

ABSTRAK

Galbibacter pasificus PAP.153 merupakan bakteri simbiosis spons laut yang memiliki potensi dalam menghasilkan senyawa metabolit sekunder. Metabolit sekunder berperan penting dalam pengembangan ilmu bioteknologi, terutama dalam penemuan senyawa bioaktif baru. Dalam penemuan ini memerlukan adanya bantuan analisis genomik dan metabolomik guna mengidentifikasi *Biosynthesis Gene Clusters* (BGCs) yang berperan dalam sintesis senyawa metabolit sekunder. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis profil genomik dan metabolomik *G. pasificus* PAP.153 sebagai upaya eksplorasi senyawa bioaktif baru. Analisis genomik dilakukan menggunakan *website* antiSMASH 7.1.0 dan analisis metabolomik dilakukan dengan menganalisa *supernatant*, hasil ekstraksi aseton 5% dan metanol metabolit sekunder *G. pasificus* PAP.153 yang dikultur pada media LB dan NB. Analisis metabolomik dilakukan menggunakan metode LC-HRMS dan pendekatan *molecular networking* GNPS dan Cytoscape. Hasil analisis genomik menunjukkan adanya 4 kluster BGCs yang terdiri atas terpene, arylpolyene, dan resorcinol. Salah satu kluster menunjukkan kemiripan 75% dengan kluster flexirubin. Analisis metabolomik mendeteksi adanya 256 *node* dan 4 senyawa bioaktif terdereplikasi yaitu 1,2-dipalmitoyl-sn-glycero-3-phosphoethanolamine, PE-DAG 15:0 16:1, laxaphycin D, dan sarmentoside B. *Supernatant* menunjukkan *node* terbanyak dibandingkan ekstrak aseton 5% dan metanol yang mengindikasikan bahwa banyak senyawa bioaktif terdapat pada bagian ekstraselular. Flexirubin sebagai senyawa target dalam penelitian ini tidak teridentifikasi dalam hasil analisis metabolomik diduga karena kurangnya waktu inkubasi. Penelitian ini memperkuat potensi *G. pasificus* PAP.153 sebagai kandidat sumber senyawa bioaktif baru dari lingkungan laut dan penting untuk diteliti lebih lanjut.

Kata kunci: BGCs; *Galbibacter pasificus* PAP.153; LC-HRMS; genomik; metabolit sekunder; metabolomik.

ABSTRACT

Galbibacter pasificus PAP.153 is a symbiotic bacterium of marine sponges that has the potential to produce secondary metabolite compounds. Secondary metabolites have potential applications in biotechnology, especially in discovering new bioactive compounds. This discovery requires genomic and metabolomic analyses to identify Biosynthesis Gene Clusters (BGCs) involved in the biosynthesis of secondary metabolite compounds. This study aims to analyze the genomic and metabolomic profiles of *G. pasificus* PAP.153 as part of an effort to explore novel bioactive compounds. Genomic analysis was conducted using the antiSMASH 7.1.0 web platform, while metabolomic analysis was performed by examining the supernatant and extracts obtained with 5% acetone and methanol from *G. pasificus* PAP.153 which cultured in LB and NB media. Metabolite profiling was carried out using LC-HRMS combined with a molecular networking approach via GNPS and Cytoscape. Genomic analysis revealed four biosynthetic gene clusters (BGCs), including terpene, arylpolyene, and resorcinol clusters. One of the clusters showed 75% similarity to the flexirubin biosynthetic cluster. Metabolomic analysis identified 256 molecular nodes, with four dereplicated compounds: 1,2-dipalmitoyl-sn-glycero-3-phosphoethanolamine, PE-DAG 15:0 16:1, laxaphycin D, and sarmentoside B. The supernatant yield was the highest number of nodes compared to the 5% acetone and methanol extracts, indicated a large number of polar bioactive compounds was retained in the aqueous medium. Flexirubin, the target compound in this study, was not detected in the metabolomic data, possibly due to insufficient incubation time. Further research is needed to identify the unknown compounds and to extend the incubation period. This study confirmed that *G. pasificus* PAP.153 is a marine derived source of novel compounds and showed that further research is needed.

Keywords: BGCs; *Galbibacter pasificus* PAP.153; genomics; LC-HRMS; metabolomics; secondary metabolites.