

Prediksi Biosynthetic Gene Clusters dari Aktinomisetes yang Berpotensi sebagai Anti-MRSA (*Methicillin Resistant Staphylococcus aureus*)

Rizqi Amaliyah - K1A016063

Jurusan Kimia Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam

Universitas Jenderal Soedirman

Jl. Dr. Soeparno Kampus Unsoed Karangwangkal Purwokerto 53123

rizqiamaliyah74@gmail.com

ABSTRAK

Methicillin Resistant Staphylococcus aureus (MRSA) merupakan spesies yang sudah menunjukkan resistensi terhadap antibiotik golongan metisilin dan menimbulkan masalah kesehatan. Aktinomisetes dikenal sebagai mikroorganisme penghasil metabolit sekunder termasuk antibiotik. *Biosynthetic Gene Cluster* (BGC) mengandung gen yang menyandi semua enzim yang diperlukan untuk menghasilkan metabolit sekunder. Dengan pendekatan *genome mining*, BGC tersebut dapat diidentifikasi dan memungkinkan ditemukannya senyawa baru. Tujuan dari penelitian ini adalah melakukan skrining potensi aktinomisetes sebagai anti-MRSA serta memprediksi BGC dari aktinomisetes yang memiliki potensi sebagai anti-MRSA. Tahapan penelitian ini meliputi peremajaan aktinomisetes, skrining potensi anti-MRSA, kultivasi aktinomisetes, pengamatan morfologi, isolasi DNA, amplifikasi gen 16S rRNA, sekuensing dan identifikasi spesies aktinomisetes, dan analisis potensi metabolit sekunder. Hasil skrining potensi aktinomisetes menunjukkan tiga isolat yang teridentifikasi memiliki aktivitas anti-MRSA tertinggi yaitu W-5A, P-6B, dan W-5B dengan indeks penghambatan 0,58; 0,53; dan 0,47. Hasil analisis BGC yang menyandi antibakteri menunjukkan isolat W-5A yang teridentifikasi sebagai *Streptomyces longisporoflavus* memiliki satu BGC dengan similaritas terhadap *tetronasin*. Isolat P-6B yang teridentifikasi sebagai *Pseudarthrobacter siccitolerans* memiliki satu BGC dengan similaritas terhadap desferrioxamine E. Isolat W-5B yang teridentifikasi sebagai *Streptomyces cellulosae* memiliki delapan BGC dengan similaritas terhadap *tiacumicin B*, *actinorhodin*, *ulleungmycin*, *albaflavenone*, *desferrioxamine B/desferrioxamine E*, *stenothricin*, *auricin*, dan *lugdunomycin*.

Kata kunci : Aktinomisetes, *genome mining*, metabolit sekunder

**Biosynthetic Gene Clusters Prediction of Actinomycetes that Potential as Anti-MRSA
(Methicillin Resistant Staphylococcus aureus)**

Rizqi Amaliyah - K1A016063

*Department of Chemistry, Faculty of Mathematics and Natural Sciences
Jenderal Soedirman University*

Jl. Dr. Soeparno Kampus Unsoed Karangwangkal Purwokerto 53123
rizqiamaliyah74@gmail.com

ABSTRACT

*Methicillin Resistant Staphylococcus aureus (MRSA) is a species that has shown resistance to the antibiotic group of methicillin and causes health problems. Actinomycetes is known as a microorganisms producing secondary metabolites including antibiotics. The Biosynthetic Gene Cluster (BGC) contains genes that encode all the enzymes needed to produce secondary metabolites. With the genome mining approach, the BGC can be identified and allows the discovery of new compounds. The aim of this study is to screening the potential of actinomycetes as anti-MRSA as well as predicting the BGC of actinomycetes which has the potential as anti-MRSA. The stages of this research include actinomycetes rejuvenation, anti-MRSA potential screening, actinomycetes cultivation, morphological observation, DNA isolation, 16S rRNA gene amplification, sequencing and identification of actinomycetes species, and analysis of potential secondary metabolite. The potential screening of actinomycetes shows three isolates were identified to have the highest anti-MRSA activity, namely W-5A, P-6B, and W-5B with inhibition index 0.58; 0.53; and 0.47. The results of BGC analysis encoding antibacterial showed that the W-5A isolate identified as *Streptomyces longisporoflavus* has one BGC with similarity to tetroxasin. P-6B identified as *Pseudarthrobacter siccitolerans* has one BGC with similarity to desferrioxamine B. W-5B isolates identified as *Streptomyces cellulose* has eight BGC with similarity to tiacumycin B, actinorhodin, ulleungmycin, albaflavenone, desferrioxamine B/desferrioxamine E, stenothricin, auricin, and lugdunomycin.*

Keywords: *Actinomycetes, genome mining, secondary metabolites*