

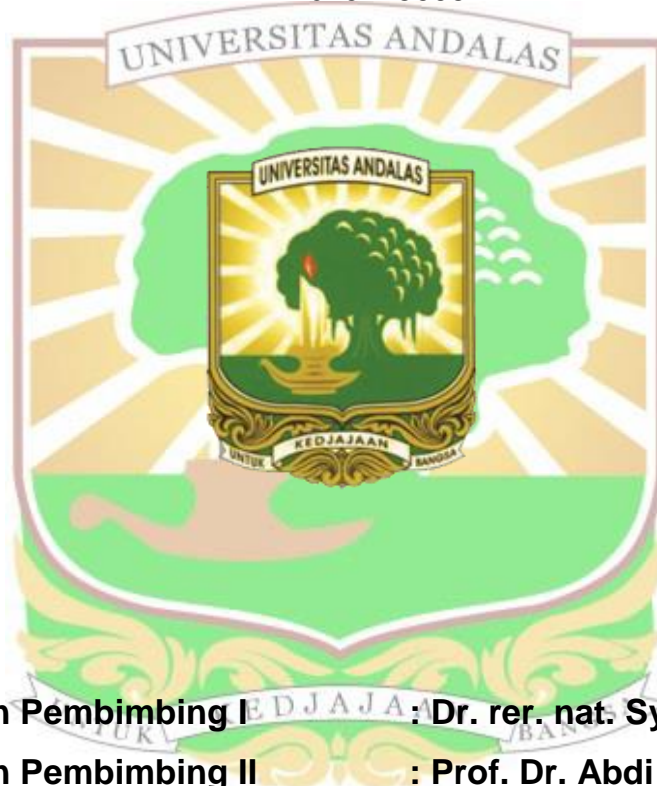
**IDENTIFIKASI BAKTERI *Bacillus sp* YANG DIGUNAKAN UNTUK
BIOKONVERSI ISOEUGENOL MENJADI VANILIN**

SKRIPSI SARJANA KIMIA

OLEH :

ALBER ERFAN MOHAMMAD

BP : 1610413003



Dosen Pembimbing I : Dr. rer. nat. Syafrizayanti

Dosen Pembimbing II : Prof. Dr. Abdi Dharma

**JURUSAN KIMIA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS ANDALAS
PADANG
2021**

**IDENTIFIKASI BAKTERI *Bacillus sp* YANG DIGUNAKAN UNTUK
BIOKONVERSI ISOEUGENOL MENJADI VANILIN**

OLEH :

ALBER ERFAN MOHAMMAD

BP : 1610413003



Skripsi diajukan untuk memperoleh gelar Sarjana Sains pada Jurusan Kimia Fakultas
Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Andalas

**JURUSAN KIMIA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS ANDALAS
PADANG
2021**

INTISARI

Identifikasi Bakteri *Bacillus sp* yang Digunakan Untuk Biokonversi Isoeugenol Menjadi Vanilin

Oleh:

Alber Erfan Mohammad (1610413003)

Dr. rer. nat. Syafrizayanti*, Prof. Dr. Abdi Dharma *

Pembimbing*

Vanilin yang diproduksi dari polong vanilla tidak dapat memenuhi permintaan yang tinggi terhadap vanilin alami karena biaya yang mahal dan produksi yang tidak cukup. Untuk mengatasi hal tersebut maka banyak upaya dilakukan untuk memproduksi vanilin alami melalui proses biokonversi. Sebanyak lima isolat bakteri *Bacillus sp* diperoleh dari limbah *Spent Bleaching Earth* menunjukkan kemampuan sebagai agen biokonversi vanilin. Namun, jenis spesies dari kelima isolat tersebut belum ditentukan dan belum dilakukan penentuan kemampuan biokonversi dari masing-masing bakteri untuk menghasilkan vanillin dengan menggunakan isoeugenol sebagai substrat. Spesies bakteri diidentifikasi menggunakan metode PCR dan sekuensing dari gen 16S rRNA sedangkan jumlah vanilin produk hasil biokonversi diukur menggunakan HPLC. Urutan nukleotida DNA amplikon 16S rRNA (~1500 bp) dibaca dan diurutkan menggunakan program Geneious. Selanjutnya urutan DNA disejajarkan (*pairwise alignment*) dengan *database* menggunakan program BLAST dari NCBI. *Multiple alignment* lebih lanjut menggunakan metode ClustalW dari program Bioedit. Pohon filogenetik disusun menggunakan program MEGA-X untuk menentukan kekerabatan. Hasil identifikasi dari lima isolat adalah *Bacillus cereus* strain SBMAX30 (isolat B1), *Bacillus thuringiensis* strain LDC 507 (isolat B2), *Bacillus thuringiensis* strain LrLB7 (isolat B3), *Bacillus cereus* strain 190103-R03 (isolat B4) dan *Bacillus cereus* strain L87 (isolat B5). Produksi vanilin selama 72 jam dari 1% (v/v) isoeugenol untuk isolat B1 yaitu $0,421 \pm 0,0337$ g/L vanilin (4,28%), isolat B2 sebanyak $0,420 \pm 0,0679$ g/L vanilin (4,28%), isolat B3 sebanyak $0,315 \pm 0,0983$ g/L vanilin (3,20%), isolat B4 sebanyak $0,168 \pm 0,0225$ g/L vanilin (1,71%), dan isolat B5 sebanyak $0,386 \pm 0,1019$ g/L vanilin (3,93%). Konsentrasi vanilin tertinggi diperoleh dari isolat B1 (*Bacillus cereus* strain SBMAX30), tetapi hasil analisis variansi (ANOVA) menunjukkan tidak adanya perbedaan produksi vanilin yang signifikan.

Kata kunci: vanilin, *Bacillus sp*, gen 16S rRNA

ABSTRACT

Identification of *Bacillus sp* Used for Bioconversion of Isoeugenol to Vanillin

By:

Alber Erfan Mohammad (1610413003)

Dr. rer. nat. Syafrizayanti*, Prof. Dr. Abdi Dharma *

Supervisor*

Vanillin is a valuable commodity in various industries. Therefore its production is carried out on a large scale. The vanillin production from vanilla pods is too expensive and insufficient, so to meet market needs, vanillin is also produced synthetically. However, due to the high consumer demand for natural or organic food production, many efforts were made to produce natural vanillin through the biotransformation process. Five *Bacillus sp* bacteria is obtained from the Spent Bleaching Earth waste. They showed the ability as a vanillin biotransformation agent. The further potential of *Bacillus sp* in the biotransformation process of vanillin was studied through a literature review and tested using HPLC. Bacterial identification used 16S rRNA gene amplification, sequencing and data analysis using the Geneious program. The DNA sequences were aligned with a database on the NCBI website using the BLAST program. The nucleotide sequences of bacterial were processed using ClustalW and Bioedit. Then, phylogenetic trees were prepared using MEGA-X for relationship analysis. The results of the identification of the five isolates were *Bacillus cereus* strain SBMAX30 (isolate B1), *Bacillus thuringiensis* strain LDC 507 (isolate B2), *Bacillus thuringiensis* strain LrLB7 (isolate B3), *Bacillus cereus strain* 190103-R03 (isolate B4) and *Bacillus cereus strain* L87 (isolate B5). Vanillin production for 72 hours from 1% (v/v) isoeugenol for isolate B1 was 0.421 ± 0.0337 g/L vanillin (4.28%), isolate B2 was 0.420 ± 0.0679 g/L vanillin (4.28 %), isolate B3 as much as 0.315 ± 0.0983 g/L vanillin (3.20%), isolate B4 as much as 0.168 ± 0.0225 g/L vanillin (1.71%), and isolate B5 as much as 0.386 ± 0.1019 g/L vanillin (3.93%). The highest vanillin production was obtained from isolate B1 (*Bacillus cereus* strain SBMAX30), but the differences is insignificant statistically.

Keywords: vanillin, *Bacillus sp*, 16S rRNA gene