

ABSTRAK

Anastasia Veronica Karema (00000024154)

ANALISIS BIOINFORMATIK GEN PENSINTESIS *POLY GAMMA GLUTAMIC ACID* PADA GENOM *Bacillus subtilis* IFP1.1

Skripsi: Fakultas Sains dan Teknologi (2020)

(xiv+ 37 halaman, 3 tabel, 9 gambar, 1 lampiran)

B. subtilis IFP1.1 merupakan salah satu strain *B. subtilis* yang diisolasi dari saluran pencernaan babi. Babi tersebut diperlihara secara tradisional dan tidak diberi antibiotik. Menurut penelitian yang telah dilakukan sebelumnya, *B. subtilis* IFP1.1 memiliki kemampuan sebagai agen fibrinolitik seperti *B. subtilis* subsp. natto. Salah satu keunikan *B. subtilis* subsp. natto yaitu memiliki struktur lengket pada hasil fermentasi kacang kedelai. Struktur lengket ini terbentuk akibat adanya produksi γ -PGA. Analisis *whole genome sequencing* penting dilakukan untuk mengassembly dan menganotasi *whole genome B. subtilis* IFP1.1, serta menganalisis genom *B. subtilis* dan menganalisis gen – gen yang terkait produksi γ -PGA pada *B. subtilis* IFP1.1. *Assembly* genom dilakukan dengan menggunakan program SPAdes, Mauve, dan Artemis. Sedangkan untuk anotasi genom dilakukan dengan menggunakan program RAST. Selain itu, juga dilakukan analisis genom dengan menggunakan BRIG, serta analisis pohon filogenetik dengan menggunakan NCBI BLAST dan ClustalW. *Alignment sequence* juga dilakukan untuk melihat mutasi pada gen yang terkait produksi γ -PGA. Ukuran genom *B. subtilis* IFP1.1 adalah 4.094.105 bp, dengan GC content 43,2 %, *number of subsystem* 477, *number of coding sequence* 4628, dan *number of RNAs* adalah 63. Secara genomik *B. subtilis* IFP1.1 lebih mirip dengan *B. subtilis* 168. Berdasarkan analisis pada gen - gen yang terkait produksi γ -PGA yaitu *swrA* dan *degQ* serta berdasarkan analisis pohon filogenetik, *B. subtilis* IFP1.1 berada pada kelompok yang sama dengan *B. subtilis* subsp. natto BEST195 dan *B. subtilis* subsp. natto CGMCC2108. Sehingga diduga *B. subtilis* IFP1.1 dapat memproduksi struktur lengket seperti *B. subtilis* subsp. natto.

Kata Kunci: analisis bioinformatik, *B. subtilis*, γ -PGA, *whole genome sequencing*.

Referensi : 34 (2001 – 2020).

ABSTRACT

Anastasia Veronica Karema (00000024154)

BIOINFORMATIC ANALYSIS OF POLY GAMMA GLUTAMIC ACID SYNTHESIS IN GENOM *Bacillus subtilis* IFP1.1

Thesis: faculty of Science and Technology (2020)

(xiv+ 37 pages, 3 tables, 9 figures, 1 appendixes)

B. subtilis IFP1.1 is a strain of *B. subtilis* isolated from the digestive tract of pigs. The pigs are traditionally raised and not given antibiotics. According to previous studies, *B. subtilis* IFP1.1 has the ability as a fibrinolytic agent like *B. subtilis* subsp. natto. One of the uniqueness of *B. subtilis* subsp. natto is that it has a sticky structure on the fermented soybeans. This sticky structure is formed due to the production of γ -PGA. Analysis of whole genome sequencing is important for assembling and annotating the whole genome of *B. subtilis* IFP1.1, as well as analyzing the genome of *B. subtilis* and analyzing genes associated with γ -PGA production in *B. subtilis* IFP1.1. Genome assembly was carried out using the SPAdes, Mauve, and Artemis programs. Meanwhile, genome annotation was carried out using the RAST program. In addition, genome analysis was also carried out using BRIG, as well as phylogenetic tree analysis using NCBI BLAST and ClustalW. Sequence alignment was also carried out to look for mutations in genes associated with γ -PGA production. The genome size of *B. subtilis* IFP1.1 is 4,094,105 bp, with a GC content of 43.2 %, number of subsystem 477, number of coding sequence 4628, and number of RNAs is 63. Genomically, *B. subtilis* IFP1.1 is more similar to *B. subtilis* 168. Based on the analysis of genes associated with γ -PGA production, namely *swrA* and *degQ* and based on phylogenetic tree analysis, *B. subtilis* IFP1.1 is in the same group as *B. subtilis* subsp. natto BEST195 and *B. subtilis* subsp. natto CGMCC2108. So it is suspected that *B. subtilis* IFP1.1 can produce a sticky structure like *B. subtilis* subsp. natto.

Keywords: bioinformatics analysis, *B. subtilis*, γ -PGA, whole genome sequencing.

References: 34 (2001 – 2020).