

BAB I

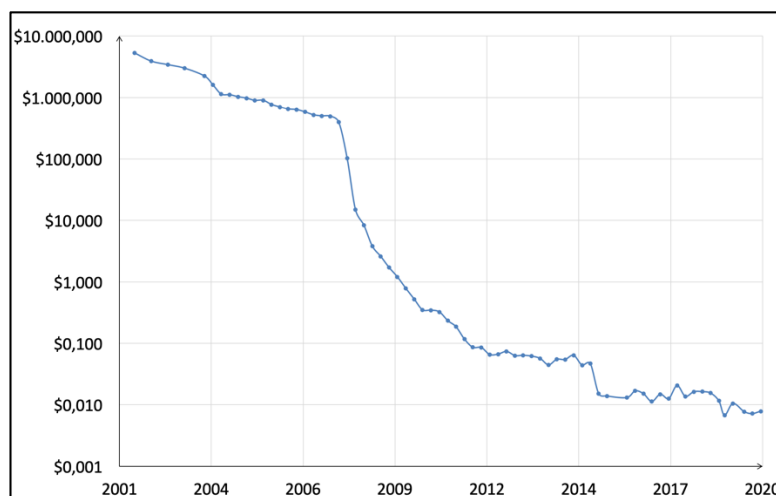
PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Enzim amilolitik banyak digunakan dalam berbagai industri seperti industri pulp dan kertas, makanan dan minuman, hingga bidang farmasi dan pertanian. Proses enzimatik ini menjadi alternatif dari proses kimiawi yang energi intensif dan menghasilkan produk samping yang mencemari lingkungan. Dalam banyak aplikasi, enzim amilolitik dari jamur dipilih karena ketahanannya terhadap pH asam. Jamur umumnya juga tidak menghasilkan toksin dan dianggap lebih aman. Jamur berfilamen juga bisa dimanfaatkan untuk proses fermentasi kering (Nigam, 2015). Jamur yang sering dipakai adalah jamur *Aspergillus*, namun penelitiannya dari sisi bioinformatika masih terbatas (Coordinators, 2018; de Souza & de Oliveira Magalhães, 2010; Vesth *et al.*, 2018).

Pada penelitian sebelumnya, diisolasi jamur *Aspergillus* sp. TM3 dari tapai singkong madu. Tapai singkong merupakan makanan hasil fermentasi singkong khas Asia Tenggara. Tapai singkong, terutama yang dipopulerkan sebagai tapai singkong ‘madu’, terkenal dengan rasanya yang manis. Rasa manis ini merupakan hasil dari aktivitas amilolitik oleh mikroorganisme pada ‘ragi’ tapai yang digunakan (Muhiddin *et al.*, 2019). Analisis awal menunjukkan isolat memiliki aktivitas amilolitik dan merupakan spesies *A. welwitschiae*, spesies *Aspergillus* yang masih jarang diteliti. Aktivitas amilolitik oleh isolat pun menarik untuk diteliti lebih lanjut.

Untuk meneliti potensi enzim amilolitik isolat, pendekatan bioinformatika dipilih sebagai alternatif dari metode analisis gen secara konvensional seperti metode transformasi genetika yang membutuhkan sumber daya dan waktu yang banyak. Dalam beberapa tahun ini, pendekatan bioinformatika semakin banyak digunakan untuk mengurangi proses analisis laboratorium yang perlu dilakukan. Dengan pendekatan ini, dilakukan *whole genome sequencing* (WGS) dari genom organisme yang diteliti. Sekuens yang dihasilkan pun dianalisis secara *in silico* untuk melakukan prediksi berbagai hal mengenai organisme tersebut, termasuk protein yang dihasilkan. Adaptasi yang meluas ini dipicu oleh perkembangan pesat teknologi *New Generation Sequencing* (NGS) dan teknologi informatika. Sejak terjadinya transisi dari *sequencing* metode Sanger menuju teknologi NGS di tahun 2008, harga untuk melakukan *sequencing* per *Megabase* (Mb) berkurang secara drastis seperti yang dapat dilihat pada Gambar 1.1. Oleh karena itu juga, tersedia banyak data bioinformatika yang dapat digunakan sebagai acuan. Terakhir, perkembangan teknologi informatika dalam memproses data yang besar juga berkembang pesat. Sudah tersedia secara luas alat-alat yang dibutuhkan dalam penelitian bioinformatika seperti komputer, layanan *cloud computing*, serta program bioinformatika. Proyek bioinformatika pun menjadi pilihan yang viabel bahkan untuk laboratorium kecil (van Dijk *et al.*, 2014; Wetterstrand, 2020).



Gambar 1.1 Biaya *sequencing* per Mb tahun 2001 sampai 2020
 Sumber: Wetterstrand (2020)

Dengan dilakukannya analisis gen dengan aktivitas amilolitik pada isolat jamur, potensi dari enzim amilolitik yang dihasilkan dapat diprediksi. Hasil prediksi ini pun bisa menjadi pertimbangan untuk tahap karakterisasi selanjutnya di laboratorium, sehingga mempersingkat prosesnya. Oleh karena itu, penelitian ini hendak melakukan analisis bioinformatika gen dengan aktivitas amilolitik pada isolat jamur *Aspergillus* sp. TM3 di Universitas Pelita Harapan.

1.2 Perumusan Masalah

Masalah yang dirumuskan pada penelitian ini adalah potensi kemampuan amilolitik *Aspergillus* sp. TM3 yang diteliti melalui analisis gen dengan aktivitas amilolitik serta prediksi karakteristik protein yang dihasilkan.

1.3 Tujuan

1.3.1 Tujuan Umum

Tujuan umum dari penelitian ini adalah untuk menganalisis gen dengan aktivitas amilolitik dari isolat jamur *Aspergillus* sp. TM3 dengan pendekatan bioinformatika.

1.3.2 Tujuan Khusus

Tujuan khusus dari penelitian ini adalah untuk menyusun *assembly* genom *Aspergillus* sp. TM3 untuk dilakukan identifikasi gen dengan aktivitas amilolitik serta melakukan prediksi sekuens dan karakteristik proteinnya.

