

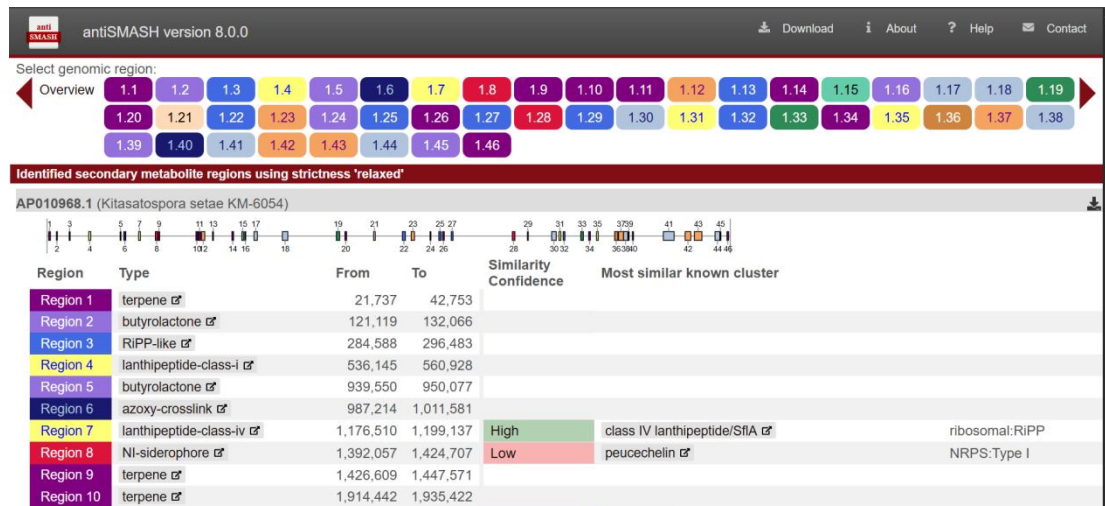
LAPORAN HASIL HANDS-ON BIOINFORMATIKA: ANALISIS METABOLIT SEKUNDER MIKROORGANISME DENGAN ANTISMASH 8.0

Oleh: Bimo Hadi Permana (NPM. 2306157103) Kelas C

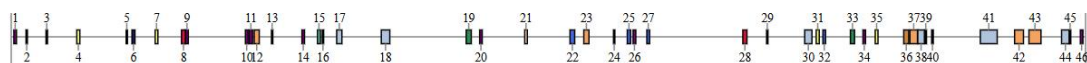
Metabolisme adalah seluruh reaksi kimia yang terjadi di suatu organisme. Metabolit primer adalah hasil metabolisme untuk pertumbuhan seperti glukosa dan senyawa intermediate, dan enzim yang berfungsi untuk proses respirasi aerobik dan respirasi anaerobik. Metabolit sekunder adalah hasil metabolisme yang bersifat tidak dibutuhkan saat fase pertumbuhan, seperti antibiotik, terpen, flavanoid dan lainnya. Untuk antibiotik dibagi menjadi beberapa yaitu tetracyclin, penisilin dan lainnya.

Produk yang dihasilkan metabolisme primer dan metabolisme sekunder dapat diketahui dari genom yang ada pada makhluk hidup, terutama mikroorganisme. Suatu susunan tersebut dikelompokkan menjadi beberapa dan dapat dideteksi dengan menggunakan AntiSMASH dan NCBI. AntiSMASH untuk identifikasi metabolit dan NCBI untuk database genom mikroorganisme.

Mikroorganisme yang digunakan: *Kitasatospora setae* KM-6054
Klasifikasi: Bacteria; Bacillati; Actinomycetota; Actinomycetes; Kitasatosporales; Streptomycetaceae; *Kitasatospora*; *Kitasatospora setae* (NCBI, 2020: 1).



Gambar 1. Hasil dari antiSMASH untuk mikroorganisme *Kitasatospora setae* KM-6054



Gambar 2. Hasil dari letak sekuens untuk metabolit sekunder *Kitasatospora setae* KM-6054

Hasil yang didapatkan yaitu 46 situs gen nukleotida dari mikroorganisme *Kitasatospora setae* dengan accession number AP010968 uploader DDBJ. Hasil yang 50--75% merupakan senyawa yang sama dengan database, namun dapat saja merupakan turunan. None merupakan senyawa yang tidak dapat dipercaya. Pengelompokkan pada *Kitasatospora setae* memiliki 46 hasil metabolit region 1.1-1.46 berdasarkan kemiripannya Biosynthetic Gene Cluster (BGC)s:

- 6 BGC tinggi
- 3 BGC medium
- 4 BGC rendah
- 51 BGC tidak diketahui.

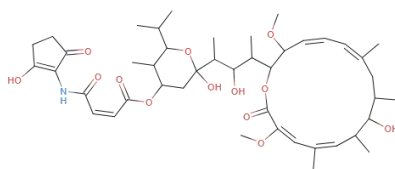
Struktur dari *Close genome* sehingga tidak ada kontig (fragmen).

Tabel 1. Tabel kategori dari SMBGCs sesuai dengan tingkat kemiripan pada hasil metabolit sekunder mikroorganisme *Kitasatospora setae* KM-6054

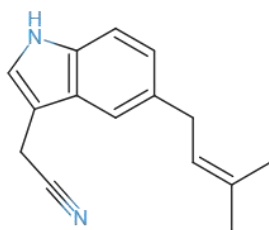
SMBGCs yang belum diketahui	Unknown	Terpen (region 1, 9, 10, 17, 46); butirolakton (region 2, 16, 24, 30, 39, 45); RiPP-like (region 3, 13, 29); lanthipeptide-class-I; azoksi-crooslink; terpen-prekursor (region 14, 20, 44); PKS-like; lassopeptide; HR-T2PKS; lanthipeptide-class-ii, azole-containing-RiPP; NI-siderophore; NRPS (region 30, 41, 44); lanthipeptide-class-iii; triceptide; arilpoliena; transAT-PKS; T1PKS (region 41, 43) tioamida-NRP, HR-T2PKS; hidrogen-sianida
SMBGCs yang memiliki kemiripan dengan database	Tinggi	Class iv lanthipeptide; 2-metoksi-5-metil-6-(13-metiltetrasdesil)-1,4-benzoquinon; geosmin; ε-poli-L-lisin; kirromycin; bafilomycin B1
	Medium	Hopene; 5-dimetilalilindol-3-asetonitril; <i>spore pigment</i>
	Rendah	Peucechelin; asam fosfonoasetat; azodyrecin A; reveromycin A

Keterangan kategorikal:

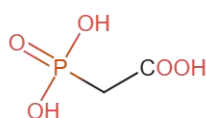
- Kategori tinggi: >75% menandakan nilai yang mirip dengan *database* untuk turunan dari suatu senyawa.
- Kategori medium: 75--50% menandakan nilai yang mirip dengan *database* namun untuk turunan tidak terdeteksi ada di *database*.
- Kategori rendah: 50--15% menandakan nilai yang rendah dari kemiripan dengan *database* dan senyawa turunan.
- Belum diketahui (<15%) karena belum dapat diprediksi hasil dari sekuens sama dengan yang ada di *database* (Blin dkk., 2025: 3).



Gambar 3. Bafilomycin B1 sebagai hasil metabolit sekunder biosintesis tingkat kemiripan tinggi



Gambar 4. 5-dimetilalilindol-3-asetonitril sebagai hasil metabolit sekunder biosintesis tingkat kemiripan medium



Gambar 5. Asam fosfonoasetat sebagai hasil metabolit sekunder biosintesis tingkat kemiripan rendah

Daftar Pustaka

- Blin, K., S. Shaw, L. Vader, J. Szenei, Z.L. Reitz, H.E. Augustijn, J.D.D. Cediell-Becerra, V. Crécy-Lagard, R.A. Koetsier, S.E. Williams, P. Cruz-Morales, S. Wongwas, A.E.S. Luchsinger, F. Biermann, A. Korenskaia, M.M. Zdouc, D. Meijer, B.R. Terlouw, J.J.J. van der Hooft, N. Ziemert, E. J.N. Helfrich, J. Masschelein, C. Corre, M.G. Chevrette, G.P. Wezel, M.H. Medema, & T. Weber. 2025. antiSMASH 8.0: extended gene cluster detection capabilities and analyses of chemistry, enzymology, and regulation. *Nucleic Acids Research*: 1-7. doi:10.1093/nar/gkaf334.
- NCBI. 2020. NCBI Taxonomy: a comprehensive update on curation, resources and tools. Database (Oxford). <http://ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?id=452652>, diakses pada 7 Mei 2025 pada pk. 16.02 WIB.