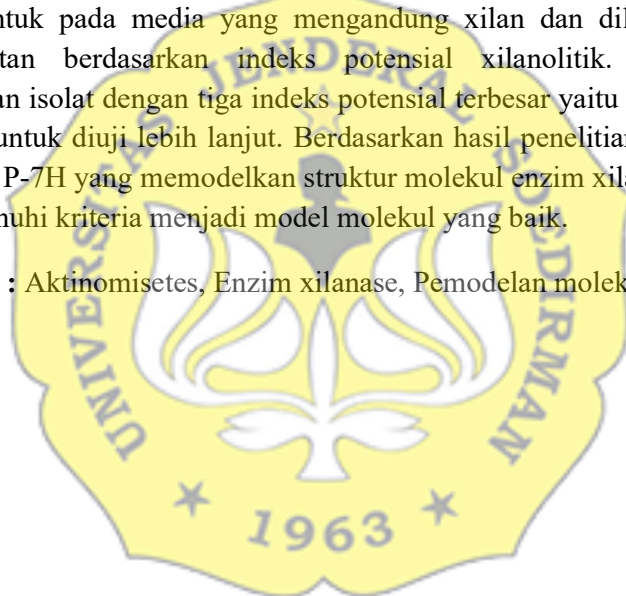


ABSTRAK

Aktinomisetes adalah mikroorganisme prokariotik, termasuk kelompok bakteri gram positif, serta memiliki kandungan Guanin (G) dan sitosin (C) tinggi di dalam DNA. Aktinomisetes mempunyai kemampuan sebagai sumber enzim lignoselulolitik, salah satunya adalah enzim xilanase. Enzim xilanase merupakan kelompok enzim yang memiliki kemampuan untuk menghidrolisis xilan menjadi xilo-oligosakarida dan xilosa. Enzim xilanase dapat diprediksikan model struktur molekulnya dengan metode pemodelan homolog menggunakan program aplikasi ExPASy. Sebelum dilakukan pemodelan struktur molekulnya, Isolat aktinomisetes terlebih dahulu dilakukan skrining dengan mengamati zona bening yang terbentuk pada media yang mengandung xilan dan dilakukan pemeringkatan berdasarkan indeks potensial xilanolitik. Hasil penelitian menunjukkan isolat dengan tiga indeks potensial terbesar yaitu isolat P-7H, P-6G, dan W-1B untuk diuji lebih lanjut. Berdasarkan hasil penelitian didapat Model 1 dan 2 isolat P-7H yang memodelkan struktur molekul enzim xilanase dengan tepat serta memenuhi kriteria menjadi model molekul yang baik.

Kata kunci : Aktinomisetes, Enzim xilanase, Pemodelan molekul



ABSTRACT

Actinomycetes are prokaryotic microorganisms, included in groups of gram-positive bacteria, and contain high levels of Guanine (G) and cytosine (C) in the DNA. Actinomycetes have the ability as a source of lignocellulolytic enzymes, one of which is the xylanase enzyme. The xylanase enzyme is a group of enzymes that have the ability to hydrolyze xylan to xilo-oligosaccharides and xylose. The xylanase enzyme can be predicted by its molecular structure model with homologous modeling methods using the ExPASy application program. Before modeling the molecular structure, actinomycetes isolates were first screened by observing the clear zones formed on media containing xilan and ranked according to xylanolytic potential index. The results showed that isolates with the three largest potential indices, namely isolates P-7H, P-6G, and W-1B to be tested Furthermore. Based on the results of the study obtained Model 1 and 2 isolates P-7H which modeled the molecular structure of xylanase enzymes correctly and met the criteria of being a good molecular model.

Keywords: *Actinomycetes, xylanase enzymes, molecular modeling*

