4.13 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep enzim restriksi

Katagori	Pre (n)	%	Post (n)	%
<b>No response</b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun.	27	38	0	0
<b>Incorrect</b>				
a. Enzim restriksi merupakan enzim yang bisa memecah DNA.	8	11	0	0
b. Enzim restriksi merupakan enzim yang menyambungkan DNA.	3	4	1	1
<b>Incomplete</b>				
a. Enzim restriksi merupakan enzim yang dapat memotong molekul DNA.	22	31	2	3
b. Enzim restriksi merupakan enzim yang berperan dalam bioteknologi.	1	1	0	0
c. Enzim restriksi merupakan enzim yang berperan melindungi bakteri.	0	0	5	7
<b>Complete</b> Enzim restriksi berperan penting dalam perkembangan bioteknologi yang merupakan enzim yang dapat mengenali dan memotong molekul DNA pada sisi yang sangat spesifik.	11	15	64	89

Tabel 4.13 menginformasikan representasi mahasiswa sebelum dan setelah proses pembelajaran. Pada data *pre-test* teridentifikasi ada 38% mahasiswa yang belum mengetahui tentang konsep enzim restriksi sehingga mereka tidak memberikan gambaran apapun tentang konsep ini (*no response*). Teridentifikasi ada 15% mahasiswa yang mempunyai pemahaman alternatif tentang konsep enzim restriksi. Mereka merepresentasikan enzim restriksi sebagai enzim yang bisa memecah dan menyambungkan DNA. Sementara itu teridentifikasi ada 32% mahasiswa yang merepresentasikan enzim restriksi sebagai enzim yang dapat memotong molekul DNA, enzim yang berperan dalam bioteknologi dan enzim yang berperan melindungi bakteri. Representasi itu secara term tidak salah namun masih direpresentasikan secara terpisah-pisah sehingga mereka masuk katagori *incomplete* atau pemahaman parsial. Teridentifikasi ada 15% mahasiswa yang

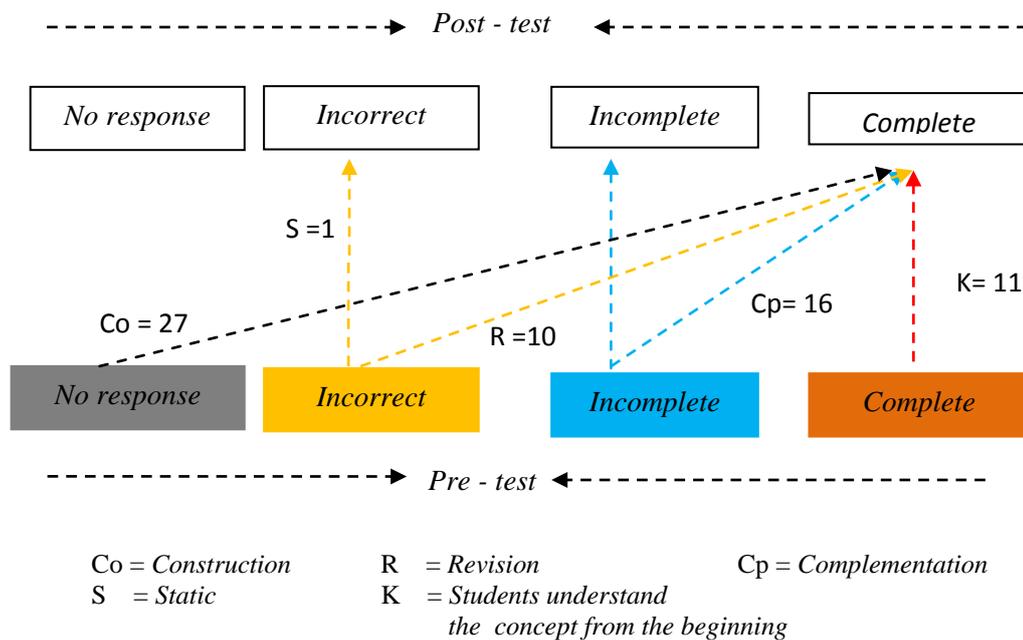
representasinya masuk katagori utuh (*complete*), karena mereka mampu merangkaikan pemahaman-pemahaman parsialnya menjadi pemahaman yang utuh bahwa enzim restriksi merupakan salah satu enzim yang berperan penting dalam perkembangan bioteknologi yang merupakan enzim yang dapat mengenali dan memotong molekul DNA pada sisi yang sangat spesifik.

Setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika diketahui persentase beberapa katagori berubah jumlahnya. Hal ini menunjukkan bahwa telah terjadi perubahan representasi mahasiswa pada konsep enzim restriksi. Tidak teridentifikasi lagi mahasiswa yang tidak mempunyai gambaran pada konsep enzim restriksi. Hal ini berarti 38% mahasiswa yang tadinya berada di katagori *no response* telah merubah representasinya, bisa menjadi *incorrect*, *incomplete* maupun *complete*. Teridentifikasi ada 1% mahasiswa yang masih memahami konsep enzim restriksi sebagai ensim yang menyambungkan DNA sehingga mahasiswa ini masih berada pada katagori *incorrect*. Empat belas persen mahasiswa lainnya telah merubah representasinya ke arah yang lebih baik, bisa *incomplete* maupun *complete*. Teridentifikasi ada 10% mahasiswa yang masih memahami konsep enzim restriksi sebagai pemahaman parsial sementara 22% mahasiswa lainnya telah merubah representasinya menjadi pemahaman yang utuh.

Enzim restriksi berperan dalam melakukan berbagai rekayasa genetika. Konsep dasar yang menjelaskan bagaimana enzim ini bisa melakukan proses pemotongan molekul DNA merupakan konsep penting yang harus dipahami mahasiswa pada matakuliah bioteknologi ini. Sehingga pemahaman ini bisa menjadi landasan dalam memahami teknik-teknik maupun produk rekayasa genetika yang saat ini telah banyak dihasilkan. Konsep enzim restriksi tidak tercantum sebagai salah satu standar konten yang harus dipahami oleh siswa lulusan sekolah menengah atas, sehingga pemahaman konsep ini pada jenjang sarjana bisa jadi merupakan materi yang baru mereka peroleh.

Nilai yang tertera dalam *pre* dan *pos-test* pada tabel di atas masih merupakan nilai gabungan dari mahasiswa pada setiap katagori, sehingga dari nilai tersebut belum bisa menunjukkan spesifikasi mekanisme proses

pembelajaran yang dialami oleh setiap mahasiswa. Oleh karena itu perlu dilakukan analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa sebagai suatu proses *conceptual change*. Hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada konsep enzim restriksi disajikan pada gambar 4.34.



Gambar 4.34 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep enzim restriksi

Berdasarkan hasil analisis proses perubahan pemahaman tersebut diketahui bahwa proses pembelajaran telah mengubah representasi mahasiswa dengan sangat bervariasi. Pada awal pembelajaran diketahui ada 27 mahasiswa yang tadinya tidak mempunyai gambaran, *no response*, tentang konsep enzim restriksi. Teridentifikasi ada 21 mahasiswa yang mempunyai pemahaman yang berbeda dengan kaidah ilmiah, *incorrect*. Teridentifikasi ada 23 mahasiswa yang

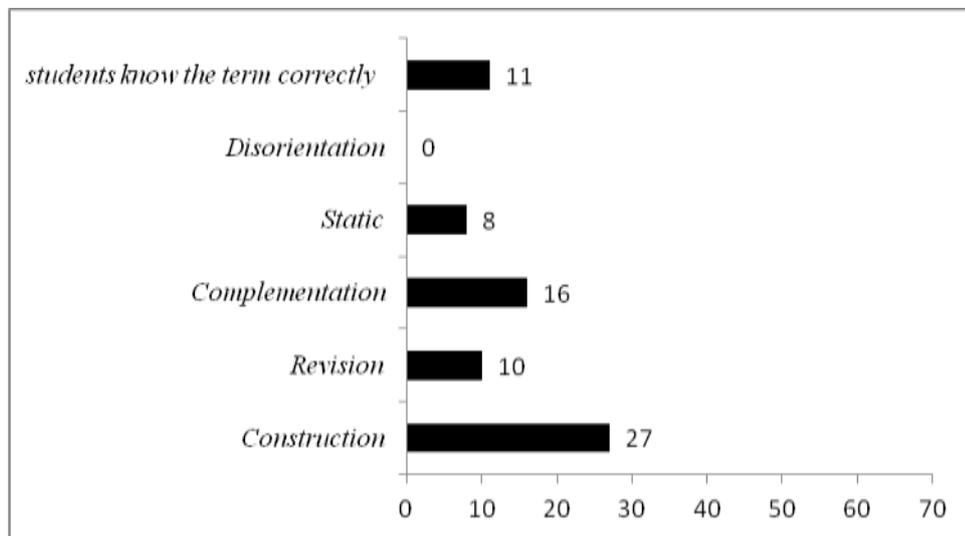
telah memahami konsep enzim restriksi secara benar walaupun masih bersifat parsial, *incomplete*. Pada penelitian ini juga ditemukan ada 11 mahasiswa yang telah memahami konsep enzim restriksi secara utuh, *complete*.

Proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu mengubah respon mahasiswa sehingga sebagian besar mahasiswa mampu mengubah posisi katagori responnya menjadi katagori respon yang lebih baik. Teridentifikasi 100% mahasiswa dari 27 mahasiswa yang tadinya masuk katagori *no response* menjadi masuk dalam katagori yang paling tinggi yaitu katagori *complete*. Teridentifikasi ada 99% mahasiswa dari 11 mahasiswa yang tadinya berada pada katagori *incorrect* berubah menjadi masuk dalam katagori *complete*, sementara 1% mahasiswa lainnya tetap berada pada katagori *incorrect*. Teridentifikasi ada 70% mahasiswa yang tadinya berada pada katagori *incomplete* mampu melakukan perubahan representasi ke arah yang lebih baik, sehingga mereka naik menjadi masuk dalam katagori *complete*, sementara 30% mahasiswa lainnya tetap berada pada katagori *incomplete*. Hasil penelitian ini juga menunjukkan adanya 11 mahasiswa dari total 72 mahasiswa yang terlibat dalam proses pembelajaran ini diketahui sudah memahami konsep enzim restriksi secara benar dari awal sampai akhir pembelajaran.

Proses perubahan pemahaman ke arah yang lebih baik ini menunjukkan bahwa representasi-representasi yang disajikan melalui program-program bioinformatika dapat memberikan informasi yang cukup jelas. Informasi-informasi itu pada akhirnya bisa membantu mahasiswa dalam mengayakan pemahamannya tentang konsep enzim restriksi. Pada penelitian ini konsep enzim restriksi direpresentasikan dengan berbagai pendekatan, mulai dari asal keberadaannya, fungsinya, strukturnya serta spesifikasi cara enzim melakukan pemotongan fragmen DNA. Semua representasi ini disajikan secara bergantian dengan representasi enzim restriksi lainnya yang saling mendukung satu sama lain. Mekanisme proses perubahan pemahaman yang dialami mahasiswa ini mengikuti representasi-representasi dari program bioinformatika. Pada penelitian ini dapat dikatakan proses *conceptual change* mahasiswa pada konsep enzim restriksi

merupakan konsep dengan jumlah perubahan pemahaman ke arah yang lebih baik paling tinggi dibandingkan konsep-konsep lainnya.

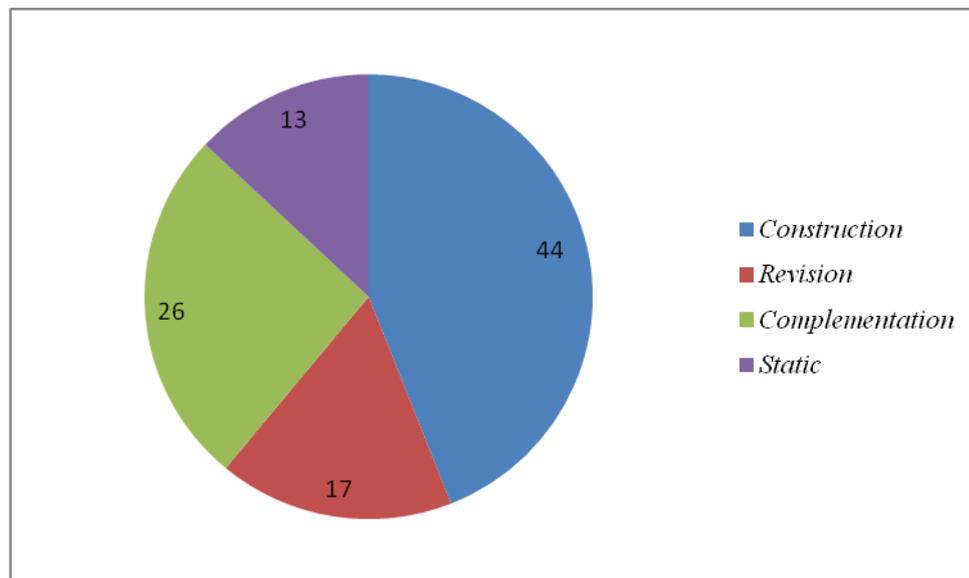
Data yang disajikan pada tabel 4.13 masih merupakan total penjumlahan yang diperoleh untuk masing-masing katagori respon. Berdasarkan data perubahan respon pada gambar 4.34, maka capaian level *conceptual change* dari setiap mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran dapat ditentukan secara sistematis. Pengelompokkan mahasiswa berdasarkan level *conceptual change* ini sangat penting dalam mengungkap mekanisme perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa. Adapun capaian level *conceptual change jumlah* mahasiswa pada konsep enzim restriksi dapat dilihat pada gambar 4.35.



Gambar 4.35 Grafik level *conceptual change* jumlah mahasiswa pada konsep enzim restriksi

Berdasarkan gambar hasil assessmen di atas diketahui bahwa sejak awal sampai akhir proses pembelajaran teridentifikasi ada 11 mahasiswa yang telah memahami konsep enzim restriksi secara benar. Oleh karena itu untuk proses analisis analisis level capaian perubahan pemahaman selanjutnya, kelompok mahasiswa ini tidak disertakan dalam proses analisis. Berikut adalah grafik persentase level capaian perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep ensim restriksi setelah dikurangi

oleh sekelompok mahasiswa yang sudah memahami konsep secara benar dan komprehensif dari awal sampai akhir perkuliahan.



Gambar 4.36 Grafik persentase level capaian *conceptual change* mahasiswa pada konsep enzim restriksi

Hasil assessmen di atas menunjukkan bahwa ada 44% (27 dari 61 mahasiswa) telah mampu mencapai level *construction*. Level ini hanya dapat dicapai oleh mahasiswa-mahasiswa yang awalnya berada pada katagori *no response* kemudian melalui proses pembelajaran berbasis bioinformatika mereka dapat mengubah pemahamannya sehingga mereka mencapai level pemahaman yang paling tinggi, *complete*. Hasil penelitian yang hampir sama juga dilakukan oleh Franke *et al.*, (2013), bahwa sebagian besar mahasiswa tidak mempunyai konsepsi tentang enzim restriksi. Penemuan dari penelitian ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika dapat memberikan informasi-informasi yang jelas yang diperlukan bagi mahasiswa dalam membangun pengetahuan barunya. Hasil penelitian ini juga menunjukkan bahwa suatu konsep

yang direpresentasikan melalui banyak jenis representasi akan sangat mudah dipahami oleh mahasiswa sekalipun konsep itu merupakan konsep yang baru dan kompleks.

Teridentifikasi ada 17% (10 mahasiswa dari 11 mahasiswa) yang awalnya mempunyai pemahaman alternatif pada konsep enzim restriksi kemudian dapat mencapai level *revision*. Hal ini mengindikasikan bahwa informasi-informasi yang disajikan melalui program bioinformatika cukup jelas bagi mahasiswa untuk melakukan koreksi terhadap pemahaman yang keliru yang selama ini mereka yakini. Hasil ini juga sejalan dengan fungsi representasi multipel (MERs) yang diusung oleh Ainsworth tahun 1999 tentang taksonomi fungsi dari MERs salah satunya adalah sebagai alat bantu bagi mahasiswa dalam melakukan perbaikan terhadap pemahaman suatu konsep.

Data analisis proses perubahan pemahaman menunjukkan bahwa telah terjadi perubahan terhadap 16 mahasiswa dari 23 (26%) mahasiswa yang tadinya mempunyai pemahaman parsial pada konsep enzim restriksi menjadi konsep yang utuh, *complementation*. Pada pemahaman utuh ini, mahasiswa sudah bisa menghubungkan antara peranan enzim dalam bioteknologi serta cara kerjanya dari sisi molekuler. Uraian representasi konsep enzim restriksi pada program bioinformatika bagi kelompok ini sudah cukup jelas untuk mengisi *gap-gap* pengetahuan yang selama ini mereka tidak ketahui. Selama ini mereka hanya meyakini bahwa enzim restriksi berasal dari bakteri sebagai perlindungan dari organisme asing atau enzim restriksi berperan dalam bidang bioteknologi atau enzim restriksi bekerja dengan cara ‘*memotong*’ molekul DNA. Kata *memotong* ini memerlukan penjelasan yang lebih detil dari sisi molekuler. Melalui penggunaan program bioinformatika *online web-site* [www.restrictionmapper.org](http://www.restrictionmapper.org) dan *off-line* snapGene 1.3 dan menggunakan salah satu contoh sekuen gen yang ada dalam buku latihan mahasiswa, cara kerja enzim restriksi ini dapat dijelaskan dengan sangat mendetil. Menurut Ainsworth (1999) representasi-representasi dari suatu konsep harus dapat saling mendukung satu sama lain, sehingga ada

representasi yang dapat menjelaskan dari berbagai sisi baik fungsi, asal maupun cara kerjanya.

Berdasarkan hasil assessmen di atas juga menunjukkan bahwa terdapat 8% (8 mahasiswa dari 61) yang tidak dapat melakukan perubahan terhadap pemahamannya sehingga kelompok mahasiswa ini berada pada level *static*. Kelompok mahasiswa ini berasal dari mahasiswa-mahasiswa yang tadinya mempunyai pemahaman alternatif (1 orang) dan mahasiswa-mahasiswa yang tadinya mempunyai pemahaman parsial (7 orang). Bagi kelompok mahasiswa ini, representasi-representasi yang disajikan melalui program bioinformatika *off-line* dan *online* tidak memberikan informasi tambahan yang dapat merubah ataupun meningkatkan pemahamannya. Sehingga mereka tetap memahaminya secara keliru, *incorrect*, dan secara parsial, *incomplete*. Bila mengamati pada kelompok mahasiswa yang mencapai level *complementation*, maka hal ini menunjukkan bahwa walaupun mereka awalnya mempunyai pemahaman awal yang sama namun tidak akan menjamin bahwa mereka akan mencapai level pengetahuan yang sama pula. Hal ini karena proses internalisasi pengetahuan bersifat individual. Menurut Mayer & Moreno (2002) perubahan pemahaman merupakan proses representasi kognitif yang berlangsung pada setiap individu.

#### **4.3.13 Primer**

Untuk mengetahui perubahan pemahaman pada konsep *primer* yang dialami oleh mahasiswa, maka dilakukan analisis perubahan representasi respon mahasiswa pada data *pre* dan *post-test*. Berikut adalah tabel hasil analisis perubahan persentase respon mahasiswa (n) sebelum dan setelah proses pembelajaran.

Tabel 4.15 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep *primer*

Katagori	Pre (n)	%	Post (n)	%
<b>No response</b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun	11	15	1	2
<b>Incorrect</b> <i>Primer</i> merupakan molekul DNA yang akan dipotong	1	2	0	0
<b>Incomplete</b>				
a. <i>Primer</i> merupakan untaian tunggal molekul DNA pendek	29	40	8	11
b. <i>Primer</i> merupakan fragmen DNA yang bisa menempel pada 2 benang DNA pada proses PCR.	1	2	2	2
c. <i>Primer</i> merupakan komponen penting pada proses PCR.	17	23	8	11
<b>Complete</b> <i>Primer</i> adalah untaian tunggal molekul DNA pendek dan merupakan salah satu komponen penting pada proses PCR yang akan akan menandai bagian DNA yang akan diamplifikasi.	13	18	53	74

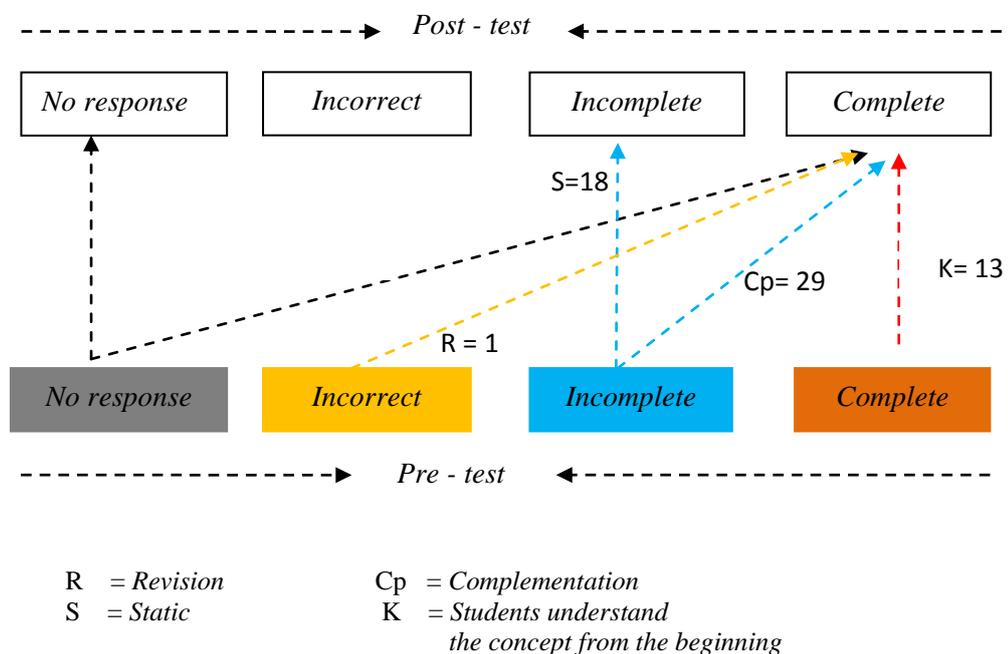
Tabel 4.15 menunjukkan bahwa representasi mahasiswa pada konsep *primer* cukup bervariasi baik pada data *pre* maupun *post-test*. Data *pre-test* menunjukkan representasi mahasiswa berada pada semua katagori mulai dari *no response* sampai *complete*. Teridentifikasi ada 15% mahasiswa yang tidak mempunyai pemahaman pada konsep *primer* sehingga mereka tidak menuliskan apapun pada data *pre-test* (*no response*). Teridentifikasi ada 1% mahasiswa yang mempunyai pemahaman alternatif pada konsep *primer* (*incorrect*). Sementara itu teridentifikasi ada 65% mahasiswa yang mempunyai pemahaman parsial pada konsep *primer* (*incomplete*). Mereka merepresentasikan konsep *primer* sebagai untaian tunggal molekul DNA pendek, fragmen DNA yang bisa menempel pada 2 benang DNA pada proses PCR dan komponen penting pada proses PCR. Teridentifikasi ada 18% mahasiswa yang sudah memahami konsep *primer* secara komprehensif (*complete*). Kelompok ini merepresentasikan *primer* sebagai

untaian tunggal molekul DNA pendek dan sebagai salah satu komponen penting pada proses PCR yang akan akan menandai bagian DNA yang akan diamplifikasi.

Rerepresentasi pemahaman mahasiswa pada konsep *primer* menunjukkan adanya perubahan jumlah pada setiap katagori yang disajikan pada tabel 4.15. Teridentifikasi masih ada 1 mahasiswa yang tidak dapat merepresentasikan konsep *primer*. Tidak teridentifikasi lagi mahasiswa yang mempunyai rerepresentasi alternatif pada konsep *primer*. Teridentifikasi masih ada 25% mahasiswa yang mererepresentasikan konsep *primer* dengan pemahaman yang tidak utuh/parsial. Sementara itu jumlah respon yang masuk katagori *complete* mengalami peningkatan sebesar 56%. Sebagian besar mahasiswa mampu merubah pemahamannya ke arah pemahaman yang lebih baik.

Pada jenjang pendidikan sarjana, konsep primer merupakan materi baru bagi mahasiswa, mengingat pada saat mereka berada di jenjang sebelumnya yaitu sekolah menengah atas, materi ini belum pernah diberikan. Namun demikian pada materi sebelumnya pada penelitian ini yaitu ketika membahas proses transkripsi, materi primer telah disinggung peranannya dalam melakukan proses inisiasi transkripsi. Enzim *polymerase* yang berperan untuk melakukan sintesis benang RNA tidak mampu melakukan inisiasi sintesis, enzim ini hanya mampu menambahkan nukleotida ke ujung nukleotida yang sudah ada. Rantai awal inisiasi ini bisa dihasilkan selama proses transkripsi dengan adanya bantuan enzim *primase* yang akan menambahkan primer sepanjang 5 – 10 basa. Untaian primer akan menambahkan basa RNA dengan menggunakan DNA sebagai cetaknya (Campbell *et al.*, 2009). Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran pada materi transkripsi ini telah menjadi landasan berpikir bagi mahasiswa dalam memahami konsep *primer* yang dikaitkan dengan proses PCR. Hal ini teridentifikasi dengan adanya 15% mahasiswa atau 11 dari 72 total mahasiswa yang terlibat dalam proses pembelajaran telah mampu memberikan rerepresentasi konsep *primer* secara benar yang dihubungkannya dengan proses PCR.

Nilai yang tertera dalam *pre* dan *post-test* pada tabel 4.15 masih merupakan nilai gabungan dari mahasiswa pada setiap katagori, sehingga dari nilai tersebut belum bisa menunjukkan spesifikasi mekanisme proses pembelajaran yang dialami oleh setiap mahasiswa. Oleh karena itu perlu dilakukan analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa sebagai suatu proses *conceptual change*. Hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada konsep *primer* disajikan pada gambar 4.37.



Gambar 4.37 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep *primer*

Hasil analisis perubahan pemahaman tersebut memberikan informasi yang jelas sebagai hasil penelitian ini pada mekanisme proses perubahan pemahaman konsep *primer* yang dialami oleh setiap mahasiswa. Pada *pre-test* teridentifikasi ada 11 mahasiswa yang berada pada katagori *no response* dan setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika terjadi perubahan, ada 1 mahasiswa yang

tetap berada di katagori *no response* sementara 10 mahasiswa lainnya berubah ke arah pemahaman yang paling tinggi yaitu *complete*. Teridentifikasi ada 1 mahasiswa yang masuk katagori *incorrect* dan setelah proses pembelajaran mahasiswa ini mampu merubah pemahamannya menjadi pemahaman yang utuh (*complete*). Sementara itu teridentifikasi ada 47 mahasiswa yang tadinya memahami konsep *primer* secara parsial namun setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika, pemahaman mereka menjadi lebih baik sehingga mempengaruhi posisi jumlah mahasiswa dalam katagori *complete*. Dua puluh sembilan mahasiswa dari kelompok ini mengalami perubahan respon ke arah pemahaman konsep *primer* yang utuh sedangkan 18 mahasiswa lainnya masih tetap memahami konsep *primer* secara parsial sehingga berada pada katagori *incomplete*.

Proses perubahan pemahaman konsep *primer* ke arah pemahaman yang lebih baik ini menunjukkan bahwa representasi-representasi yang disajikan melalui program-program bioinformatika dapat memberikan informasi yang cukup jelas. Informasi-informasi itu pada akhirnya bisa membantu mahasiswa dalam mengayakan pemahamannya pada konsep *primer*. Pada penelitian ini konsep *primer* direpresentasikan dengan berbagai pendekatan, mulai dari cara merancangnya, melakukan identifikasi karakter sepasang primer dan melakukan simulasi peranannya pada proses PCR. Semua representasi ini disajikan secara bergantian dengan representasi lainnya yang saling mendukung satu sama lain. Mekanisme proses perubahan pemahaman yang dialami mahasiswa ini mengikuti representasi-representasi dari program bioinformatika. Sekalipun materi *primer* ini termasuk materi baru bagi mahasiswa namun pada penelitian ini proses *conceptual change* yang dialami mahasiswa sangat menggembirakan dengan banyaknya arah perubahan pemahaman ke pemahaman yang lebih baik dari sebelumnya. Penelitian yang sama juga dilakukan oleh Robertson & Phillips (2008) yang mengarahkan mahasiswa untuk merancang sepasang *primer* dengan berbasis bioinformatika dan dilanjutkan dengan melakukan PCR secara *wet lab*.

Hasil penelitiannya menunjukkan bahwa proses belajar seperti ini dapat mengurangi miskonsepsi mahasiswa pada proses replikasi DNA.

Pada penelitian ini, data yang disajikan pada tabel 4.15 masih merupakan total penjumlahan yang diperoleh untuk masing-masing katagori respon. Berdasarkan data perubahan respon pada gambar 4.37, maka capaian level *conceptual change* dari setiap mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran dapat ditentukan secara sistematis. Pengelompokkan mahasiswa berdasarkan level *conceptual change* ini sangat penting dalam mengungkap mekanisme perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa. Adapun capaian level *conceptual change* jumlah mahasiswa pada konsep primer dapat dilihat pada grafik di bawah ini.

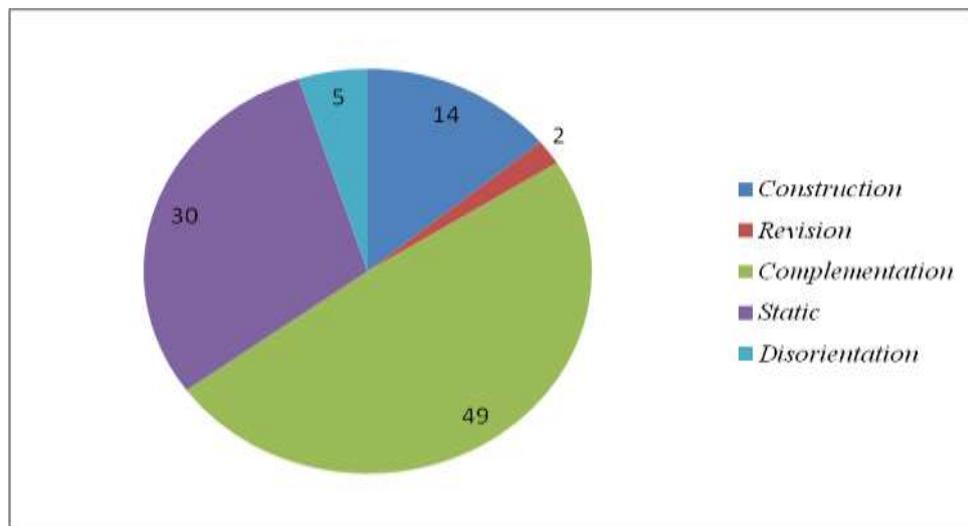


Gambar 4.38 Grafik level *conceptual change* jumlah mahasiswa pada konsep *primer*

Berdasarkan gambar hasil assessmen di atas diketahui bahwa sejak awal sampai akhir proses pembelajaran teridentifikasi ada 13 mahasiswa atau 18% dari total mahasiswa yang terlibat dalam penelitian ini telah memahami konsep *primer*

secara benar dan komprehensif. Oleh karena itu untuk proses analisis analisis level capaian perubahan pemahaman selanjutnya, kelompok mahasiswa ini tidak disertakan dalam proses analisis.

Berikut adalah grafik persentase level capaian perubahan pemahaman konsep *primer* setelah dikurangi oleh sekelompok mahasiswa yang sudah memahami konsep secara benar dan komprehensif.



Gambar 4.39 Grafik persentase level capaian *conceptual change* mahasiswa pada konsep *primer*

Grafik di atas menunjukkan bahwa proses pembelajaran telah memberikan capaian perubahan pemahaman yang bervariasi pada mahasiswa. Berdasarkan grafik level capaian *conceptual change* di atas diketahui bahwa ada 14% (12 mahasiswai dari 59) yang telah mengalami proses konstruksi pemahamannya sehingga mereka bisa mencapai level *construction*. Kelompok ini awalnya berada pada katagori *no response* dan proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu memberikan informasi-informasi yang cukup bisa dipahami oleh mereka sehingga mereka pada akhirnya bisa membangun pemahaman pada konsep *primer* ini secara utuh. Data *post-test* menunjukkan bahwa kelompok ini mampu membangun pengetahuan tentang konsep *primer* sebagai untaian tunggal molekul

DNA pendek dan merupakan salah satu komponen penting pada proses PCR yang akan menandai bagian DNA yang akan diamplifikasi. Informasi molekul DNA pendek dan komponen penting pada proses PCR ini diperoleh kelompok mahasiswa ini melalui representasi-representasi bioinformatika pada konsep *primer*. Konsep *primer* merupakan bagian penting dari proses PCR, sehingga dalam menyampaikan konsep ini juga dilakukan visualisasi proses PCR. Banyaknya representasi yang bisa menjelaskan konsep *primer* ini terbukti sangat membantu mahasiswa dalam membangun pengetahuannya. Lappi (2013) menegaskan bahwa proses *conceptual change* terjadi bilamana mahasiswa yang tadinya tidak mengetahui suatu konsep namun setelah proses pembelajaran menjadi paham konsep tersebut.

Berdasarkan grafik capaian level *conceptual change* di atas teridentifikasi ada 49% (29 mahasiswa dari 59) yang dapat mencapai level *complementation*. Kelompok mahasiswa ini merupakan kelompok yang awalnya masuk dalam katagori pemahaman tidak utuh, *incomplete*. Setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika mereka dapat mengintegrasikan pemahaman awal yang ada dengan informasi-informasi lain yang bersumber dari representasi bioinformatika sehingga bisa menjadi pemahaman yang utuh, *complete*. Awalnya mereka memahami konsep *primer* dengan pemahaman yang terpotong-potong seperti: *primer* merupakan untai tunggal molekul DNA pendek, *primer* merupakan fragmen DNA yang bisa menempel pada 2 benang DNA pada proses PCR dan *primer* merupakan komponen penting pada proses PCR. Setelah melalui proses pembelajaran berbasis bioinformatika, maka sebagian dari mahasiswa yang memahami secara parsial ini kemudian mampu meramu pemahamannya menjadi pemahaman yang utuh. Representasi-representasi bioinformatika pada konsep ini mampu memberikan peranannya sebagai representasi multipel yang dapat membantu mahasiswa dalam melengkapi pemahamannya (Ainsworth, 1999).

Teridentifikasi ada 30% (13 mahasiswa dari 59) yang tidak mampu mengalami perubahan pemahaman, walaupun mereka sudah mengalami proses pembelajaran untuk konsep *primer* ini sehingga mereka berada pada level *static*.

Kelompok mahasiswa ini berasal dari mereka yang tadinya masuk ke dalam katagori *incomplete* dan tetap dalam keadaan *incomplete* sebagai hasil akhir pembelajarannya. Bagi kelompok ini, informasi-informasi yang disajikan melalui program bioinformatika belum cukup untuk memberikan tambahan pengetahuan baru seperti yang ditegaskan oleh Ainsworth tahun 1999 tentang peranan MERs dalam melengkapi pemahaman mahasiswa pada suatu konsep.

Hasil penelitian pada konsep *primer* ini juga menunjukkan adanya 5% (3 mahasiswa dari 59) yang mengalami kemunduran dalam memahaminya sehingga masuk level *disorientation*. Kemunduran ini terjadi karena pemahaman mereka berubah ke arah pemahaman yang lebih buruk dari pemahaman awalnya. Hasil ini dapat dijelaskan dengan kemungkinan adanya '*slip attention affect*' yang terjadi pada kelompok mahasiswa ini (Gentner, 2002). Peristiwa ini terjadi sebagai akibat dari pembelajaran-pembelajaran yang menggunakan media komputer, karena biasanya materi pembelajaran disampaikan dengan menampilkan bagian-bagian dari materi per bagian-bagian untuk dipahami mahasiswa. Bagian-bagian materi ini ditampilkan secara sendiri-sendiri sehingga mahasiswa pada kelompok ini tidak mampu menyimpan materi yang sudah ditampilkannya dalam memorinya.

#### 4.3.14 *Polymerase Chain Reaction (PCR)*

Untuk mengetahui perubahan pemahaman pada konsep PCR yang dialami oleh mahasiswa, maka dilakukan analisis perubahan representasi respon mahasiswa pada data *pre* dan *post-test*. Berikut adalah tabel hasil analisis perubahan persentase respon mahasiswa (n) sebelum dan setelah proses pembelajaran.

Tabel 4.16 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep PCR

Kategori	Pre (n)	%	Post (n)	%
<b>No response</b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun	9	13	0	0
<b>Incorrect</b> PCR merupakan proses amplifikasi molekul DNA yang berlangsung secara non <i>artificial</i>	1	1	0	0
<b>Incomplete</b> PCR merupakan proses amplifikasi/perbanyak molekul DNA	19	26	7	10
<b>Complete</b> PCR merupakan proses amplifikasi/perbanyak molekul DNA yang berlangsung secara <i>artificial</i>	43	60	65	90

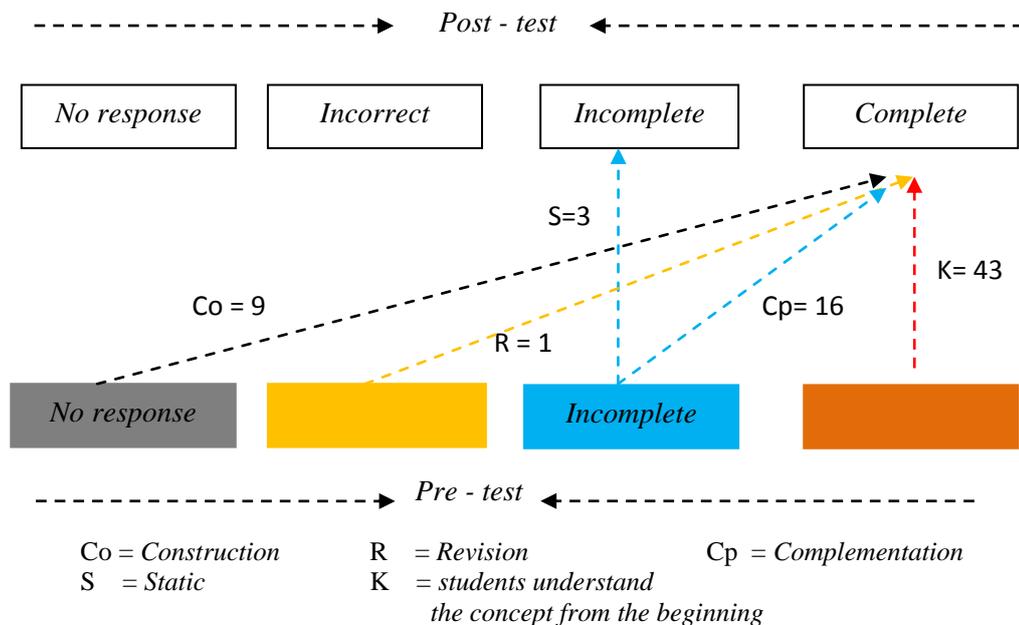
Tabel 4.16 menunjukkan adanya variasi representasi konsep PCR pada mahasiswa baik pada pre maupun *post-test*. Representasi awal mahasiswa tentang konsep PCR sebagian besar atau sekitar 60% sudah memahaminya secara benar (*complete*), yaitu PCR merupakan proses amplifikasi/perbanyak molekul DNA yang berlangsung secara *artificial*. Teridentifikasi ada 26% mahasiswa yang memahaminya secara parsial (*incomplete*), PCR merupakan proses amplifikasi/perbanyak molekul DNA. Teridentifikasi ada 1% mahasiswa yang merepresentasikannya secara berbeda dengan kaidah ilmiah (*incorrect*), merupakan proses amplifikasi molekul DNA yang berlangsung secara *non artificial*. Sementara itu teridentifikasi ada 13% mahasiswa yang tidak mempunyai gambaran apapun tentang konsep PCR (*no response*).

Rerepresentasi mahasiswa pada konsep PCR selanjutnya mengalami perubahan ke arah yang lebih baik. Hal ini ditunjukkan dengan jumlah mahasiswa yang dapat merepresentasikan konsep PCR secara utuh, naik dari 60% menjadi 90% dan yang merepresentasikan secara parsial menurun dari 26% menjadi 10%. Sementara itu tidak ditemukan lagi mahasiswa yang tidak mempunyai rerepresentasi maupun rerepresentasi yang salah.

Perubahan representasi di atas sangat menarik karena seperti diketahui bahwa konsep PCR merupakan materi baru bagi mahasiswa, karena seperti diketahui bahwa materi PCR tidak termasuk dalam bidang biologi pada jenjang sekolah menengah atas. PCR merupakan salah satu teknik molekular yang umumnya diajarkan pada perkuliahan biologi di jenjang sarjana dengan cara melakukan demonstrasi bagaimana hipotesis ilmiah diuji dan untuk membantu memahami literatur primer ilmiah. Pada umumnya konsep PCR disampaikan kepada siswa sebagai salah satu materi dalam praktikum berbasis biologi molekular. Robertson & Phillips (2008) telah melakukan studi pemahaman konsep PCR pada mahasiswa dengan dimulai dari merancang *primer* berbasis bioinformatika, melakukan PCR secara *wet lab* dan menganalisis kesesuaian hasil rancangan PCR dengan hasil PCR. Mereka juga ditantang untuk mengeksplorasi proses replikasi DNA melalui PCR menggunakan animasi *online* PCR. Hasil

penelitiannya menunjukkan bahwa cara ini dapat mengurangi miskonsepsi mahasiswa pada konsep replikasi DNA.

Pada penelitian ini, nilai yang tertera dalam *pre* dan *post-test* pada tabel 4.16 masih merupakan nilai gabungan dari mahasiswa pada setiap katagori, sehingga dari nilai tersebut belum bisa menunjukkan spesifikasi mekanisme proses pembelajaran yang dialami oleh setiap mahasiswa. Oleh karena itu perlu dilakukan analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa sebagai suatu proses *conceptual change*. Berikut adalah hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada konsep PCR (gambar 4.40).



Gambar 4.40 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep PCR

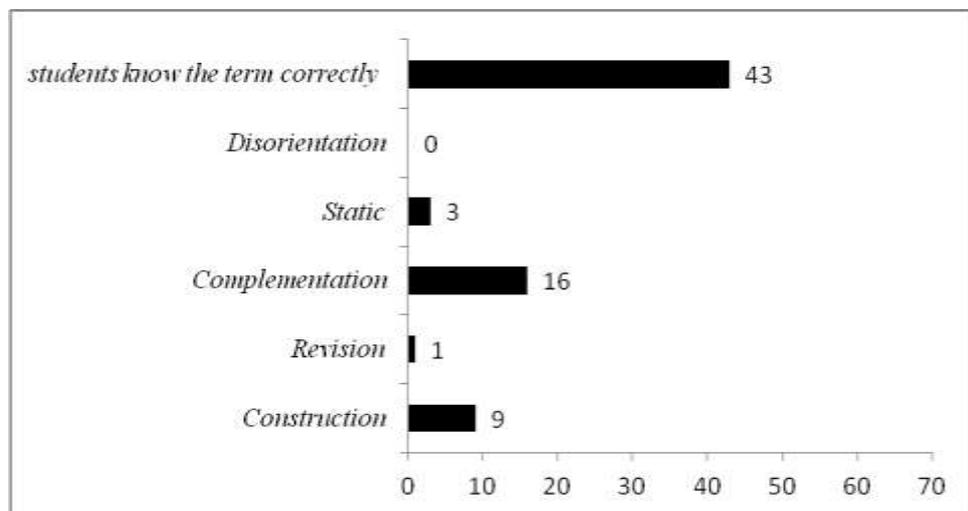
Hasil analisis perubahan pemahaman tersebut dapat memberikan informasi yang jelas mekanisme proses perubahan pemahaman konsep PCR yang dialami oleh setiap mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran berbasis

bioinformatika. Pada *pre-test* teridentifikasi ada 9 mahasiswa yang berada pada katagori *no response* dan setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika terjadi perubahan dimana 100% dari jumlah mahasiswa tersebut mampu berubah ke arah pemahaman yang paling tinggi yaitu *complete*. Kelompok mahasiswa ini mampu memberikan definisi PCR secara jelas yang dikaitkan dengan proses replikasi secara artifisial. Teridentifikasi ada 1 mahasiswa yang masuk katagori *incorrect* yang memahami proses PCR sebagai replikasi DNA secara *non artificial* dan setelah proses pembelajaran mahasiswa ini mampu melakukan koreksi *non artificial* menjadi *artificial* sehingga menjadi pemahaman yang utuh. Sementara itu teridentifikasi ada 19 mahasiswa yang tadinya memahami konsep PCR secara parsial namun setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika, pemahaman mereka menjadi lebih baik sehingga mempengaruhi posisi jumlah mahasiswa dalam katagori *complete*. Enam belas mahasiswa dari kelompok ini mengalami perubahan respon ke arah pemahaman konsep PCR yang utuh sedangkan 3 mahasiswa lainnya masih tetap memahami konsep PCR secara parsial sehingga berada pada katagori *incomplete*.

Proses perubahan pemahaman konsep PCR ke arah pemahaman yang lebih baik ini menunjukkan bahwa representasi-representasi yang disajikan melalui program-program bioinformatika dapat memberikan informasi yang cukup jelas. Informas-informasi itu pada akhirnya bisa membantu mahasiswa dalam mengayakan pemahamannya pada konsep PCR. Pada penelitian ini konsep PCR direpresentasikan dengan berbagai pendekatan, mulai dari cara merancang sepasang *primer*, melakukan identifikasi karakter sepasang *primer* dan melakukan simulasi peranannya pada proses PCR. Semua representasi ini disajikan secara bergantian dengan representasi lainnya yang saling mendukung satu sama lain. Mekanisme proses perubahan pemahaman yang dialami mahasiswa ini mengikuti representasi-representasi dari program bioinformatika. Sekalipun materi PCR ini termasuk materi baru bagi mahasiswa namun pada penelitian ini proses *conceptual change* yang dialami mahasiswa sangat menggembarakan dengan banyaknya arah perubahan pemahaman ke pemahaman yang lebih baik dari

pemahaman sebelumnya. Hasil studi Robertson & Phillips (2008) dalam mengayakan pemahaman mahasiswa pada konsep PCR juga dilakukan dengan memulainya mengarahkan mahasiswa untuk merancang sepasang *primer* dengan berbasis bioinformatika dan dilanjutkan dengan melakukan PCR secara *wet lab*.

Data yang disajikan pada tabel 4.16 masih merupakan total penjumlahan yang diperoleh untuk masing-masing katagori respon. Berdasarkan data perubahan respon pada gambar tersebut, maka capaian level *conceptual change* dari setiap mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran dapat ditentukan secara sistematis. Pengelompokkan mahasiswa berdasarkan level *conceptual change* ini sangat penting dalam mengungkap mekanisme perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa. Adapun capaian level *conceptual change* jumlah mahasiswa pada konsep PCR dapat dilihat pada grafik di bawah ini (gambar 4.41).

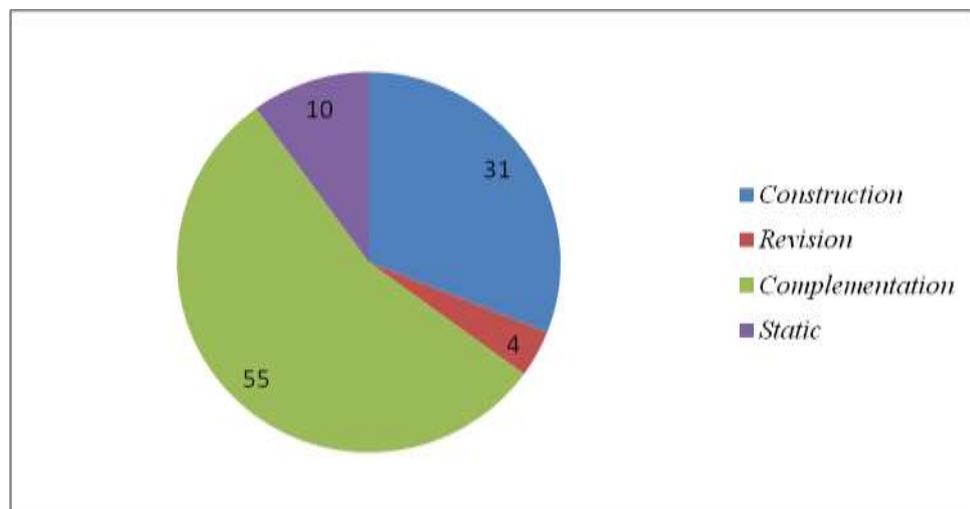


Gambar 4.41 Grafik level *conceptual change* jumlah mahasiswa pada konsep PCR

Berdasarkan gambar hasil assessmen di atas diketahui bahwa sejak awal sampai akhir proses pembelajaran teridentifikasi ada 43 mahasiswa atau 60% mahasiswa

yang telah memahami konsep PCR secara benar dan komprehensif. Oleh karena itu untuk proses analisis analisis level capaian perubahan pemahaman selanjutnya, kelompok mahasiswa ini tidak disertakan dalam proses analisis.

Berikut adalah grafik level capaian perubahan pemahaman konsep PCR setelah dikurangi oleh sekelompok mahasiswa yang sudah memahami konsep secara benar dan komprehensif dari awal sampai akhir perkuliahan (gambar 4.42).



Gambar 4.42 Grafik persentase capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep PCR

Proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan perubahan pemahaman yang bervariasi pada mahasiswa dengan berbagai level capaian. Teridentifikasi ada 31% (9 mahasiswa dari 29) mahasiswa mencapai level *construction* yang mengindikasikan bahwa proses pembelajaran telah memberikan informasi-informasi pengetahuan yang cukup berarti bagi mereka, sehingga mereka bisa membangun pengetahuan yang benar tentang konsep PCR. Secara sekilas konsep PCR telah disinggung pada saat pembelajaran konsep transkripsi DNA. Nampaknya bagi kelompok mahasiswa ini penjelasan tersebut

belum mampu mengaitkannya dengan konsep PCR, oleh karena itu mereka termasuk ke dalam katagori *no response*. Namun demikian proses pembelajaran konsep PCR berbasis bioinformatika telah mampu memberikan pemahaman baru yang benar serta utuh bagi kelompok mahasiswa ini. DNA *primer*, amplifikasi, produk PCR dan proses PCR merupakan term-term baru yang mampu direpresentasikan dengan baik oleh mahasiswa setelah melalui pembelajaran berbasis bioinformatika.

Teridentifikasi ada 4% (1 mahasiswa dari 29) yang mencapai level *revision* yang mengindikasikan bahwa informasi yang disajikan melalui program bioinformatika cukup jelas bagi mereka untuk melakukan koreksi terhadap pemahaman yang mereka yakini selama ini. Mahasiswa ini memahami proses PCR secara benar namun menyebutkan PCR sebagai proses *non artificial*, sehingga masuk ke dalam katagori *incorrect*. Informasi yang disajikan melalui bioinformatika telah mampu memberikan perbedaan antara *artificial* dan *non artificial* sehingga mahasiswa ini mampu melakukan koreksi terhadap pemahamannya. Hal ini menunjukkan bahwa pemahaman yang keliru bisa juga berasal dari ketidaktahuan mahasiswa terhadap arti dari suatu istilah.

Teridentifikasi ada 55% (19 mahasiswa dari 29) yang mengalami perubahan pemahaman ke arah yang lebih baik. Kelompok mahasiswa ini awalnya memahami konsep PCR dengan pemahaman parsial. Mereka mengetahui konsep PCR secara benar namun masih sebagian-sebagian dan belum mampu membuatnya menjadi pemahaman yang utuh. Pada kasus ini dengan mengacu pada taksonomi representasi multipel dari Ainstworth (1999) menunjukkan bahwa proses pembelajaran yang menggunakan banyak representasi pada suatu konsep harus mampu memberikan keterkaitan antara satu representasi dengan representasi lainnya sehingga melalui representasi-representasi yang ada tersebut mahasiswa jadi dapat memahami suatu konsep dengan utuh. Mekanisme proses perubahan pemahaman yang dialami mahasiswa menjadi salah satu karakteristik *conceptual change* (Lappi, 2013).

Teridentifikasi ada 10% (3 mahasiswa dari 29) masuk level *static*. Hal ini mengindikasikan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika tidak memberikan tambahan pengetahuan bagi mereka, sehingga mereka tetap meyakini pemahaman yang sama dengan pemahaman awalnya. Kelompok ini berasal dari mahasiswa yang memahami konsep PCR secara parsial. Informasi-informasi yang disajikan melalui bioinformatika tentang beberapa term seperti DNA *primer*, amplifikasi, produk PCR serta proses PCR belum mampu dipahami sebagai representasi-representasi yang saling berkaitan untuk memberikan pemahaman yang utuh bagi mahasiswa. Representasi multipel dari konsep PCR ini belum mampu dipahami dengan baik oleh kelompok mahasiswa ini (Ainsworth, 1999).

#### 4.3.15 Vektor Kloning

Untuk mengetahui perubahan pemahaman pada konsep vektor kloning yang dialami oleh mahasiswa, maka dilakukan analisis perubahan representasi respon mahasiswa pada data *pre* dan *post-test*. Berikut adalah tabel hasil analisis perubahan persentase respon mahasiswa (n) sebelum dan setelah proses pembelajaran.

Tabel 4.17 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep vektor kloning

Kategori	Pre (n)	%	Post (n)	%
<b>No response</b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun.	27	38	0	0
<b>Incorrect</b>				
a. Vektor kloning merupakan bisa mereplikasi sendiri.	12	17	28	39
b. Vektor kloning merupakan vektor yang membawa gen untuk sel inang.	1	1	3	4
c. Vektor kloning merupakan vektor alami	4	6	2	3
d. Vektor kloning merupakan plasmid yang tidak mempunyai kromosom.	4	6	0	0
<b>Incomplete</b>				
a. Vektor kloning merupakan media kloning.	14	20	4	6
b. Vektor kloning merupakan vektor	1	1	21	30

untuk memperbanyak gen target. c. Vektor kloning merupakan vektor untuk rekayasa genetik.	6	8	0	0
<b>Complete</b> Vektor kloning merupakan vektor buatan yang digunakan untuk memperbanyak gen target dalam sel inang pada proses rekayasa genetik.	2	3	13	18

Tabel 4.17 menunjukkan representasi konsep vektor kloning yang sangat bervariasi yang dipahami oleh mahasiswa, baik pada data *pre-test* maupun *post-test*. Representasi awal mahasiswa pada konsep vektor kloning tersebar pada keempat kategori yang ada pada penelitian ini yaitu *no response*, *incorrect*, *incomplete* dan *complete*. Teridentifikasi ada 38% masuk kategori *no response* yaitu mahasiswa yang tidak mempunyai representasi tentang vektor kloning. Teridentifikasi ada 30% mahasiswa yang mempunyai representasi yang tidak representatif tentang vektor kloning sehingga mereka masuk kategori *incorrect*. Teridentifikasi ada 29% mahasiswa yang merepresentasikan konsep vektor kloning secara parsial (*incomplete*) seperti vektor kloning merupakan media kloning, vektor kloning merupakan vektor untuk memperbanyak gen target dan vektor kloning merupakan vektor untuk rekayasa genetik. Teridentifikasi ada 3% mahasiswa yang telah memahami konsep vektor kloning secara benar (*complete*) dengan menyatakan bahwa vektor kloning merupakan vektor buatan yang digunakan untuk memperbanyak gen target dalam sel inang pada proses rekayasa genetik.

Setelah proses pembelajaran berbasis bionformatika, rerepresentasi mahasiswa pada konsep vektor kloning ini tidak mengalami perubahan yang cukup berarti pada berbagai kategori. Hasil analisis menunjukkan teridentifikasi tidak ditemukan lagi mahasiswa yang tidak memberikan rerepresentasi. Perubahan rerepresentasi ini masih belum jelas apakah kelompok ini berubah ke kategori *incorrect*, *incomplete* atau *complete*. Jumlah mahasiswa yang merepresentasikan

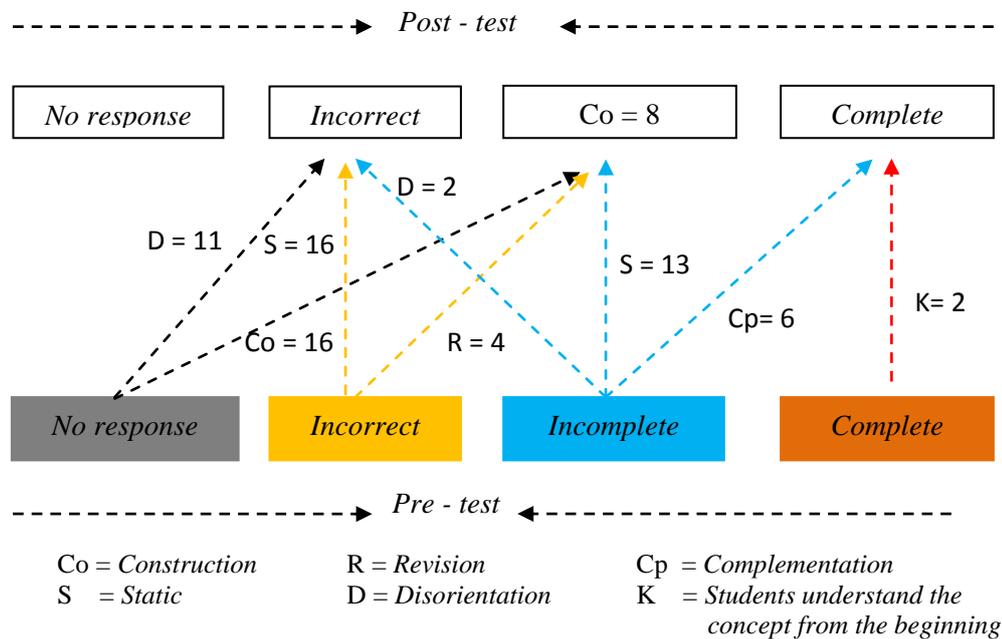
konsep vektor kloning secara *incorrect* pun mengalami peningkatan menjadi 46%, peningkatan jumlah inipun masih belum diketahui berasal dari mahasiswa pada katagori yang mana. Teridentifikasi juga peningkatan jumlah mahasiswa yang mererepresentasikan konsep vektor kloning secara parsial, yang awalnya 29% menjadi 36%. Tambahan 7% mahasiswa ini juga bisa berasal dari berbagai katagori yang ada. Sementara itu jumlah mahasiswa yang mererepresentasikan konsep vektor kloning secara benar juga mengalami peningkatan dari 3% menjadi 13%. Hal ini menunjukkan bahwa ada 10% mahasiswa yang telah mengalami perubahan pemahaman ke arah yang lebih baik.

Konsep vektor kloning merupakan materi baru bagi mahasiswa, karena baik semasa SMA maupun pada mata kuliah-mata kuliah sebelumnya materi ini belum pernah dipelajari oleh mereka. Oleh karena itu sebagian besar representasi mahasiswa pada konsep ini masuk ke dalam katagori *no response*, katagori yang menunjukkan ketidaktahuan mahasiswa terhadap pertanyaan yang diberikan. Sementara itu representasi terbesar kedua masuk ke dalam katagori *incorrect*. Hal ini menunjukkan bahwa kelompok mahasiswa ini hanya berusaha memberikan representasi tentang vektor kloning berdasarkan persepsi mereka saja sehingga representasinya masuk dalam katagori *incorrect*. Disisi lain, sekalipun materi ini merupakan konsep baru bagi mahasiswa jenjang S1 ini namun pada penelitian ini data *pre-test* menunjukkan bahwa hampir sepertiga dari mahasiswa yang terlibat dalam penelitian ini telah memahami vektor kloning walaupun pemahaman masih bersifat parsial.

Vektor kloning merupakan salah satu komponen penting dalam era DNA rekombinan yang digunakan sebagai media pembawa fragmen DNA pada proses kloning (Campbell *et al.*, 2009). Rerepresentasi yang benar pada konsep vektor kloning ini menjadi salah satu dasar bagi mahasiswa dalam memahami konsep DNA rekombinan. Pemahaman yang baik ini dapat menjadi bekal bagi mahasiswa untuk memahami aplikasi konsep yang lebih kompleks lagi seperti kloning.

Seperti diuraikan dalam bahasan di atas bahwa nilai-nilai yang tertera dalam *pre* dan *post-test* pada tabel di atas masih merupakan nilai gabungan dari

mahasiswa pada setiap katagori, sehingga dari nilai tersebut belum dapat menunjukkan spesifikasi mekanisme proses pembelajaran yang dialami oleh setiap mahasiswa. Oleh karena itu perlu dilakukan analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa sebagai suatu proses *conceptual change*. Hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada konsep vektor kloning disajikan pada gambar 4.43.



Gambar 4.43 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep vektor kloning

Hasil analisis perubahan pemahaman tersebut dapat memberikan informasi yang jelas terkait mekanisme proses perubahan pemahaman konsep vektor kloning yang dialami oleh setiap mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika. Pada *pre-test* teridentifikasi ada 27 mahasiswa yang berada pada kategori *no response* dan setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika terjadi perubahan dimana 11 mahasiswa dari jumlah mahasiswa tersebut berubah ke arah pemahaman yang keliru, *incorrect* dan 16 mahasiswa lainnya berubah ke arah pemahaman yang lebih baik, *incomplete*. Kelompok mahasiswa ini mampu memberikan definisi vektor kloning secara parsial bahwa vektor kloning sebagai salah satu komponen penting dalam rekayasa genetika. Sementara itu pada kategori *incorrect*, awalnya teridentifikasi ada 20 mahasiswa, namun setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika kelompok mahasiswa ini terpecah menjadi 2 bagian. Enambelas mahasiswa tetap

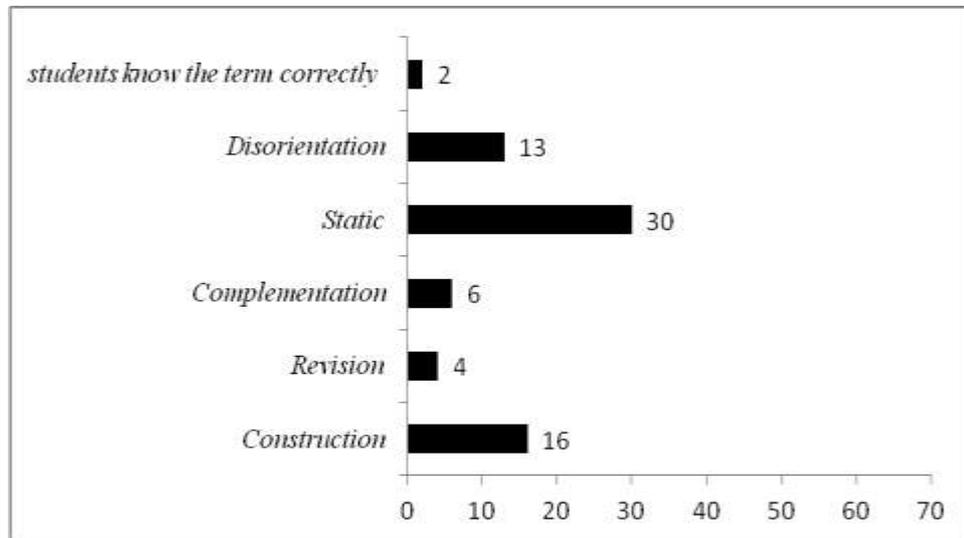
berada pada katagori *incorrect* dan sisanya mengalami perubahan pemahaman dengan cara melakukan koreksi terhadap pemahaman awalnya. Pada katagori *incomplete*, awalnya terdapat 21 mahasiswa yang memahami konsep vektor kloning secara parsial, namun setelah proses pembelajaran kelompok ini terpecah menjadi 3 kelompok, yaitu 2 mahasiswa mengalami perubahan ke arah yang lebih buruk, *incorrect*, 13 mahasiswa tetap berada pada katagori *incomplete* sehingga masuk level *static* dan 6 mahasiswa mengalami perubahan pemahaman ke arah yang lebih baik, *complete*.

Hasil analisis perubahan di atas menunjukkan proses perubahan lebih banyak mengarah ke arah kiri. Hal ini mengindikasikan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika tidak terlalu memberikan peranan dalam menyajikan konsep vektor kloning. Walaupun pada materi sebelumnya mahasiswa sudah mengalami pembelajaran genom bakteri dan plasmid sebagai ekstra kromosomal yang ada dalam sel bakteri, namun mereka belum mampu menghubungkan konsep plasmid dengan vektor kloning. Penemuan ini memberikan informasi bahwa sebagian besar mahasiswa masih kurang memahami konsep vektor kloning.

Data yang disajikan pada tabel 4.17 masih merupakan total penjumlahan yang diperoleh untuk masing-masing katagori respon. Berdasarkan data perubahan respon pada gambar 4.43, maka capaian level *conceptual change* dari setiap mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran dapat ditentukan secara sistematis. Pengelompokkan mahasiswa berdasarkan level *conceptual change* ini sangat penting dalam mengungkap mekanisme perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa. Adapun capaian level *conceptual change* jumlah mahasiswa pada konsep vektor kloning dapat dilihat pada grafik (gambar 4.44).

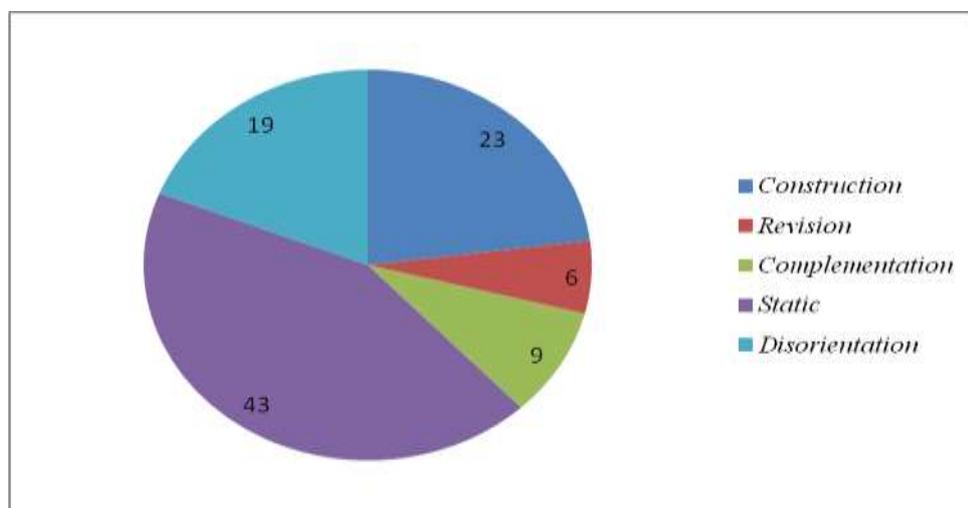
Berdasarkan gambar hasil assessmen di atas diketahui bahwa sejak awal sampai akhir proses pembelajaran teridentifikasi ada 2 mahasiswa atau 3% dari 71 mahasiswa yang terlibat dalam penelitian telah memahami konsep vektor kloning secara benar dan komprehensif. Oleh karena itu untuk proses analisis analisis

level capaian perubahan pemahaman selanjutnya, kelompok mahasiswa ini tidak disertakan dalam proses analisis.



Gambar 4.44 Grafik capaian level *conceptual change* jumlah mahasiswa pada konsep vektor kloning

Berikut adalah grafik persentase level capaian perubahan pemahaman konsep vektor kloning setelah dikurangi oleh sekelompok mahasiswa yang sudah memahami konsep secara benar dan komprehensif dari awal sampai akhir perkuliahan (gambar 4.45).



Gambar 4.45 Grafik persentase capaian level *conceptual change*

mahasiswa pada konsep vektor kloning

Grafik pada gambar 4.45 menunjukkan adanya variasi level perubahan pemahaman pada setiap mahasiswa. Teridentifikasi ada 28% (16 mahasiswa dari 69) yang mencapai level *construction*. Kelompok mahasiswa ini berasal dari mereka yang awalnya tidak mempunyai representasi pada konsep vektor kloning. Hal ini mengindikasikan bahwa informasi-informasi yang dilatihkan dalam program bioinformatika telah memberikan pengetahuan yang cukup jelas tentang konsep vektor kloning, sehingga mereka dapat mengkonstruksi pengetahuannya secara benar. Sub-topik vektor kloning sebagai bagian dari konsep besar DNA rekombinan direpresentasikan dengan program bioinformatika yang dapat menunjukkan keberadaan sisi-sisi restriksi untuk menyisipkan fragmen yang akan dimasukkan ke dalam vektor kloning. Informasi ini cukup bisa memberikan pemahaman yang baik bagi kelompok mahasiswa ini. Representasi yang baik harus dapat membangun pemahaman baru bagi mahasiswa (Ainsworth, 1999).

Teridentifikasi ada 6% (4 mahasiswa dari 69) yang mampu mencapai level *revision*. Kelompok ini berasal dari mahasiswa-mahasiswa yang tadinya memahami konsep vektor kloning secara berbeda dengan kaidah ilmiah. Hasil analisis proses perubahan pada gambar 4.43 menunjukkan bahwa kelompok ini mengalami perubahan ke arah pemahaman yang lebih baik walaupun masih bersifat parsial. Beberapa representasi bioinformatika pada konsep vektor kloning mampu berperan sebagai salah satu fungsi representasi multipel dari Ainsworth (1999).

Teridentifikasi ada 9% (6 mahasiswa dari 69) yang mampu mencapai level *complementation*. Kelompok ini berasal dari mahasiswa-mahasiswa yang tadinya memahami konsep vektor kloning secara parsial kemudian mampu mengintegrasikan pemahaman awalnya dengan informasi-informasi baru dari proses pembelajaran berbasis bioinformatika sehingga menjadi pemahaman yang benar dan utuh, *complete*. Representasi yang baik harus mampu berperan untuk

menjalankan fungsinya sebagai media untuk memberikan informasi yang benar dan jelas sehingga mahasiswa bisa melakukan intergrasi informasi yang baru dengan pengetahuan awalnya sehingga informasi yang baru tersebut dapat melengkai pemahaman awalnya (Ainsworth, 1999).

Teridentifikasi ada 42% (30 mahasiswa dari 69) yang terlibat dalam analisis proses pembelajaran ini masuk dalam katagori *static*. Berdasarkan hasil analisis perubahan pemahaman, kelompok mahasiswa ini berasal dari kelompok mahasiswa yang tadinya masuk katagori *incorrect* kemudian tetap berada dalam katagori *incorrect* dan dari kelompok mahasiswa yang tadinya masuk katagori *incomplete* kemudian tetap berada dalam katagori *incomplete*. Hasil penemuan ini menunjukkan bahwa representasi konsep vektor melalui program bioinformatika kurang memberikan pengaruh bagi memperbaiki maupun meningkatkan pemahaman mahasiswa. Kondisi ini tidak menunjukkan adanya proses *conceptual change* seperti yang diutarakan oleh Lappi (2013) mekanisme proses pembelajaran merupakan salah satu karakteristik dari *conceptual change* yang akan dialami oleh mahasiswa.

Teridentifikasi ada 19% (13 mahasiswa dari 69) yang masuk ke dalam level *disorientation*. Berdasarkan analisis gambar 4.43, menunjukkan bahwa kelompok ini berasal dari mahasiswa yang tadinya tidak mempunyai representasi, *no response*, kemudian jatuh ke dalam pemahaman yang salah, *incorrect* dan dari mahasiswa yang tadinya memahami secara parsial, *incomplete* kemudian jatuh ke dalam pemahaman yang berbeda dengan kaidah ilmiah, *incorrect*. Hal ini mengindikasikan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah membuat mereka mengalami penurunan dalam memahami konsep vektor kloning. Kondisi ini bisa dimungkinkan karena mereka belum dapat memahami hubungan antar representasi yang disajikan melalui bioinformatika, sehingga hal ini dimaknai secara berbeda oleh mahasiswa. Proses rerepresentasi kognitif ini dapat berjalan ke arah yang tidak akurat dan tidak sesuai dengan yang diharapkan. Namun informasi ini sangat penting bagi *educator* atau guru-guru untuk

melakukan evaluasi terhadap materi maupun cara pembelajaran yang digunakannya.

### 4.3.16 Vektor Ekspresi

Untuk mengetahui perubahan pemahaman pada konsep vektor ekspresi yang dialami oleh mahasiswa, maka dilakukan analisis perubahan representasi respon mahasiswa pada data *pre* dan *pos-test*. Berikut adalah tabel hasil analisis perubahan persentase respon mahasiswa (n) sebelum dan setelah proses pembelajaran.

4.18 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep vektor ekspresi

Kategori	Pre (n)	%	Post (n)	%
<b>No response</b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun.	30	42	0	0
<b>Incorrect</b>				
a. Vektor ekspresi merupakan media untuk memperbanyak gen target.	2	3	1	1
b. Vektor ekspresi merupakan agen pembawa hasil kloning.	7	10	0	0
c. Vektor ekspresi merupakan agen pembawa sifat.	2	3	0	0
d. Vektor ekspresi merupakan vektor pembeda.	2	3	0	0
e. Vektor ekspresi merupakan DNA hasil gabungan.	3	4	0	0
<b>Incomplete</b>				
a. Vektor ekspresi merupakan vektor yang mengandung daerah regulatori.	0	0	1	1
b. Vektor ekspresi merupakan vektor yang mengekspresikan DNA rekombinan.	17	24	3	4
<b>Complete</b>				
Vektor ekspresi merupakan plasmid yang mengandung daerah regulatory yang secara khusus digunakan untuk mengekspresikan gen target.	8	11	66	94

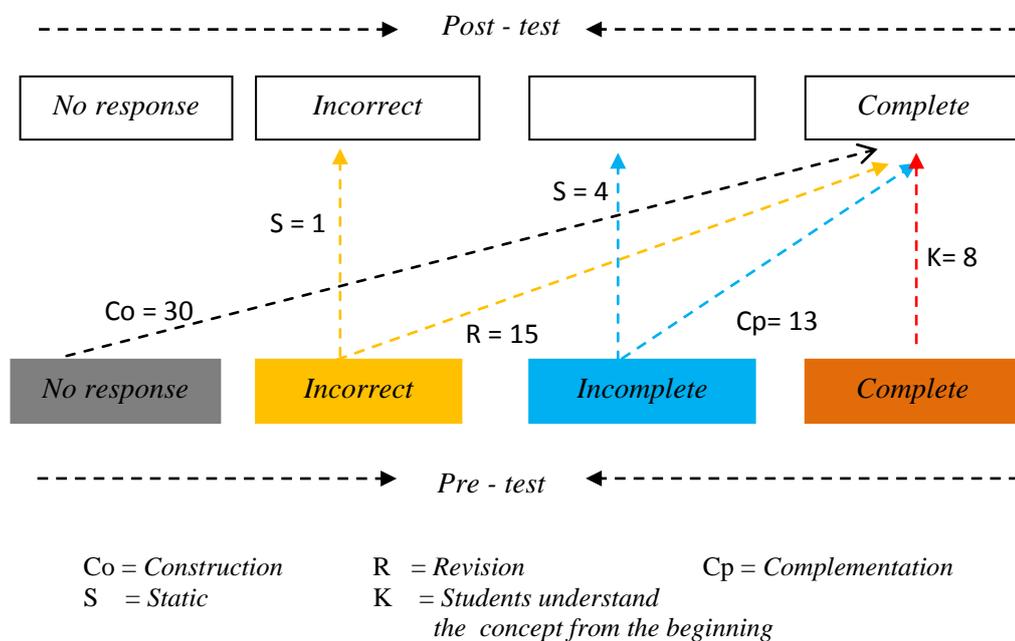
Berdasarkan tabel 4.18 diketahui pada data *pre-test* berbagai representasi mahasiswa pada sub-topik vektor ekspresi sehingga tersebar diantara semua kategori. Pada *pre-test* teridentifikasi ada 30 mahasiswa atau 42% dari 71

mahasiswa yang terlibat dalam penelitian ini tidak mempunyai gambaran apapun tentang topik vektor ekspresi (*no response*). Teridentifikasi ada 16 mahasiswa atau 23% dari 71 mahasiswa yang memahami sub-topik vektor ekspresi secara berbeda dengan kaidah ilmiah (*incorrect*). Teridentifikasi ada 17 mahasiswa atau 24% dari 71 mahasiswa yang memahaminya secara parsial dan ada 8 mahasiswa atau 11% dari 71 mahasiswa yang telah memahaminya secara utuh. Sebagian besar mahasiswa merepresentasikan vektor ekspresi secara terbalik dengan vektor kloning. Hal ini menunjukkan mahasiswa belum mampu membedakan antara vektor ekspresi dan vektor kloning.

Hasil analisis *post-test* menunjukkan adanya perubahan rerepresentasi yang cukup besar pada mahasiswa. Beberapa perubahan rerepresentasi terjadi pada semua katagori. Setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika tidak ditemukan lagi mahasiswa yang tidak mempunyai rerepresentasi tentang vektor ekspresi. Kelompok mahasiswa ini telah mengalami perubahan rerepresentasi ke dalam katagori yang lain, bisa jadi menjadi katagori *incorrect*, *incomplete* atau *complete*. Perubahan rerepresentasi pada katagori *incorrect* juga teridentifikasi sangat besar, yaitu hampir semuanya dari kelompok ini mampu merubah rerepresentasinya ke arah yang lebih baik dimana bisa mengarah ke *incomplete* ataupun *complete*. Sementara itu perubahan rerepresentasi mahasiswa pada katagori *complete* juga mengalami peningkatan yang sangat besar, dari 11% menjadi 94% mahasiswa mampu mererepresentasikan vektor ekspresi secara benar dan utuh.

Rerepresentasi mahasiswa pada konsep vektor ekspresi ini akan menjadi bekal bagi mahasiswa dalam memahami teknologi DNA rekombinan. Menurut Campbell *et al.*, (2009) vektor ekspresi berbeda dari vektor kloning karena mengandung sekuen regulator DNA yang berfungsi untuk melakukan ekspresi protein-protein yang disisipkan secara benar di dalamnya. Keberadaan vektor ekspresi ini dapat memberikan teknologi DNA rekombinan lebih maju karena melalui penggunaannya dapat mengekspresikan berbagai protein yang diinginkan.

Pada penelitian ini, nilai yang tertera dalam *pre* dan *post-test* pada tabel 4.18 masih merupakan nilai gabungan dari mahasiswa pada setiap katagori, sehingga dari nilai tersebut belum bisa menunjukkan spesifikasi mekanisme proses pembelajaran yang dialami oleh setiap mahasiswa. Oleh karena itu perlu dilakukan analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa sebagai suatu proses *conceptual change*. Hasil analisis perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada konsep vektor ekspresi disajikan pada gambar 4.46.



Gambar 4.46 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep vektor ekspresi

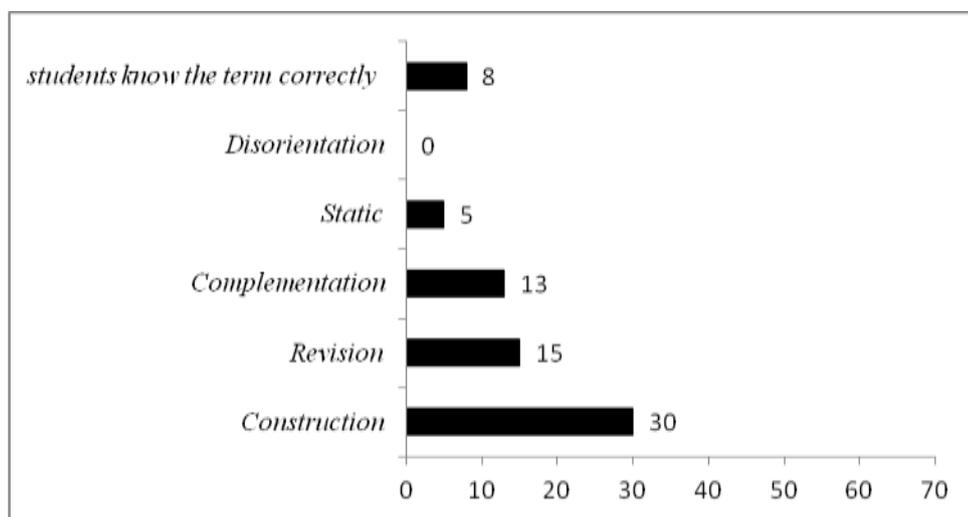
Hasil analisis perubahan pemahaman tersebut dapat memberikan informasi yang jelas terkait mekanisme proses perubahan pemahaman konsep vektor ekspresi yang dialami oleh setiap mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika. Pada *pre-test* teridentifikasi ada 30 atau

42% dari 71 mahasiswa yang terlibat dalam analisis ini berada pada katagori *no response* dan setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika terjadi perubahan dimana semuanya mahasiswa dari jumlah mahasiswa tersebut berubah ke arah pemahaman yang paling baik, *complete*. Kelompok mahasiswa ini tidak hanya mampu memberikan definisi vektor ekspresi tetapi juga menghubungkannya dengan teknologi DNA rekombinan. Sementara itu pada katagori *incorrect*, awalnya teridentifikasi ada 16 mahasiswa atau 23% dari 71 mahasiswa yang terlibat dalam analisis ini. Namun setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika kelompok mahasiswa ini terpecah menjadi 2 bagian. Satu bagian mahasiswa (15 orang) mengalami perubahan pemahaman ke arah yang paling baik, *complete* dan 1 mahasiswa masih memegang pemahaman awalnya (*incorrect*). Pada katagori *incomplete*, awalnya terdapat 17 mahasiswa atau 24% dari 71 mahasiswa yang terlibat dalam analisis ini memahami konsep vektor kloning secara parsial, namun setelah proses pembelajaran kelompok ini terpecah menjadi 2 kelompok, yaitu 4 mahasiswa tidak mengalami perubahan ke arah yang lebih baik, sehingga tetap berada pada katagori *incomplete*, 13 mahasiswa mengalami perubahan pemahaman ke arah yang lebih baik, *complete*.

Hasil analisis perubahan di atas juga menunjukkan proses perubahan lebih banyak mengarah ke arah kanan. Hal ini mengindikasikan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika memberikan peranan yang baik dalam menyajikan konsep vektor ekspresi. Beberapa representasi yang dapat menguraikan konsep vektor ekspresi disajikan melalui program bioinformatika seperti sisi restriksi yang dapat digunakan untuk menyisipkan fragmen DNA ke dalam vektor ekspresi, resistensi antibiotik, sekuen promotor, gen penanda vektor ekspresi dan urutan sekuen vektor ekspresi secara keseluruhan. Masing-masing representasi ini saling menguatkan untuk memberikan penjelasan tentang konsep vektor ekspresi. Secara umum representasi-representasi program bioinformatika dapat memberikan pengaruh perubahan rerepresentasi mahasiswa terhadap konsep vektor ekspresi ke arah yang lebih baik. Menurut Ainsworth (1999) MERs yang baik harus mempunyai peranan dalam membangun pengetahuan baru,

memperbaiki pengetahuan yang ada serta melengkapi pengetahuan yang masih ada gap-gap pengetahuan yang belum diketahui mahasiswa.

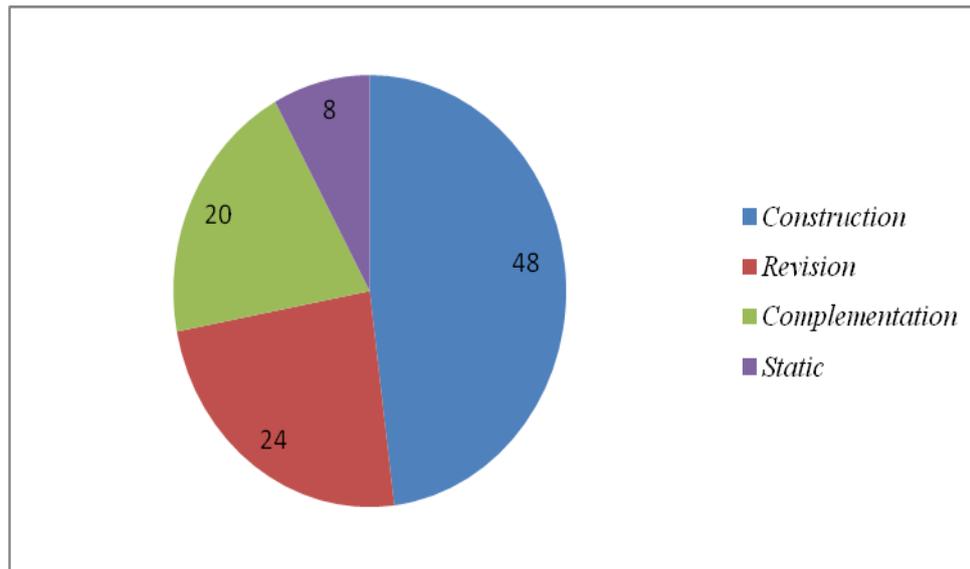
Berdasarkan data perubahan respon pada gambar 4.46 di atas, maka capaian level *conceptual change* dari setiap mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran dapat ditentukan secara sistematis. Pengelompokkan mahasiswa berdasarkan level *conceptual change* ini sangat penting dalam mengungkap mekanisme perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa. Adapun capaian level *conceptual change* jumlah mahasiswa pada konsep vektor ekspresi dapat dilihat pada grafik di bawah ini (gambar 4.47).



Gambar 4.47 Grafik capaian level *conceptual change* jumlah mahasiswa pada konsep vektor ekspresi

Berdasarkan gambar hasil assessmen di atas diketahui bahwa sejak awal sampai akhir proses pembelajaran teridentifikasi ada 8 mahasiswa atau 11% dari 71 mahasiswa yang terlibat dalam penelitian telah memahami konsep vektor kloning secara benar dan komprehensif. Oleh karena itu untuk proses analisis analisis level capaian perubahan pemahaman selanjutnya, kelompok mahasiswa ini tidak disertakan dalam proses analisis.

Berikut adalah grafik persentase level capaian perubahan pemahaman konsep vektor ekspresi setelah dikurangi oleh sekelompok mahasiswa yang sudah memahami konsep secara benar dan komprehensif dari awal sampai akhir perkuliahan (gambar 4.48).



Gambar 4.48 Grafik persentase level *conceptual change* mahasiswa pada konsep vektor ekspresi

Grafik di atas menunjukkan adanya variasi level *conceptual change* yang telah dialami mahasiswa setelah melalui proses pembelajaran berbasis bioinformatika. Berdasarkan grafik di atas teridentifikasi ada 48% (30 mahasiswa dari 63) yang terlibat dalam analisis ini telah mencapai level *construction*. Level ini merupakan level dengan capaian jumlah mahasiswa tertinggi yang bisa dicapai oleh mahasiswa dibandingkan level-level lainnya. Kelompok mahasiswa ini berasal dari mahasiswa-mahasiswa yang awalnya tidak mempunyai representasi apapun tentang vektor ekspresi. Hal ini mengindikasikan proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan informasi-informasi pengetahuan baru yang cukup jelas bagi mereka sehingga mereka mampu membangun pengetahuan baru.

Representasi-representasi elemen-elemen penting yang terdapat pada vektor ekspresi telah memberikan gambaran yang cukup jelas. Menurut Ainsworth (1999) suatu konsep yang kompleks dapat diuraikan secara utuh kepada mahasiswa dengan cara menjabarkannya menjadi beberapa representasi yang saling menguatkan penjelasan satu sama lain.

Teridentifikasi ada 24% (15 mahasiswa dari 63) yang terlibat dalam proses analisis ini telah mencapai level *revision*. Jumlah tersebut berasal dari mahasiswa-mahasiswa yang awalnya mempunyai representasi yang tidak benar maupun tidak representatif pada vektor ekspresi dan kemudian setelah proses pembelajaran kelompok mahasiswa ini mampu melakukan perubahan representasi dengan cara melakukan koreksi sebagian atau koreksi total terhadap pemahaman awalnya. Hal ini mengindikasikan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan peranan yang cukup berarti dalam membantu mahasiswa untuk melakukan perbaikan terhadap pemahamannya. Hasil perbaikan tersebut menjadikan mahasiswa mempunyai pemahaman konsep vektor ekspresi secara utuh, *complete*. Mekanisme ini yang dimaksud oleh Lappi (2013) sebagai karakteristik dari *conceptual change*. Mekanisme ini terjadi karena dibantu oleh berperannya fungsi MERs yang dimainkan oleh bioinformatika sesuai dengan taksonomi MERs dari Ainsworth (1999).

Teridentifikasi ada 20% (13 mahasiswa dari 63) yang terlibat dalam proses analisis ini telah mampu mencapai level *complementation*. Kelompok ini berasal dari mahasiswa-mahasiswa yang tadinya telah mempunyai pemahaman pada konsep vektor ekspresi, namun pemahamannya masih bersifat parsial. Proses pembelajaran berbasis bioinformatika dapat memberikan informasi-informasi yang jelas dalam menguraikan peranan elemen-elemen penting yang ada dalam vektor ekspresi. Representasi-representasi bioinformatika tersebut kemudian dapat dipahami dengan baik oleh mahasiswa dan diintegrasikan dengan pemahaman parsialnya sehingga menjadi pemahaman yang utuh. Mekanisme membangun pengetahuan parsial menjadi pemahaman yang utuh merupakan salah satu karakteristik dari *conceptual change* (Lappi, 2013). Berdasarkan Ainsworth

(1999) MERs yang baik harus mampu menjadi alat dalam mengisi *gap-gap* pengetahuan yang belum diketahui mahasiswa, sehingga *gap-gap* pengetahuan yang sudah terisi tersebut dapat digunakannya untuk melengkapi pemahamannya.

Teridentifikasi ada 8% (5 mahasiswa dari 63) yang terlibat dalam proses analisis ini masuk level *static*. Kelompok ini berdasarkan gambaran proses perubahan yang disajikan pada gambar 4.46 di atas adalah mahasiswa-mahasiswa yang tadinya mempunyai representasi yang tidak benar (1 orang) dan mahasiswa-mahasiswa yang tadinya telah mempunyai representasi parsial (4 orang) namun setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika pemahaman kelompok mahasiswa ini tidak berubah. Mereka yang awalnya mempunyai pemahaman salah tetap salah dan mereka yang mempunyai pemahaman parsial tetap mempunyai pemahaman parsial. Hal ini menunjukkan bahwa representasi-representasi yang disajikan melalui program bioinformatika pada konsep vektor ekspresi ini tidak mampu mengubah pemahaman awal pada kelompok ini.

#### **4.3.17 DNA Rekombinan**

Pada penelitian ini, pembelajaran konsep DNA rekombinan berbasis bioinformatika merupakan tujuan pembelajaran dari proses pembelajaran yang telah dijalani mahasiswa mulai dari konsep-konsep dasar biologi molekular seperti; DNA, transkripsi, kode gentik, kodon/anti-kodon, intron, ekson, gen, lokus gen prokariot/eukariot dan struktur gen prokariot/eukariot serta teknik-teknik rekayasa genetika yang dilandasi oleh pemahaman pada konsep-konsep dasar biologi molekular serta dari proses pembelajaran pada vektor kloning dan ekspresi. Berikut adalah tabel data respon mahasiswa pada *pre* dan *post-test* mahasiswa pada konsep DNA rekombinan.

Tabel 4.19 Data respon mahasiswa dari *pre* dan *post-test* pada konsep DNA rekombinan

Kategori	Pre (n)	%	Post (n)	%
<b>No response</b> Mahasiswa tidak menuliskan jawaban apapun.	8	11	0	0
<b>Incorrect</b> DNA rekombinan merupakan molekul DNA bukan hasil rekayasa genetik.	1	1	0	0
<b>Incomplete</b>				
<b>a.</b> DNA rekombinan merupakan molekul DNA hasil rekayasa genetik.	32	45	17	24
<b>b.</b> DNA rekombinan merupakan hasil penggabungan beberapa molekul DNA dalam suatu vektor ekspresi.	16	22	6	8
<b>Complete</b> DNA rekombinan merupakan molekul DNA yang dibuat secara <i>artificial</i> melalui penggabungan beberapa molekul DNA dalam suatu vektor ekspresi sehingga molekul DNA tersebut bisa menghasilkan produk yang baru.	15	21	49	68

Berdasarkan tabel 4.19 menunjukkan bahwa sejak awal atau *pre-test*, mahasiswa sudah mempunyai representasi yang cukup bervariasi sehingga representasi mereka tersebar pada keempat kategori respon yang ada pada penelitian ini. Sekalipun materi DNA rekombinan ini merupakan materi baru bagi mereka, namun hasil analisis *pre-test* menunjukkan hal yang menggembirakan. Teridentifikasi hanya ada 11% dari 72 mahasiswa yang terlibat dalam proses pembelajaran ini yang tidak mempunyai representasi apapun, *no response*, tentang DNA rekombinan. Teridentifikasi ada 1% mahasiswa yang mempunyai representasi salah, *incorrect*, pada konsep DNA rekombinan. Teridentifikasi sebagian besar mahasiswa yaitu 67% mahasiswa mempunyai pemahaman parsial, *incomplete*, pada konsep DNA rekombinan. Teridentifikasi ada 21% mahasiswa yang sejak awal sudah mempunyai representasi yang lengkap pada konsep DNA rekombinan. Hasil analisis data representasi *pre-test* ini menunjukkan bahwa proses pembelajaran sebelumnya telah memberikan landasan pada mahasiswa

210

dalam memahami konsep DNA rekombinan. Walaupun landasan pemahaman yang ada tersebut hanya mampu menggiring sebagian besar mahasiswa untuk masuk ke dalam katagori representasi parsial, *incomplete*.

Adapun hasil analisis rerepresentasi mahasiswa dari data *post-test* menunjukkan adanya perubahan jumlah mahasiswa pada setiap katagori. Perubahan jumlah yang cukup besar terjadi pada katagori *incomplete* dan *complete*. Setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika, tidak teridentifikasi lagi ada mahasiswa yang tidak mempunyai rerepresentasi apapun maupun mahasiswa yang mempunyai rerepresentasi yang salah pada konsep DNA rekombinan. Teridentifikasi terjadi penurunan jumlah mahasiswa pada katagori *incomplete* sebesar 35% dari 67% menjadi 32%. Penurunan jumlah ini berpengaruh pada peningkatan jumlah mahasiswa yang masuk ke dalam katagori *complete*. Teridentifikasi ada peningkatan jumlah mahasiswa yang masuk ke dalam katagori *complete* sebesar 47% dari 21% menjadi 68%. Secara umum proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu mengubah rerepresentasi mahasiswa terhadap konsep DNA rekombinan ke arah pemahaman yang lebih baik.

Konsep DNA rekombinan merupakan materi baru bagi mahasiswa. Oleh karena itu dalam menjelaskan konsep tersebut, penelitian ini menggunakan strategi yang dijabarkan oleh Ainsworth (1999) dengan cara menggunakan berbagai representasi. DNA rekombinan merupakan konsep yang kompleks sehingga untuk memahaminya diperlukan pemahaman yang mendasar pada konsep-konsep dasar biologi molekuler serta teknik-teknik yang digunakan dalam menghasilkan DNA rekombinan. Oleh karena itu pada penelitian ini di awal sampai pertengahan perkuliahan, mahasiswa dilibatkan dalam proses pembelajaran berbasis bioinformatika terhadap konsep-konsep mendasar biologi molekuler seperti DNA, transkripsi, replikasi, transkripsi, translasi, asam amino, gen, alel dan genom. Pada pertengahan kuliah selanjutnya diisi dengan proses pembelajaran berbasis bioinformatika untuk teknik-teknik rekayasa genetika sampai karakteristik vektor kloning dan ekspresi. Konsep-konsep dasar biologi

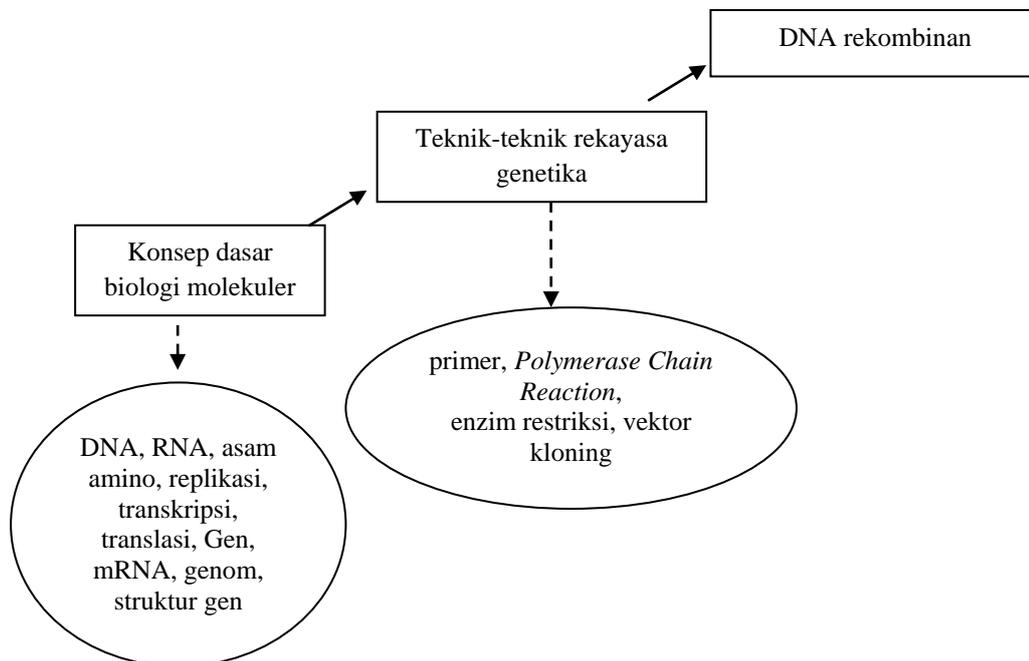


Gambar 4.49 Analisis perubahan pemahaman mahasiswa pada konsep DNA rekombinan

Hasil analisis di atas menunjukkan proses perubahan jumlah representasi mahasiswa dari data *pre-test* ke data *post-test* pada setiap kategorinya. Pada data *pre-test* teridentifikasi ada 8 mahasiswa yang masuk kategori *no response* dan setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika mereka masuk kategori *complete* yang merupakan kategori tertinggi pada penelitian ini. Pada data *pre-test* teridentifikasi ada 1 mahasiswa yang representasinya masuk kategori *incorrect* kemudian mengalami perubahan rerepresentasi menjadi kategori *incomplete*. Pada data *pre-test* teridentifikasi ada 48 mahasiswa yang masuk kategori *incomplete* dan kemudian setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika, mereka mengalami perubahan menjadi 2 kategori, 23 mahasiswa masih tetap berada pada kategori *incomplete* sementara 25 mahasiswa lainnya masuk kategori *complete*.

Seperti diketahui bahwa konsep DNA rekombinan merupakan materi baru bagi mahasiswa jenjang S1. Konsep ini memerlukan pemahaman pada konsep lainnya seperti konsep dasar biologi molekuler dan teknik-teknik yang digunakan dalam menghasilkan DNA rekombinan. Oleh karena itu pada penelitian ini, konsep DNA rekombinan merupakan akumulasi pemahaman mahasiswa pada konsep-konsep yang telah dialami mahasiswa sebelumnya. Peta pemahaman proses pembelajaran konsep DNA rekombinan di atas bertujuan untuk memberikan cara-cara yang lebih efisien untuk mencapai pemahaman pada konsep DNA rekombinan. Setiap tahapan proses pembelajaran tersebut terdiri dari berbagai representasi yang saling mendukung untuk memberikan kontribusinya pada konsep DNA rekombinan. Pemahaman mahasiswa pada topik-topik yang biologi molecular dasar seperti DNA, RNA, asam amino, replikasi, transkripsi, translasi, Gen, mRNA, genom dan struktur gen menjadi dasar bagi mahasiswa untuk dapat memahami teknik-teknik yang digunakan pada teknik-teknik rekayasa genetika (Gambar 4.50).



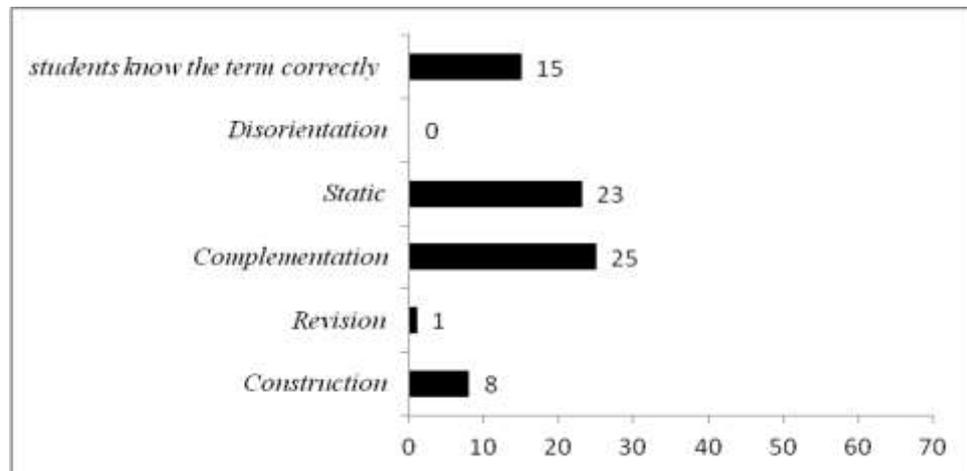


Gambar 4.50 Strategi penyederhanaan proses pembelajaran konsep DNA rekombinan

Sementara itu pemahaman mahasiswa pada teknik-teknik rekayasa genetika akan sangat dipengaruhi oleh pemahaman mahasiswa pada konsep-konsep yang ada dibalik teknik-teknik tersebut. Berbagai representasi di atas menurut Ainsworth (1999) menjadi alat bantu bagi mahasiswa dalam proses membangun pengetahuan baru, merevisi pengetahuan yang lama serta melengkapi pemahaman yang masih terdapat *gap-gap* pengetahuan.

Berdasarkan data perubahan respon pada gambar 4.49, maka capaian level *conceptual change* dari setiap mahasiswa setelah mengalami proses pembelajaran dapat ditentukan secara sistematis. Pengelompokkan mahasiswa berdasarkan level *conceptual change* ini sangat penting dalam mengungkap mekanisme perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa. Adapun capaian level *conceptual*

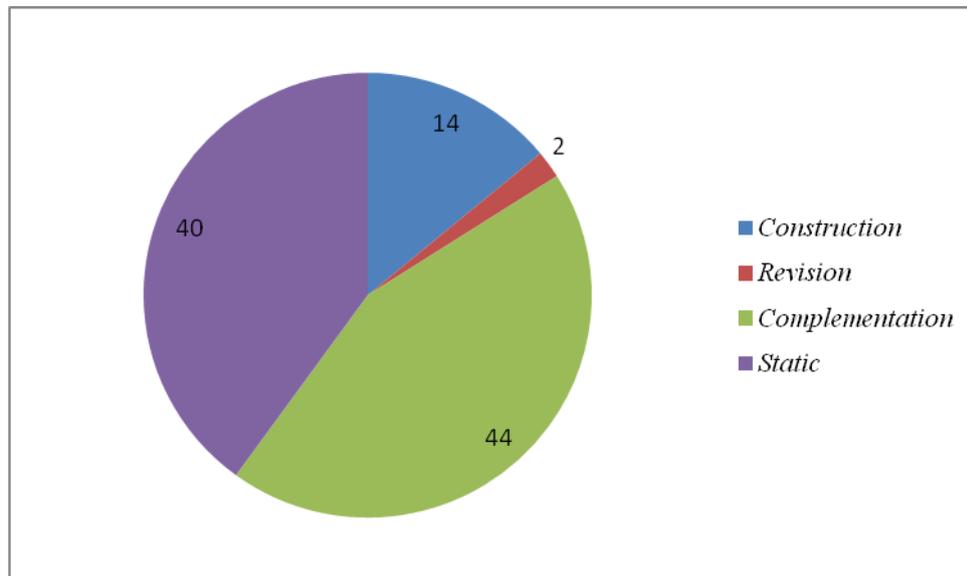
*change* mahasiswa pada konsep DNA rekombinan dapat dilihat pada grafik di bawah ini (gambar 4.51).



Gambar 4.51 Grafik level *conceptual change* jumlah mahasiswa pada konsep DNA rekombinan

Berdasarkan gambar hasil assessmen di atas diketahui bahwa sejak awal sampai akhir proses pembelajaran teridentifikasi ada 15 mahasiswa atau 21% dari 72 mahasiswa yang terlibat dalam proses pembelajaran ini telah memahami konsep DNA rekombinan secara benar dan komprehensif dari awal sampai akhir perkuliahan. Oleh karena itu untuk proses analisis analisis level capaian perubahan pemahaman selanjutnya, kelompok mahasiswa ini tidak disertakan dalam proses analisis.

Berikut adalah grafik level capaian perubahan pemahaman konsep DNA rekombinan setelah dikurangi oleh sekelompok mahasiswa yang sudah memahami konsep secara benar dan komprehensif dari awal sampai akhir perkuliahan (gambar 4.52).



Gambar 4.52 Grafik persentase capaian level *conceptual change* mahasiswa pada konsep DNA rekombinan

Berdasarkan hasil analisis capaian level perubahan pemahaman di atas menunjukkan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah memberikan variasi capaian pemahaman pada mahasiswa. Teridentifikasi ada 14% (8 mahasiswa dari 57) yang terlibat dalam proses analisis ini dapat mencapai level *construction*. Jumlah ini diperoleh dari mahasiswa-mahasiswa yang awalnya masuk ke dalam katagori *no response* atau tidak mempunyai representasi apapun pada konsep DNA rekombinan. Proses pembelajaran berbasis bioinformatika telah mampu memberikan pengetahuan baru bagi kelompok ini sehingga mereka masuk katagori *complete* seperti disajikan melalui gambar 4.49. Hal ini mengindikasikan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika pada konsep-konsep sebelumnya belum mampu memberikan landasan berpikir yang memadai bagi kelompok mahasiswa ini sehingga mereka tidak mempunyai pengetahuan awal. Namun demikian setelah mengalami proses pembelajaran berbasis bioinformatika pada konsep DNA rekombinan, kelompok ini kemudian dapat merangkai

informasi-informasi yang disajikan melalui program bioinformatika sehingga pada akhirnya mereka dapat memahami konsep DNA rekombinan secara utuh dihubungkan dengan era biologi modern saat ini. Mekanisme perubahan ini dari tidak mempunyai konsep menjadi mempunyai konsep merupakan salah satu karakteristik dari *conceptual change* (Lappi, 2013).

Teridentifikasi ada 2% (1 mahasiswa dari 57) yang terlibat dalam proses analisis ini dapat mencapai level *revision*. Mahasiswa ini awalnya teridentifikasi memahami konsep DNA rekombinan secara salah, yaitu DNA rekombinan merupakan molekul DNA bukan hasil rekayasa genetik. Pemahaman tersebut menunjukkan pemahaman yang tidak sejalan antara DNA rekombinan dan rekayasa genetik. Proses pembelajaran berbasis bioinformatika mampu memberikan informasi yang jelas tentang peranan rekayasa genetika dalam konsep DNA rekombinan sehingga dia mampu melakukan revisi terhadap pemahamannya. Menurut Ainsworth (1999) *MERs* yang baik harus mampu berfungsi untuk melakukan koreksi terhadap pemahaman yang salah/miskonsepsi yang ada pada mahasiswa.

Hasil analisis di atas menunjukkan ada 44% (25 mahasiswa dari 57 mahasiswa) yang terlibat pada proses analisis ini dapat mencapai level *complementation*. Jumlah ini diperoleh dari mahasiswa-mahasiswa yang awalnya mempunyai pemahaman parsial. Setelah proses pembelajaran berbasis bioinformatika pemahaman mereka kemudian berubah menjadi pemahaman yang utuh. Hal ini mengindikasikan bahwa proses pembelajaran berbasis bioinformatika mampu mengisi *gap-gap* pengetahuan yang selama ini belum mereka pahami yang selanjutnya diintegrasikan dengan pemahaman awalnya sehingga menjadi pengetahuan yang utuh. Sesuai dengan gambaran penyederhanaan konsep di atas menunjukkan bahwa proses pembelajaran sebelumnya pada penelitian ini telah mampu memberikan landasan berpikir yang memadai sehingga pada saat *pre-test* mereka mampu merepresentasikan konsep DNA rekombinan secara parsial. Pemahaman parsial ini menandakan adanya *gap-gap* pengetahuan yang belum dipahami oleh kelompok ini. Namun setelah

melakukan pembelajaran berbasis bioinformatika melalui berbagai representasinya maka *gap-gap* tersebut dapat dilengkapi. Proses pelengkapan pengetahuan ini merupakan salah satu tujuan dari penggunaan representasi multipel (Ainsworth, 1999).

Hasil analisis di atas menunjukkan ada teridentifikasi ada 40% (23 mahasiswa dari 57) yang terlibat pada proses analisis ini dapat mencapai level *static*. Kelompok ini dicapai oleh mahasiswa-mahasiswa yang sebelumnya berada pada katagori *incomplete*. Bagi kelompok ini proses pembelajaran berbasis bioinformatika tidak mampu memberikan informasi-informasi yang diperlukan bagi mereka untuk mengisi *gap-gap* pengetahuan yang belum mereka pahami atau bisa juga dikarenakan mereka tetap tidak mampu merangkai informasi-informasi yang ada menjadi informasi yang utuh. Pada kondisi ini tidak muncul karakteristik *conceptual change* yang dapat menunjukkan mekanisme proses pembelajaran pada mahasiswa (Lappi, 2013).

#### **4.4 Temuan Penelitian**

Temuan penelitian dalam pembelajaran biologi molekuler berbasis representasi multipel bioinformatika ini meliputi beberapa hal. Pertama, cara bagaimana suatu materi direpresentasikan menjadi salah satu faktor yang penting dalam proses pembelajaran, yaitu: (1) Karakteristik representasi multipel bioinformatika yang menyajikan suatu konsep dengan berbagai tipe representasi teramati mampu membantu meningkatkan pemahaman mahasiswa pada suatu konsep. Seperti teramati pada konsep lokus gen eukariot dan prokariot. (2) Karakteristik representasi multipel bioinformatika yang menyajikan suatu konsep dengan bentuk representasi yang saling bergantian terbukti tidak dapat membantu meningkatkan pemahaman mahasiswa. Seperti teramati pada konsep ekson dan intron. Kedua, tahapan-tahapan pembelajaran biologi molekuler dengan menggunakan strategi pembelajaran konstruktivisme telah memberikan pengaruh yang positif bagi pembekalan maupun peningkatan pemahaman mahasiswa pada konsep-konsep berikutnya yang lebih kompleks. Topik-topik yang masuk dalam

kelompok 2 merupakan topik-topik yang relatif baru bagi mahasiswa, namun hasil proses pembelajaran pada topik-topik kelompok 1 telah mampu memberikan kerangka pemahaman yang baik bagi mereka untuk bisa memasuki konsep-konsep yang lebih kompleks lagi pada topik-topik kelompok 2. Hal ini ditunjukkan dengan representasi awal mahasiswa pada topik-topik yang termasuk dalam kelompok 2 tidak serta merta seluruhnya berada dalam kategori *no response* namun mereka telah mampu merepresentasikannya di kategori-kategori respon yang lebih baik, *incomplete* dan *complete*.

Temuan lain dari penelitian ini adalah metode assessmen yang digunakan telah berhasil mengungkap variasi perubahan pemahaman yang terjadi pada setiap mahasiswa pada setiap topik. Setiap individu mengalami proses internalisasi pemahaman yang berbeda-beda sehingga menghasilkan rerepresentasi yang berbeda-beda pula. Hasil proses internalisasi ini diidentifikasi dalam bentuk rerepresentasi. Pada penelitian ini ditemukan 3 jenis proses perubahan rerepresentasi, yaitu: (1) Perubahan pemahaman yang berjalan ke arah yang lebih baik. Beberapa mahasiswa yang awalnya tidak mempunyai representasi, *no response*, terhadap suatu konsep dan setelah proses pembelajaran mengalami lompatan perubahan rerepresentasi menjadi *complete* seperti yang terjadi pada konsep lokus gen eukariot dan prokariot. (2) Tidak terjadi perubahan pemahaman. Beberapa mahasiswa tetap tidak mampu mengubah rerepresentasinya terhadap suatu konsep walaupun sudah mengalami proses pembelajaran seperti terjadi pada konsep gen. (3) Perubahan pemahaman mahasiswa terjadi ke arah yang kurang baik. Tidak selamanya perubahan pemahaman itu dapat berjalan ke arah yang diharapkan. Beberapa pemahaman mahasiswa ditemukan yang awalnya mempunyai representasi *incomplete* namun setelah mengalami proses pembelajaran rerepresentasinya berubah menjadi *incorrect* seperti terjadi pada konsep intron.

Temuan lain berdasarkan level capaian *conceptual change* yang dihasilkan melalui penelitian ini diketahui bahwa beberapa konsep telah mampu diinterpretasikan secara baik dan benar oleh mahasiswa. Melalui proses

pembelajaran berbasis bioinformatika ini ditemukan: (1) Konsep lokus gen prokariot dan eukariot merupakan konsep yang paling dapat diinterpretasikan dengan baik oleh mahasiswa sehingga dapat digunakan untuk mengkonstruksi pengetahuannya. (2) Konsep kode genetik dan kodon/anti-kodon merupakan konsep yang paling banyak dapat diakomodasi oleh mahasiswa sehingga dapat digunakan untuk melakukan revisi pengetahuannya. (3) Konsep Struktur gen eukariot dan PCR merupakan konsep yang paling dapat diasimilasi dengan baik oleh mahasiswa sehingga dapat digunakan untuk melengkapi pengetahuannya. (4) Konsep ekson, intron dan struktur gen eukariot merupakan konsep-konsep yang paling banyak tidak dapat dimaknai dengan baik oleh mahasiswa sehingga mahasiswa tidak mengalami perubahan pemahaman. (5) Konsep intron merupakan konsep yang paling banyak dinterpretasikan secara salah oleh mahasiswa sehingga mahasiswa banyak mengalami perubahan pemahaman ke arah yang lebih buruk.

#### **Keterbatasan penelitian;**

Keterbatasan penelitian ini diantaranya: (1) tidak dilakukan wawancara pada setiap topik pembelajaran karena terbatasnya waktu penelitian, dan (2) tidak dilakukan wawancara pada setiap representasi bioinformatika. Kondisi ini menyebabkan hasil penelitian tidak dapat sepenuhnya dapat mengkaji lebih detail hubungan antara representasi bioinformatika, topik pembelajaran serta interpretasi konsepsi mahasiswa pada representasi tersebut.

## **BAB V**

### **KESIMPULAN, IMPLIKASI & SARAN**

#### **5.1 KESIMPULAN**

Strategi pembelajaran ‘konstruktivisme’ yang digunakan dalam proses pembelajaran ini telah mampu memberikan gambaran yang jelas terkait tahapan-tahapan proses pembelajaran yang harus dilalui oleh mahasiswa dalam membangun pengetahuannya. Pemahaman awal yang dimiliki mahasiswa digunakan sebagai pijakan untuk dapat memahami konsep-konsep berikutnya yang lebih kompleks lagi. Proses pembelajaran biologi molekuler berbasis representasi multipel bioinformatika ini telah memberikan pengalaman bagi mahasiswa-mahasiswa calon guru biologi dalam menggunakan program-program bioinformatika *off-line* maupun *online* untuk membantu mererepresentasikan konsep-konsep abstrak pada biologi molekuler serta membekali mereka dengan keterampilan dalam menggunakan program-program bioinformatika, sehingga mereka dapat membangun rerepresentasi pemahaman untuk memaknai konsep biologi molekuler yang lebih kompleks yaitu DNA rekombinan.

Selanjutnya mengacu kepada pertanyaan-pertanyaan penelitian yang telah dirumuskan sebelumnya, dapat ditarik kesimpulan sebagai berikut: Pertama, Konsep-konsep biologi molekuler merupakan konsep-konsep yang banyak dipahami secara berbeda dengan kaidah ilmiah serta banyak dipersepsikan sebagai konsep-konsep yang sulit untuk dipahami. Oleh karena itu konsep-konsep abstrak yang ada pada biologi molekuler tersebut memerlukan banyak representasi untuk membantu memberikan gambaran suatu konsep dari berbagai representasi. Setiap unit representasi dapat memberikan informasi-informasi yang saling mendukung serta menguatkan satu sama lain, sehingga mahasiswa-mahasiswa calon guru biologi dapat menerjemahkan, menggunakan dan mengintegrasikannya menjadi suatu pemahaman yang utuh terhadap suatu konsep. Hasil analisis karakteristik representasi multipel (*MERs*) bioinformatika yang digunakan dalam penelitian ini

dapat dikelompokkan ke dalam empat tipe representasi yaitu: 1. *Verbal-textual*, 2. *Symbolic-mathematical*, 3. *Visual graphical*, dan 4. *Actional-operational*. Tipe 1 meliputi program bioinformatika yang digunakan untuk semua topik pembelajaran, tipe 2 meliputi program bioinformatika yang digunakan untuk semua topik pembelajaran kecuali DNA, tipe 3 meliputi program bioinformatika yang digunakan untuk topik-topik gen, lokus gen prokariot/eukariot, vektor kloning dan vektor ekspresi serta tipe 4 meliputi program bioinformatika yang digunakan untuk topik-topik enzim restriksi, *primer*, PCR dan DNA rekombinan. Keberagaman representasi ini telah membantu mahasiswa dalam memvisualisasikan konsep-konsep biologi molekuler.

Kedua, proses pembelajaran berbasis bioinformatika ini telah mampu mengubah pemahaman awal mahasiswa menjadi pemahaman akhir yang bervariasi sehingga menghasilkan level *conceptual change* yang bervariasi pula. Hasil penelitian ini dapat menunjukkan variasi pemahaman awal yang dimiliki oleh mahasiswa serta secara empiris mampu mengidentifikasi proses *conceptual change* yang dialami oleh setiap mahasiswa pada suatu konsep. Representasi dan rerepresentasi mahasiswa meliputi empat katagori, yaitu: *no response*, *incorrect*, *incomplete* dan *complete*. Representasi/rerepresentasi *no response*, dikatagorikan bagi mahasiswa yang tidak memberikan respon terhadap pertanyaan yang diajukan. Representasi/rerepresentasi *incorrect* dikatagorikan bagi jawaban yang salah yang diberikan oleh mahasiswa. Representasi/rerepresentasi *incomplete* dikatagorikan bagi jawaban mahasiswa yang masih belum utuh atau parsial. Representasi/rerepresentasi *complete* dikatagorikan bagi jawaban yang utuh/komprehensif yang diberikan oleh mahasiswa. Setelah melalui proses pembelajaran, rerepresentasi mahasiswa secara umum berada pada katagori *complete* yang mengindikasikan telah terjadi proses pengayaan pemahaman mahasiswa ke arah yang lebih baik dari pemahaman awalnya. Sementara itu hasil analisis perubahan pemahaman mahasiswa meliputi 5 level yaitu: *construction*, *revision*, *complementation*, *static* dan *disorientation*. Level *construction* merupakan capaian proses perubahan pemahaman mahasiswa dari katagori *no*

*response* menjadi *incomplete/complete*. Level *revision* merupakan capaian proses perubahan pemahaman dari katagori *incorrect* menjadi *incomplete/complete*. Level *complementation* merupakan capaian proses perubahan pemahaman dari katagori *incomplete* menjadi *complete*. Level *static* merupakan capaian bagi ketiadaan proses perubahan pemahaman di awal sampai akhir. Level *disorientation* merupakan capaian proses perubahan pemahaman mahasiswa ke arah yang lebih buruk yaitu dari katagori *no response* menjadi *incorrect*, *incorrect/incomplete/complete* menjadi *no response*, atau *incomplete/complete* menjadi *incorrect* atau *complete* menjadi *incomplete*. Persentase terbesar level *conceptual change construction* dicapai pada topik-topik lokus gen, enzim restriksi, vektor ekspresi. Pada level ini mahasiswa mampu menggunakan informasi yang disajikan melalui program-program bioinformatika untuk membangun pengetahuannya. Persentase terbesar level *revision* dicapai pada topik DNA, kode genetik, kodon/anti-kodon. Pada level ini mahasiswa mampu menggunakan informasi yang disajikan melalui program-program bioinformatika untuk melakukan koreksi terhadap pemahaman yang salah yang selama ini mereka yakini. Persentase terbesar pada level *complementation* dicapai pada topik-topik transkripsi, struktur gen prokariot, *primer*, PCR, DNA rekombinan. Pada level ini mahasiswa mampu mengintegrasikan informasi-informasi yang disajikan melalui program-program bioinformatika dengan pengetahuan awal mereka sehingga menjadi pemahaman yang utuh. Persentase terbesar pada level *static* dicapai pada topik-topik gen, ekson, struktur gen eukariot. Pada level ini mahasiswa belum mampu menerjemahkan, menggunakan dan mengintegrasikan informasi-informasi yang disajikan melalui program-program bioinformatika untuk meningkatkan pemahamannya sehingga mereka tetap dengan pemahaman awalnya. Persentase terbesar pada level *disorientation* dicapai pada topik intron. Pada level ini mahasiswa mengalami kebingungan/konflik dalam menerjemahkan, menggunakan dan mengintegrasikan informasi yang disajikan melalui program-program bioinformatika sehingga proses perubahan pemahaman terjadi ke arah yang lebih buruk dari pemahaman awalnya.

## 5.2 IMPLIKASI

Berdasarkan hasil penelitian yang telah diuraikan di atas, maka ada beberapa implikasi hasil penelitian yang dapat dikemukakan. Pertama, Tipe soal essay/isian yang digunakan dalam penelitian ini dapat menggambarkan variasi pemahaman yang terjadi pada mahasiswa, sehingga dapat digunakan untuk mendeteksi tingkat kesulitan yang dialami oleh mahasiswa pada suatu konsep. Cara ini dapat digunakan untuk menggali variasi pemahaman mahasiswa tidak hanya pada konsep biologi molekuler tetapi juga untuk mata kuliah/pelajaran lainnya.

Kedua, implikasi lain dari penelitian ini adalah metode assessmen *conceptual change* yang dihasilkan dapat digunakan selain untuk menilai proses perubahan pemahaman konsep yang telah dialami setiap mahasiswa juga untuk menilai strategi pembelajaran yang sedang digunakan (*self assessment*). Metode ini juga dapat diaplikasikan bagi mata kuliah/pelajaran lainnya dengan berbasis instrumen pertanyaan essay/isian.

Ketiga, implikasi lain dari hasil penelitian ini adalah proses pembelajaran biologi molekuler berbasis representasi multipel bioinformatika *off-line* dan *online* ini dapat memotivasi tingkat belajar mahasiswa. Penggunaan data-data penelitian yang aktual dapat memberikan makna yang lebih dalam bagi mahasiswa untuk belajar secara *authentic* pada suatu konsep.

## 5.3 SARAN

Hasil penelitian ini juga mempunyai beberapa saran untuk penelitian ke depan. Pertama, perlu dikembangkan lembar kerja mahasiswa dengan menggunakan tahapan-tahapan latihan yang jelas dan sistematis dalam menggunakan program-program bioinformatika sehingga mahasiswa dapat mengikuti proses pembelajaran ini dengan baik.

Kedua, proses pembelajaran dengan program bioinformatika yang bersifat *online* perlu diberikan fasilitas koneksi internet yang memadai sehingga proses

pembelajaran berbasis bioinformatika ini dapat berjalan dengan baik tanpa adanya kendala teknik.