

ABSTRAK

ISOLASI, PENAPISAN, KARAKTERISASI, DAN IDENTIFIKASI BAKTERI PENGHASIL FUKOIDANASE DARI *Sargassum polycystum*

Oleh :

M. DARMAWAN

Fukoidanase, enzim yang mengkatalisis pemutusan ikatan glikosida antara residu fukosa sulfat dalam fukoidan, banyak ditemukan pada berbagai organisme laut baik bakteri, jamur, maupun invertebrata. Namun sejauh ini kajian pemanfaatan bakteri simbiosis *Sargassum polycystum* sebagai penghasil fukoidanase belum pernah dikaji. Penelitian ini bertujuan untuk mengisolasi, mengkarakterisasi, dan mengidentifikasi bakteri penghasil fukoidanase dari *S. polycystum* secara morfologi, biokimia, dan molekuler 16S rDNA. Isolasi bakteri simbiosis dilakukan dengan 2 metode yaitu sebar (*spread plate method*) dan gores (*streak plate method*). Isolat murni kemudian dilakukan uji aktivitas secara kualitatif dan semi kuantitatif pada media selektif untuk melihat zona bening yang dihasilkan setelah pemberian larutan *cetyl pyridinium chloride* (CPC) 10%. Uji aktivitas selanjutnya dilakukan secara kuantitatif untuk mengetahui aktivitas fukoidanase secara spesifik yang dihasilkan. Hasil penelitian diperoleh 4 isolat bakteri simbiosis dari *S. polycystum* yang memiliki aktivitas fukoidanase terbesar dengan metode CPC yaitu isolat GSD, PTF, PSA, dan GSB. Nilai indeks aktivitas fukoidanase yang didapatkan secara berturut-turut yaitu isolat GSD ($10,66 \pm 2,26$), isolat PTF ($8,69 \pm 0,36$), isolat PSA ($8,23 \pm 2,64$), dan isolat GSB ($7,92 \pm 0,11$). Aktivitas fukoidanase secara spesifik juga menunjukkan bahwa isolat GSD pada waktu produksi fukoidanase 48 dan 72 jam memiliki aktivitas paling besar dibandingkan 3 isolat lainnya yaitu sebesar 0,0072 U/mg dan 0,0083 U/mg. Identifikasi secara morfologi, biokimia, dan molekuler dengan PCR 16S rDNA didapatkan bahwa ketiga isolat dengan aktivitas fukoidanase terbesar merupakan bakteri *Cytobacillus kochii* (GSD), *Bacillus cereus* (PTF), dan *Brevibacterium sediminis* (PSA) dengan kemiripan 99%. Fukoidanase yang dihasilkan diharapkan dapat digunakan untuk produksi enzim skala industri di Indonesia. Selain itu, pemanfaatan bakteri simbiosis pada alga coklat diharapkan dapat mengurangi eksploitasi terhadap *S. polycystum* dan turut melestarikan ekosistem laut.

Kata Kunci: *Fukoidanase, S. polycystum, bakteri simbiosis, rDNA*

ABSTRACT

ISOLATION, SCREENING, CHARACTERIZATION, AND IDENTIFICATION OF FUCOIDANASE PRODUCING BACTERIA FROM *Sargassum polycystum*

By

M. DARMAWAN

Fucoidanase, an enzyme that catalyzes the cleavage of the glycoside bonds between sulfated fucose residues in fucoidan, is found in various marine organisms, including bacteria, fungi, and invertebrates. However, studies on the use of the symbiont *Sargassum polycystum* as a fucoidanase producer have not been studied. This study aims to isolate, characterize, and identify fucoidanase-producing bacteria from *S. polycystum* morphologically, biochemically, and molecularly 16S rDNA. Isolation of bacterial symbionts was carried out by 2 methods, namely spread plate method and streak plate method. The pure isolate was then tested qualitatively and semi quantitative on media selection to see the clear zone produced after the administration of 10% cetyl pyridinium chloride (CPC) solution. Subsequent activity tests were conducted quantitatively to determine the specific fucoidanase activity produced. The results showed that 4 isolates of symbiotic bacteria from *S. polycystum* had the greatest fucoidanase activity by CPC method, namely isolates GSD, PTF, PSA, and GSB. The fucoidanase activity index values obtained sequentially were GSD isolates (10.66 ± 2.26), PTF isolates (8.69 ± 0.36), PSA isolates (8.23 ± 2.64), and GSB isolates (7.92 ± 0.11). The specific fucoidanase activity also showed that GSD isolates at 48 and 72 hours of fucoidanase production had the greatest activity compared to the other 3 isolates, namely 0.0072 U/mg and 0.0083 U/mg. Morphological, biochemical, and molecular identification with 16S rDNA PCR found that the three isolates with the greatest fucoidanase activity were *Cytobacillus kochii* (GSD), *Bacillus cereus* (PTF), and *Brevibacterium sediminis* (PSA) bacteria with 99% similarity. The fucoidanase produced is expected to be used for industrial-scale enzyme production in Indonesia. In addition, the use of symbiotic bacteria in brown algae is expected to reduce the exploitation of *S. polycystum* and contribute to the preservation of marine ecosystems.

Keywords: Fucoidanase, *S. polycystum*, bacterial symbiont, rDNA