

GENOMIC COMPARISON OF *Lactobacillus casei* AP and *Lactobacillus plantarum* DR131 WITH EMPHASIZE ON THE BUTYRIC ACID BIOSYNTHESIS PATHWAYS

Aditya Lutfé Ariani

17/419959/PMU09170

ABSTRACT

The ability of Lactic Acid Bacteria (LAB) strains to produce butyric acid fulfills the probiotic criteria in the production aspect and increase of the efficacy of fermented products. Two strains of LAB, *Lactobacillus casei* AP and *Lactobacillus plantarum* DR131 can experimentally produce butyrate. However, the genes and metabolic pathways relevant to this process remain unknown. In this study, the whole genomes of *L. casei* AP and *L. plantarum* DR131 were sequenced with genome sizes of 2,950,000 bp and 4,440,000 bp, respectively. The predicted number of coding genes is 2,870 and 3,069, respectively. Comprehensive annotation was carried out for *L. casei* AP and *L. plantarum* DR131 genes with the genomes of other *L. casei* and *L. plantarum* strains. Among the butyric acid synthase genes, we identified the terminal genes *buk* (butyrate kinase) and *ptb* (phosphate butyryl transferase), albeit only in *L. casei* AP. Thus, *L. casei* AP employs the butanoate pathway as the main pathway in the synthesis of butyric acid, while *L. plantarum* DR131 employs the fatty acid pathway. The genomic features and gene annotations of *L. casei* AP and *L. plantarum* DR131 provided by this study can guide experimental research towards the choice of the best combination of microorganisms and substrates to optimize butyric acid production.

Keywords: Butyric acid, genomic, lactic acid bacteria (LAB)

PERBANDINGAN GENOMIK *Lactobacillus casei* AP DAN *Lactobacillus plantarum* DR131 DENGAN PENEKANAN PADA JALUR BIOSINTESIS ASAM BUTIRAT

Aditya Lutfé Ariani

17/419959/PMU/09170

INTISARI

Kemampuan strain Bakteri Asam Laktat (BAL) dalam menghasilkan asam butirat memenuhi kriteria probiotik dalam aspek produksi dan menambah nilai *efficacy* dari produk fermentasi. Dua strain BAL, *Lactobacillus casei* AP dan *Lactobacillus plantarum* DR131 secara eksperimental dapat menghasilkan butirat. Namun, gen dan jalur metabolisme yang relevan dengan proses ini masih belum diketahui. Pada penelitian ini, seluruh genom *L. casei* AP dan *L. plantarum* DR131 berhasil diurutkan dengan ukuran genom masing-masing 2.950.000 bp dan 4.440.000. Jumlah *coding gene* yang diprediksi masing-masing 2.870 dan 3.069. Anotasi komprehensif dilakukan untuk gen *L. casei* AP dan *L. plantarum* DR131 dengan genom strain *L. casei* dan *L. plantarum* lainnya. Diantara gen sintesis butirat, teridentifikasi gen terminal butirat kinase (*buk*) dan phosphate butyryl transferase (*ptb*), meskipun hanya di *L. casei* AP. Berdasarkan hasil tersebut, *L. casei* AP menggunakan jalur butanoat melalui konversi butyrate kinase sebagai jalur utama dalam sintesis asam butirat, sedangkan *L. plantarum* DR131 menggunakan jalur asam lemak. Fitur genomik dan anotasi gen dari *L. casei* AP dan *L. plantarum* DR131 yang disediakan oleh penelitian ini dapat memandu penelitian eksperimental menuju pilihan kombinasi terbaik antara mikroorganisme dan substrat untuk mengoptimalkan produksi asam butirat.

Kata kunci: Asam butirat, genomik, bakteri asam laktat (BAL)