

Optimasi Kultivasi *Euglena gracilis* G.A.Klebs dengan Perlakuan Fotoperiode dan Spektrum Cahaya Serta Variasi CO₂ untuk Meningkatkan Kandungan Paramilon dan Lipid

Oleh: Tia Erfianti
(22/507120/SBI/00220)

INTISARI

Euglena gracilis merupakan mikroalga fotosintetik yang mampu bertahan pada lingkungan ekstrem dan konsentrasi CO₂ tinggi, menjadikannya kandidat potensial dalam pemanfaatan bioenergi dan mitigasi emisi karbon. Penelitian ini bertujuan *mengisolasi E. gracilis* dari alam, mengidentifikasi karakter morfologis dan molekulernya menggunakan marker 18S rDNA, serta mengevaluasi kemampuan fiksasi CO₂ melalui pendekatan transkriptomik dan metabolomik. Perlakuan diberikan dalam bentuk variasi konsentrasi CO₂ (5%, 15%, dan 30%) serta spektrum cahaya (putih dan biru) dengan fotoperiode 24:0. Hasil menunjukkan bahwa pada CO₂ 5% dan cahaya putih, *E. gracilis* menunjukkan pertumbuhan optimal dan peningkatan produksi metabolit. Cahaya biru meningkatkan sintesis pigmen fotosintetik, sedangkan cahaya putih meningkatkan akumulasi lipid dan paramilon. Ukuran sel berkisar antara 25,39–37,22 µm dengan morfologi memanjang. Analisis transkriptomik menggunakan RNA-Seq dan qRT-PCR menunjukkan peningkatan ekspresi gen kunci seperti *RubisCO* pada jalur fiksasi karbon, dan *accD* pada jalur biosintesis asam lemak. Sementara itu, analisis metabolomik berbasis GC/MS menunjukkan peningkatan akumulasi senyawa metabolit yang relevan, seperti lipid dan paramilon, terutama pada perlakuan CO₂ 5%. Korelasi antara data transkriptomik dan metabolomik memperlihatkan bahwa peningkatan ekspresi gen-gen tersebut sejalan dengan akumulasi metabolit hasil biosintesisnya. Pada penelitian ini, ekspresi tinggi *accD* berkorelasi dengan peningkatan kadar lipid, sedangkan *EgGSL1* berkaitan dengan peningkatan paramilon. Hal ini menunjukkan bahwa regulasi ekspresi gen secara langsung memengaruhi jalur metabolik yang aktif di bawah kondisi stres tertentu. Batas toleransi CO₂ pada mikroalga berbeda-beda tergantung pada spesies tersebut. *Euglena gracilis* dilaporkan mampu bertahan pada konsentrasi CO₂ hingga 45%. Pada penelitian ini, perlakuan CO₂ 15% dan 30%, menunjukkan penurunan pertumbuhan dan ekspresi gen, menunjukkan efek toksik dan penurunan aktivitas metabolisme. Secara keseluruhan, integrasi data transkriptomik dan metabolomik dalam studi ini memberikan pemahaman menyeluruh mengenai mekanisme respons molekuler *E. gracilis* terhadap stres CO₂ dan cahaya, serta mendukung potensinya dalam aplikasi bioteknologi seperti bioenergi, pangan fungsional, dan produk farmasi berbasis mikroalga.

Kata Kunci: Analisis Transkriptomik, Carbon Fixation Pathway, *E. gracilis*, Paramilon, qRT-PCR.

Optimization of *Euglena gracilis* G.A.Klebs Cultivation through Photoperiod and Light Spectrum Treatments and CO₂ Variation to Enhance Paramylon and Lipid Content

By: Tia Erfianti
(22/507120/SBI/00220)

ABSTRACT

Euglena gracilis is a photosynthetic microalga capable of surviving in extreme environments and high CO₂ concentrations, making it a potential candidate for bioenergy production and carbon emission mitigation. This study aimed to isolate *E. gracilis* from its natural environment, identify its morphological and molecular characteristics using the 18S rDNA marker, and evaluate its CO₂ fixation capacity through transcriptomic and metabolomic approaches. Treatments were applied in the form of varying CO₂ concentrations (5%, 15%, and 30%) and light spectra (white and blue) under a 24:0 photoperiod. The results showed that at 5% CO₂ and white light, *E. gracilis* exhibited optimal growth and increased metabolite production. Blue light enhanced photosynthetic pigment synthesis, while white light promoted the accumulation of lipids and paramylon. Cell size ranged between 25.39–37.22 µm with an elongated morphology. Transcriptomic analysis using RNA-Seq and qRT-PCR revealed upregulated expression of key genes, such as *RubisCO* in the carbon fixation pathway and *accD* in the fatty acid biosynthesis pathway. Meanwhile, metabolomic analysis based on GC/MS revealed an increased accumulation of relevant metabolites, including lipids and paramylon, particularly under 5% CO₂ treatment. Correlation between transcriptomic and metabolomic data demonstrated that the upregulation of these genes aligned with the accumulation of their respective biosynthetic metabolites. In this study, high *accD* expression correlated with increased lipid content, while *EgGSL1* was associated with enhanced paramylon production. This indicates that gene expression regulation directly affects active metabolic pathways under certain stress conditions. CO₂ tolerance limits in microalgae vary depending on the species. *E. gracilis* has been reported to survive CO₂ concentrations up to 45%. In this study, 15% and 30% CO₂ treatments showed reduced growth and gene expression, indicating toxic effects and decreased metabolic activity. Overall, the integration of transcriptomic and metabolomic data in this study provides a comprehensive understanding of the molecular response mechanisms of *E. gracilis* to CO₂ and light stress, supporting its potential for biotechnological applications such as bioenergy, functional food, and microalgae-based pharmaceutical products.

Keywords: *Transcriptomic Analysis, Carbon Fixation Pathway, E. gracilis, Paramylon, qRT-PCR.*