

# **BAB I**

## **PENDAHULUAN**

### **1.1 Latar Belakang**

*Saccharomyces cerevisiae* adalah *yeast* yang mudah dijumpai di seluruh dunia. *Yeast* seringkali dapat ditemukan di alam seperti pada buah-buahan, tanah, dan tumbuhan (Sniegowski *et al.*, 2002; Sampaio & Gonçalves, 2008). Pada tubuh manusia, *Saccharomyces cerevisiae* dapat juga dijumpai dan bersimbiosis komensalisme dengan manusia (Hall & Noverr, 2017). *Saccharomyces cerevisiae* tidak selalu berdampak positif namun dapat juga bersifat patogen pada tubuh manusia (Muller *et al.*, 2011).

Secara penggunaannya, *Saccharomyces cerevisiae* luas penggunaannya baik pada manusia dan juga bidang bioteknologi. *Saccharomyces cerevisiae* seringkali digunakan pada pembuatan *wine*, makanan, dan pada skala industri digunakan sebagai *biofuel* (Parapouli *et. al.*, 2020). Pada bidang bioteknologi *Saccharomyces cerevisiae* dapat digunakan juga sebagai organisme model (Sampaio & Gonçalves, 2008). Dengan fungsinya sebagai organisme model dan luas penggunaannya maka *Saccharomyces cerevisiae* berpotensi dapat digunakan pada analisis genom.

Sebelumnya pada penelitian yang dilakukan Sophiano (2022) telah dilakukan analisis terhadap isolat khamir yang berasal dari ragi komersial untuk pembuatan *wine* dan diidentifikasi sebagai *Saccharomyces cerevisiae*. Pada penelitian tersebut daerah yang digunakan untuk sequencing adalah ITS dengan

metode *Sanger sequencing*. Penelitian tersebut namun digunakan panjang *sequence* sepanjang 86 basa yang diperoleh ketika bagian yang terdapat *overlapping* hasil *Sanger sequencing* sudah dibuang. Pada panjang *sequence* yang pendek terdapat kemungkinan yang tinggi terdapat ketidakuratan. Pada penelitian yang dilakukan, digunakan panjang *sequence* dengan panjang 12.199.546 basa dan diharapkan dapat lebih akurat dalam proses identifikasi. Penelitian yang dilakukan diharapkan dapat dihasilkan hasil yang lebih akurat dalam memastikan keakuratan identifikasi isolat *Saccharomyces cerevisiae*.

## **1.2 Tujuan**

### **1.2.1 Tujuan Umum**

Tujuan umum dari penelitian tugas akhir adalah melakukan identifikasi isolat khamir yang diperoleh dari produk komersial melalui analisis genom.

### **1.2.2 Tujuan Khusus**

Tujuan khusus dari penelitian tugas akhir adalah:

1. Memperoleh hasil *assembly* genome dari *Saccharomyces cerevisiae* dengan EPI2ME
2. Melakukan *genome comparison* dari *Saccharomyces cerevisiae* dengan ANI/AAI Matrix

## **1.3 Rumusan Masalah**

Rumusan masalah dari penelitian tugas akhir adalah bagaimana cara melakukan identifikasi isolat khamir yang diperoleh dari produk komersial melalui analisis genom dengan *genome comparison*.