



## INTISARI

*Luciferase-like monooxygenase* (Llm) merupakan salah satu enzim yang termasuk ke dalam golongan flavoenzyme kelompok *flavin-dependent monooxygenase* (FMO) kategori C. Protein Llm diketahui memiliki aktivitas katalitik dan mekanisme yang sama dengan *Baeyer-Viliger monooxygenase* (BVMO) tipe II. Pada penelitian sebelumnya, telah dilakukan ekspresi dan purifikasi protein Llm1 dan Llm2 rekombinan. Hasil dari penelitian sebelumnya, menunjukkan bahwa protein Llm2 memiliki kelarutan yang lebih rendah dari pada Llm1 yang bahkan dapat larut hingga lebih dari 60-69%. Pada penelitian ini, dilakukan analisis secara *in silico* mengenai kelarutan pada Llm, utamanya pada Llm2. Analisis dimulai dengan analisis filogenetik, penjajaran sekuen, analisis sifat fisikokimia, analisis struktur sekunder, dan struktur tersier. Hasil yang didapatkan adalah Llm1 dan Llm2 berbagi protein homolog yang sama dengan beberapa protein Llm dari bakteri yang berbeda. Protein Llm1 dan Llm2 memiliki karakter yang hampir serupa, namun terdapat beberapa residu asam amino yang berbeda yang mengarah kepada residu dengan sifat alifatik yang rendah untuk Llm2. Sedikitnya residu asam amino alifatik pada Llm2 ini dapat menjadi faktor pembentukan badan inklusi yang terjadi pada protein Llm2. Hal ini dikarenakan, protein menjadi kurang stabil terhadap panas sehingga mudah membentuk badan inklusi menjadikan protein memiliki kelarutan yang rendah.

**Kata kunci:** Analisis *in silico*, Badan Inklusi, Kelarutan Protein, Luciferase-like monooxygenase.



## ABSTRACT

The *Luciferase-like monooxygenase* (Llm) is one of the members flavoenzyme group, especially in the *flavin-dependent monooxygenase* (FMO) category C. The Llm protein is known to have catalytic activity and a mechanism similar to *Baeyer-Viliger monooxygenase* (BVMO) type II. In previous research, the expression and purification of recombinant Llm1 and Llm2 proteins have been conducted. The results from previous studies indicate that the Llm2 protein has lower solubility compared to Llm1, even soluble up to more than 60-69%. In this study, an in silico analysis of solubility in Llm, especially in Llm2, was conducted. The analysis began with phylogenetic analysis, sequence alignment, physicochemical property analysis, secondary structure analysis, and tertiary structure analysis. The findings show that Llm1 and Llm2 share the same homologous proteins with some Llm proteins from different bacteria. Llm1 and Llm2 have almost similar characteristics. However, there are some different amino acid residues that lead to residues with low aliphatic properties for Llm2. The limited aliphatic amino acid residues in Llm2 can be a factor in the formation of inclusion bodies that occur in Llm2 proteins. This is because the protein becomes less stable to heat, making it prone to forming inclusion bodies and resulting in low solubility.

**Keywords:** In silico Analysis, Inclusion Bodies, Luciferase-like monooxygenase, Protein Solubility.