

ABSTRAK

Peningkatan kasus resistensi bakteri terhadap antibiotik menjadi salah satu masalah dalam bidang kesehatan. Hal tersebut menjadi pendorong penemuan antibiotik baru, salah satunya adalah alga cokelat. Alga cokelat merupakan sumber daya laut yang mengandung senyawa aktif sebagai antimikroba. Namun, perlu penggunaan spesies yang tepat untuk memudahkan dalam analisis senyawa aktif yang dihasilkan. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi alga cokelat secara morfologi, anatomi, dan molekuler, menganalisis aktivitas senyawa antimikroba yang terkandung dalam alga cokelat dari Pantai Karapyak, dan menganalisis aktivitas antibakteri terhadap *Micrococcus luteus* ATCC4698, *Bacillus megaterium* DSM32, dan *Escherichia coli* K12. Identifikasi molekuler dilakukan menggunakan penanda *Internal Transcribed Spacer* (ITS). Alga cokelat dari Pantai Karapyak teridentifikasi memiliki similaritas terhadap *Sargassum polycystum* sebesar 98.6% dan *Turbinaria* sp. yang baru teridentifikasi secara morfologi dan anatomi. Senyawa terdereplikasi dari LC-HRMS (*Liquid Chromatography High Resolution Mass Spectrometry*) sebagai antibakteri dari kedua spesies adalah ricinoleic acid (m/z 534,365), neomycin sulfate (m/z 637,314), sarmentoside B (m/z 663,462), dihydrogedunic acid (m/z 499,596), pheophytin (m/z 871,585), dan pheophorbide (m/z 593,279). Kedua spesies memiliki aktivitas antibakteri terhadap *Micrococcus luteus* ATCC4698, *Bacillus megaterium* DSM32, dan *Escherichia coli* K12 dengan kategori lemah. Dengan demikian, senyawa antibakteri yang dihasilkan alga cokelat *Sargassum polycystum* dan *Turbinaria* sp. belum secara optimal dapat digunakan sebagai antibiotik.

Kata kunci : *Phaeophyta*, Karapyak, Identifikasi Molekuler, Metabolomik, Antibakteri

ABSTRACT

The increasing case of bacterial resistance to antibiotics is a problem in medical sector. It become the reason of new discovery of antibiotics, one of it is brown algae. Brown algae was a marine living resource that obtained antimicrobial compounds. However, the utilization of right species to facilitated in analyzing bioactive compound produced. This research aimed to identify brown algae morphologically, anatomically, and molecularly, analyze antimicrobial compounds that obtained in brown algae from Karapyak Beach , analyzed antibacterial activity to *Micrococcus luteus* ATCC4698, *Bacillus megaterium* DSM32, and *Escherichia coli* K12. Molecular identification used Internal Transcribed Spacer (ITS) marker. Brown algae from Karapyak Beach was identified had similarity to *Sargassum polycystum* 98.6% and *Turbinaria* sp. that had been identified morphologically and anatomically. The replicated compounds from LC-HRMS (Liquid Chromatography High Resolution Mass Spectrometry) as antibacterial was ricinoleic acid (m/z 534,365), neomycin sulfate (m/z 637,314), sarmentoside B (m/z 663,462), dihydrogedunic acid (m/z 499,596), pheophytin (m/z 871,585), and pheophorbide (m/z 593,279). Both species had antibacterial activities to *Micrococcus luteus* ATCC4698, *Bacillus megaterium* DSM32, and *Escherichia coli* K12 categorized weak. Thus, the antibacterial compounds produced by *Sargassum polycystum* and *Turbinaria* sp. can not fully optimally yet used as antibiotic.

Keywords : Phaeophyta, Karapyak, Molecular Identification, Metabolomic, Antibacterial.

