

ABSTRAK

Enzim protease merupakan enzim yang menghidrolisis ikatan peptida pada protein menjadi oligopeptida dan asam amino. Enzim protease didapatkan dari berbagai sumber seperti hewan, tanaman, dan mikroorganisme. Salah satu mikroorganisme yang menghasilkan protease adalah aktinomisetes. Aktinomisetes merupakan kelompok bakteri Gram positif, mampu menghasilkan senyawa bioaktif seperti antibiotik, antikanker, dan enzim. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengidentifikasi spesies aktinomisetes yang berpotensi menghasilkan enzim protease, mendesign primer *forward* dan primer *reverse* untuk amplifikasi gen protease, dan memprediksi struktur molekul enzim protease dari aktinomisetes menggunakan metode pemodelan homologi. Tahapan penelitian ini meliputi peremajaan kultur aktinomisetes, uji potensi proteolitik, pengamatan morfologi, identifikasi spesies, dan prediksi struktur molekul enzim protease dari aktinomisetes. Pengamatan morfologi menunjukkan bahwa ketiga isolat yang memiliki indeks proteolitik tertinggi yaitu P-6B, W-1B, dan P-7C termasuk *Streptomyces*. Identifikasi spesies berdasarkan gen 16S rRNA menunjukkan bahwa isolat P-6B memiliki kemiripan sebesar 96% dengan *Streptomyces longisporoflavus* strain Moghannam M1; isolat W-1B memiliki kemiripan sebesar 98% dengan *Streptomyces longisporoflavus* strain Moghannam M1; dan isolat P-7C memiliki kemiripan sebesar 83% dengan *Streptomyces sp.* 2438. Desain primer gen penyandi enzim protease menghasilkan dua pasang primer. Primer pertama (230F&954R) menghasilkan ampikon sebesar 700 bp dan primer kedua (700F&954R) menghasilkan ampikon sebesar 250 bp. Model molekul yang didapatkan isolat P-6B memiliki kemiripan sebesar 21,43% dengan *PROTEIN (SAP-1 ETS DOMAIN)*, isolat W-1B memiliki kemiripan sebesar 33,98% dengan *Protein DUF199/WhiA*, isolat P-7C memiliki kemiripan sebesar 37,04% dengan *designed protein 2L4HC_23*.

Kata kunci: Aktinomisetes, Protease, Pemodelan Molekul

ABSTRACT

Protease is a group of enzymes that have the ability to hydrolyze peptide bonds in proteins into oligopeptides and amino acids. Protease enzymes are obtained from various sources such as animals, plants, and microorganisms. One of the microorganisms that produces proteases is actinomycetes. Actinomycetes are able to produce bioactive compounds such as antibiotics, anticancer, and enzymes. The purpose of this research was to identify species of actinomycetes that have the potential to produce protease, design forward and reverse primers for protease gene amplification, and predict the molecular structure of protease from actinomycetes using homology modeling methods. The stages of this research included cultivate actinomycetes culture, proteolytic potential tests, morphological observations, species identification, and predictions of the molecular structure of protease from actinomycetes. Morphological observations showed that the three isolates that had the highest proteolytic index were P-6B, W-1B, and P-7C including Streptomyces. Species identification based on the 16S rRNA gene showed that P-6B isolates had similarities of 96% with Streptomyces longisporoflavus strain Moghannam M1; W-1B isolates had similarities of 98% with Streptomyces longisporoflavus strain Moghannam M1; and P-7C isolates had similarities of 83% with Streptomyces sp. 2438. The primers design of the protease encoding gene are two primer pairs. The first primer (230F & 954R) produces an amplicon of 700 bp and the second primer (700F & 954R) produces an amplicon of 250 bp. The molecular structure obtained by isolate P-6B has a similarity of 21.43% with PROTEIN (SAP-1 ETS DOMAIN), isolate W-1B has a similarity of 33.98% with Protein DUF199/WhiA, isolate P-7C has a similarity of 37.04% with designed protein 2L4HC_23.

Keywords: Actinomycetes, protease, molecular modeling