

**ISOLASI GEN *ISOEUGENOL MONOOXYGENASE (iem)* DARI *Bacillus cereus*
SBMAX30 DAN ANALISIS STRUKTUR PUTATIF Iem UNTUK EFISIENSI
BIOTRANSFORMASI ISOEUGENOL MENJADI VANILIN SECARA *IN SILICO***

SKRIPSI SARJANA KIMIA

Oleh:

Zhafira Rizkia

1910412032



Pembimbing I : Dr.rer.nat. Syafrizayanti

Pembimbing II : Prof. Dr. Sumaryati Syukur

**PROGRAM STUDI SARJANA
DEPARTEMEN KIMIA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS ANDALAS
PADANG
2024**

INTISARI

ISOLASI GEN *ISOEUGENOL MONOOXYGENASE* (*iem*) DARI *Bacillus cereus* SBMAX30 DAN ANALISIS STRUKTUR PUTATIF *iem* UNTUK EFISIENSI BIOTRANSFORMASI ISOEUGENOL MENJADI VANILIN SECARA *IN SILICO*

Oleh:

Zhafira Rizkia (BP: 1910412032)

Dr.rer.nat. Syafrizayanti*, Prof. Dr. Sumaryati Syukur*

*Pembimbing

Biotransformasi isoeugenol menjadi vanilin merupakan teknologi alternatif untuk produksi vanilin yang menjadi pilihan menarik dalam dunia industri. *Isoeugenol monooxygenase* (*iem*) merupakan enzim utama untuk biotransformasi isoeugenol menjadi vanilin. Biotransformasi menggunakan sel utuh *Bacillus cereus* strain SBMAX30 terbukti memiliki kemampuan biotransformasi isoeugenol menjadi vanilin, namun belum ada informasi terkait *iem* dari *Bacillus sp.* Hasil produksi vanilin melalui biotransformasi menggunakan sel utuh tergolong rendah, sehingga perlu dioptimasi dengan penggunaan enzim. Dengan demikian, perlu dilakukan isolasi gen pengkode *iem* yang kemudian dapat digunakan untuk membuat rekombinan protein sehingga produksi vanilin lebih optimal. Penelitian ini bertujuan merancang primer untuk mengisolasi gen pengkode *iem* dari *Bacillus cereus* SBMAX30 dan memprediksi struktur putatif protein dari urutan gen yang berhasil diisolasi. Tiga pasang primer dirancang dan didapatkan tiga prediksi urutan *iem* secara bioinformatika. Analisis bioinformatika menunjukkan ketiga prediksi urutan *iem* termasuk kelas enzim oksidoreduktase (EC.1.0.0.0). Primer oligonukleotida kemudian digunakan untuk amplifikasi gen pengkode *iem* dari DNA *Bacillus cereus* strain SBMAX30 sebagai templat PCR. Produk PCR berhasil diperoleh dengan menggunakan primer Fow *iem1* dan Rev *iem1* dengan ukuran ± 600 bp. Urutan nukleotida dari ampikon mempunyai kemiripan 45,83% dengan gen *iem* dari *Pseudomonas nitroreducens* Jin1. Struktur putatif *iem* dari ampikon bernilai baik ditunjukkan dengan daerah *Ramachandran favoured* sebesar 95,45%. Hasil dari penelitian ini dapat digunakan sebagai informasi dasar dalam pengembangan enzim *isoeugenol monooxygenase* untuk biotransformasi isoeugenol menjadi vanilin.

Kata kunci: Biotransformasi, *Isoeugenol monooxygenase*, *Bacillus cereus* SBMAX30, Primer, Struktur Putatif