



Respon Komunitas Mikroba Terimobilisasi terhadap Stres Termal pada Peruraian Anaerob *Palm Oil Mill Effluent*

Deni Frans Sakka^{1*} dan Christina Aryanti Pada Soa¹

¹Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Makassar, Makassar.
Sulawesi Selatan, Indonesia.

*Penulis Korespondensi: deni.frans.sakka@unm.ac.id

Diterima: 03 Oktober 2025 — Disetujui: 14 November 2025 — Dipublikasi: 06 Desember 2025

ABSTRAK

Penelitian ini mengevaluasi respon komunitas mikroba terimobilisasi terhadap stres termal dalam peruraian anaerob limbah cair pabrik kelapa sawit (*Palm Oil Mill Effluent*/POME). Reaktor anaerob dijalankan pada kondisi termofilik (55 °C) dengan variasi media imobilisasi, yaitu zeolit alam dan kain jaring sintesis. Hari ke-30, sistem diberi perlakuan stres termal (100 °C) untuk menguji daya pulih komunitas mikroba yang terimobilisasi. Analisis berbasis sekuensing gen 16S rRNA menunjukkan bahwa sebelum perlakuan, komunitas mikroba antar reaktor relatif stabil, didominasi oleh kelompok asetogenik dan metanogenik. Namun, setelah stres termal, reaktor kontrol dan berbasis kain jaring sintesis mengalami penurunan signifikan pada mikroba fungsional serta peningkatan patogen oportunistik (*Salmonella*, *Escherichia-Shigella*). Sebaliknya, reaktor dengan zeolit mampu pulih dan menjaga dominasi mikroba fungsional dan menekan proliferasi patogen. Hasil ini menegaskan bahwa zeolit berperan sebagai media imobilisasi yang efektif untuk meningkatkan resiliensi komunitas mikroba terhadap stres termal pada proses peruraian anaerob POME.

Kata kunci: POME, stres termal, komunitas mikroba, zeolit alam, kain jaring sintesis

ABSTRACT

This study investigates the response of immobilized microbial communities to thermal stress during anaerobic digestion of palm oil mill effluent (POME). Thermophilic reactors (55 °C) were operated with different immobilization media, namely natural zeolite and synthetic mesh. On day 30, the systems were subjected to thermal shock (100 °C) to assess microbial resilience. 16S rRNA gene sequencing revealed that before treatment, microbial communities across reactors remained stable, dominated by acetogenic and methanogenic groups. After thermal stress, both control and mesh-based reactors exhibited a significant decline in functional microbes alongside an increase in opportunistic pathogens (*Salmonella*, *Escherichia-Shigella*). In contrast, zeolite-based reactors were able to recover and maintain functional microbial dominance while suppressing the proliferation of pathogens. These findings demonstrate that natural zeolite serves as an effective immobilization medium to enhance microbial community resilience against thermal stress in POME anaerobic digestion.

Keywords: POME, thermal stress, microbial community, natural zeolite, synthetic mesh

PENDAHULUAN

Industri kelapa sawit merupakan salah satu sektor industri yang memberikan kontribusi dan manfaat yang besar bagi bangsa Indonesia, namun disisi lain, industri ini juga menghasilkan limbah cair (*Palm Oil Mill Effluent*/POME) dalam jumlah yang besar. Menurut Pusat Data dan Sistem Informasi Pertanian, (2024), Indonesia memproduksi *Crude palm oil* (CPO) sebesar 46,99 juta ton pada tahun 2023 dan diperkirakan limbah POME dihasilkan 2,5 ton untuk setiap ton CPO (Irvan, 2018). Artinya, dalam satu tahun, Indonesia dapat menghasilkan limbah POME sebanyak 117,48 juta ton. POME diketahui mengandung senyawa organik dengan konsentrasi tinggi, seperti karbohidrat, protein, lipid,

dan senyawa nitrogen (Garritano et al., 2018), sehingga apabila tidak diolah, POME dapat mencemari lingkungan.

Berbagai metode telah diterapkan untuk mengolah POME, seperti koagulasi, adsorpsi, peruraian aerob, maupun peruraian anaerob. Di antara metode tersebut, peruraian anaerob dinilai paling efektif karena mampu menghasilkan energi berupa biogas, menurunkan kadar organik dengan efektivitas yang tinggi, serta menghasilkan residu yang dapat dimanfaatkan sebagai pupuk organik (Otieno & Apollo, 2021; Shafie et al., 2017; Zhang et al., 2023). Faktor lingkungan seperti suhu sangat berpengaruh pada sistem peruraian anaerob. Beberapa penelitian sebelumnya mengemukakan bahwa peruraian anaerob secara termofilik memiliki efektivitas yang lebih baik dibandingkan mesofilik (Khadaroo et al., 2020; Krishnan et al., 2016). Peruraian anaerob secara termofilik mampu meningkatkan laju fermentasi dan pertumbuhan mikroba sehingga diperoleh biogas yang lebih tinggi dengan kadar metana yang lebih besar (Hu & Shen, 2024; Khadaroo et al., 2020). Namun, mikroba sangat sensitif terhadap perubahan suhu, sehingga diperlukan pengawasan yang ketat untuk menjaga stabilitas suhu. Kerusakan pada sensor suhu maupun sumber listrik, dapat menyebabkan peningkatan suhu yang tidak terkontrol sehingga dapat menghambat aktivitas mikroba di dalam sistem.

Mikroba berperan penting dalam menentukan kualitas proses, hasil biogas, serta kualitas efluen dari sistem. Oleh sebab itu, diperlukan kondisi yang stabil agar komunitas mikroba dalam sistem dapat bekerja dengan baik. Selain faktor stres termal, masalah lain yang sering terjadi adalah adanya efek *washout* atau hilangnya mikroorganisme dari sistem seiring dengan peningkatan laju umpan alir pada proses kontinyu. Oleh sebab itu, diperlukan upaya untuk mengatasi masalah tersebut agar komunitas mikroba tetap stabil di dalam sistem. Salah satu upaya yang dapat dilakukan adalah dengan menambahkan media imobilisasi ke dalam reaktor. Media imobilisasi menyediakan permukaan bagi mikroorganisme untuk melekat, sehingga dapat mengurangi kehilangan biomassa serta meningkatkan ketahanan terhadap perubahan lingkungan (Zur et al., 2016). Zeolit alam dan kain jaring sintesis dipilih dalam penelitian ini karena memiliki porositas tinggi, luas permukaan besar, serta stabil terhadap kondisi kimia (Pörtner & Faschian, 2019; Zdarta et al., 2018).

Penelitian tentang penggunaan media imobilisasi pada peruraian anaerob telah banyak dilakukan, namun penerapannya pada kondisi termofilik dengan substrat POME masih terbatas. Selain itu, belum ditemukan kajian yang secara khusus membandingkan respons komunitas mikroba yang terimobilisasi pada kedua media tersebut terhadap stres termal. Oleh karena itu, penelitian ini dilakukan untuk mengkaji respons komunitas mikroba terimobilisasi pada media zeolit alam dan kain jaring sintesis terhadap stres termal dalam peruraian anaerob termofilik limbah POME. Temuan penelitian ini diharapkan dapat dijadikan sebagai acuan dalam pemilihan media imobilisasi yang tepat untuk meningkatkan ketahanan reaktor dan memberikan gambaran menyeluruh mengenai kestabilan komunitas mikroba terhadap stres lingkungan, khususnya perubahan suhu mendadak pada proses termofilik, serta peran spesifik kelompok mikroba dominan dalam menjaga keberlanjutan proses degradasi organik pada sistem peruraian anaerob berbasis POME.

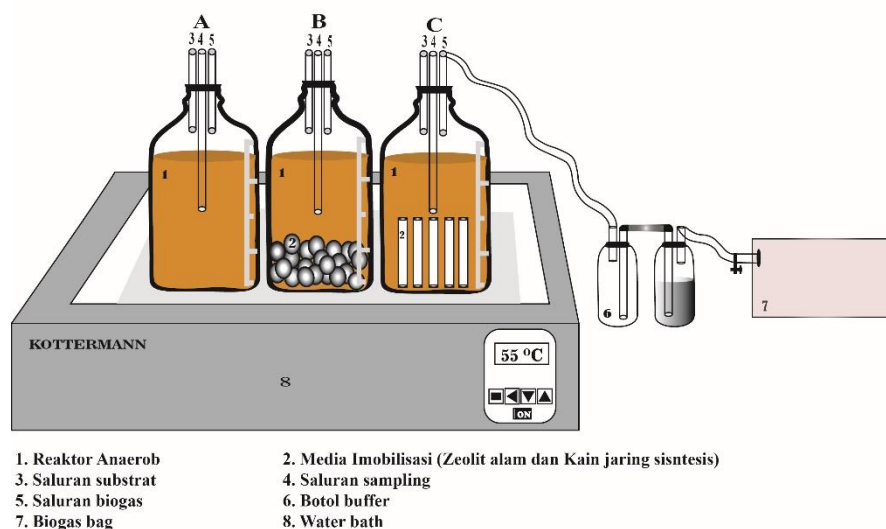
METODE PENELITIAN

Alat dan Bahan

Penelitian ini menggunakan limbah POME yang diperoleh dari PT. Perkebunan Nusantara VII (Lampung, Indonesia) dengan kadar COD awal 20.000 mg/L. Inokulum berupa kotoran sapi dari digester mesofilik di Kaliurang, Sleman, Yogyakarta dengan COD 17.500 mg/L. Analisis proksimat dilakukan untuk mengetahui kandungan biokimia dari POME. Media imobilisasi yang digunakan yaitu

zeolit alam (asal Tasikmalaya, Jawa Barat) dan kain jaring sintesi yang diperoleh dari toko kain di Sleman, Yogyakarta. Zeolit alam yang digunakan terlebih dahulu diayak untuk memperoleh zeolit dengan ukuran >2 mm, kemudian dibersihkan lalu dikeringkan di dalam oven selama 3 jam, sedangkan kain jaring serat dililitkan pada batang silinder berbahan kaca dengan diameter 1,5 cm dan tinggi 10 cm (Sakka et al., 2022).

Reaktor anaerob menggunakan botol Duran dengan volume 1 liter yang dilengkapi dengan tiga saluran yakni input substrat, saluran sampling, dan saluran biogas. Reaktor ditempatkan dalam *water bath* pada suhu 55 °C. Perlakuan terdiri atas: reaktor kontrol (tanpa media), reaktor dengan zeolit, dan reaktor dengan Kain Serat.



Gambar 1. Rangkaian alat peruraian anaerob (A: Kontrol; B: Zeolit alam; C: Kain jaring sintesis), (dimodifikasi dari Sakka et al., 2022)

Proses Peruraian Anaerob

Masing-masing reaktor diinokulasi dengan 700 mL kotoran sapi, kemudian ditambahkan media imobilisasi sesuai perlakuan. Semua reaktor dimasukkan ke dalam *water bath* yang telah diatur suhunya pada 55 °C. Setelah proses aklimatisasi, substrat POME dimasukkan dengan beban organik 0,265 g/L/hari, 0,380 g/L/hari, dan 0,533 g/L/hari. Dilakukan pengukuran pH setiap hari untuk memastikan stabilitas pH dalam sistem. Pada hari ke-30, seluruh reaktor diberikan stres termal 100 °C. Sampel diambil sebelum (hari ke-25) dan sesudah perlakuan (hari ke-45) untuk analisis asam lemak rantai pendek (*short-chain fatty acids/SCFAs*) serta identifikasi mikroba. Analisis SCFA dilakukan di laboratorium uji Teknologi Pangan dan Hasil Pertanian, Fakultas Teknologi Pertanian UGM dengan menggunakan GC-MS.

Analisis Mikrobiologi

Sampel yang dianalisis adalah sampel substrat, inokulum, dan sampel dari setiap reaktor. Sampel dari masing-masing reaktor diperoleh sebelum adanya stres termal (hari ke-25) dan sesudah stres termal (hari ke-45). Setiap sampel diberi kode dengan huruf singkatan setiap media diikuti angka sesuai urutan waktu pengambilan sampel yang dituliskan pada Tabel 1. Identifikasi mikroba diawali dengan isolasi DNA menggunakan kit dari Zymo Research Quick-DNA™ Fecal/Soil Microbe Miniprep Kit D6010. Kemudian isolat DNA diuji kemurniannya menggunakan nanodrop (Maestrogen, Taiwan). Setelah itu, fragmen sampel diamplifikasi menggunakan primer universal 515F (GTGCCAGCMGCCGCGGTAA) dan 806R (GGACTACHVGGGTWTCTAAT), yang menargetkan wilayah V4 dari gen 16S rRNA

bakteri dan arkea dengan hasil fragmen DNA sepanjang 300 bp. Amplifikasi PCR dilakukan menggunakan Phusion® High-Fidelity PCR Master Mix (New England Biolabs, AS). Amplikon diverifikasi pada gel agaros 1%, dan sampel yang menunjukkan pita bening pada 400–450 bp digabungkan pada rasio ekuimolar dan dimurnikan dengan Qiagen Gel Extraction Kit (Qiagen, Jerman). Produk yang telah dimurnikan diurutkan pada platform Illumina NovaSeq 6000 (Illumina, AS) oleh NovogeneAIT Genomics Singapore Pte. Ltd. (Singapura).

Tabel 1. Kode/Nama Sampel

No	Reaktor/Sampel	Nama Sampel	
		Sebelum stres termal	Sesudah stres termal
1	POME	P	
2	Inokulum	I	
3	Reaktor Kontrol	K1	K2
4	Reaktor Zeolit alam A	ZA1	ZA2
5	Reaktor Zeolit alam B	ZB1	ZB2
6	Reaktor Kain Sintesis A	KSA1	KS2
7	Reaktor Kain Sintesis B	KSB1	KSB2

HASIL DAN PEMBAHASAN

Analisis Biokimia Limbah

Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi respons komunitas mikroba yang terimobilisasi terhadap stres termal dalam sistem peruraian anaerob dengan *palm oil mill effluent* (POME) sebagai substrat utama. Sebelum digunakan, POME terlebih dahulu dikarakterisasi untuk mengetahui komposisi proksimat dan nilai *chemical oxygen demand* (COD). Hasil analisis menunjukkan bahwa POME memiliki kandungan bahan organik yang tinggi, terutama berupa protein, lipid, dan karbohidrat, dengan nilai COD mencapai sekitar 20.000 mg/L (Tabel 2), sehingga berpotensi besar sebagai bahan baku produksi biogas maupun asam lemak volatil.

Selama proses peruraian anaerob, POME diurai dalam reaktor anaerob yang telah diisi dengan biomassa dan media imobilisasi. Pada hari ke-25 sampel pertama dari masing-masing reaktor dikumpulkan lalu kemudian reaktor diberi perlakuan stres termal (hari ke-30). Setelah masa pemulihan, sampel dari masing-masing reaktor kembali dikumpulkan (hari ke-45) untuk analisis lebih lanjut. Evaluasi dinamika komunitas mikroba dilakukan menggunakan pendekatan sekuensing gen 16S rRNA, yang memungkinkan identifikasi perubahan struktur komunitas mikroba pada tingkat taksonomi tertentu. Sumber mikroba atau inokulum yang berasal dari kotoran sapi turut diidentifikasi untuk melihat perbedaan profil mikroorganismenya. Hasil identifikasi (Tabel 3) menunjukkan adanya variasi dominasi genus antara POME dan inokulum.

Tabel 2. Karakteristik POME

No.	Element	Hasil
1	COD, mg/L	20,000 ± 600
2	air, %	98,30 ± 0,11
3	abu, %	0,34 ± 0,02
4	Protein, %	0,21 ± 0,00
5	Lemak, %	0,06 ± 0,01
6	Karbohidrat, %	1,11 ± 0,12

Pada POME, komunitas mikroba didominasi oleh beberapa genus utama, yaitu *Arcobacter* (30,25%), *Acetobacter* (21,88%), *Caproiciproducens* (11,93%), dan *Xanthobacter* (10,41%) sebagai

bakteri asetogenik yang berperan mengonversi produk asidogenesis menjadi asam asetat dan senyawa antara lainnya (Ao et al., 2019; Rabii et al., 2019; Urakami et al., 1995). Genus *Pseudoclavibacter* (20,61%), *Clostridiales* (12,48%), dan *Sphingomonas* (7,73%) dikategorikan sebagai bakteri hidrolitik yang berfungsi mendegradasi senyawa organik kompleks menjadi molekul sederhana yang dapat digunakan pada tahap selanjutnya (Sun et al., 2015; Yang et al., 2020).

Sebaliknya, pada inokulum kotoran sapi, komunitas mikroba didominasi oleh kelompok *Tepidiphilus* (34,02%), dan metanogen seperti *Methanosaeta* (15,48%), dan *Methanomassiliicoccus* (1,91%). Genus *Tepidiphilus* merupakan bakteri asidogenik yang berperan dalam memproduksi VFA (X. Li et al., 2025; Lu et al., 2022), sedangkan genus *Methanosaeta* dan *Methanomassiliicoccus* dikenal sebagai asetoklastik metanogen yang sangat efisien memanfaatkan asetat pada konsentrasi rendah (W. Li et al., 2019; Zhou et al., 2016), sedangkan *Methanothermobacterium* (2,35%) dan *Methanoculleus* (1,47%) berfungsi sebagai hidrogenotrof yang menjaga tekanan parsial H_2 tetap rendah sehingga mendukung kestabilan asidogenesis (Gaby et al., 2017). Keberadaan *Methanosarcina* (1,26%) menambah fleksibilitas sistem karena mampu menggunakan berbagai substrat (asetat, H_2/CO_2 , dan metanol) untuk metanogenesis (Ao et al., 2019; Walter et al., 2015).

Selain metanogen, ditemukan pula genus *Candidatus Cloacimonas* (6,33%) dan *Fervidobacterium* (5,64%) pada inokulum kotoran sapi, yang masing-masing berperan dalam degradasi protein serta hidrolisis selulosa pada kondisi termofilik (Javier-Lopez et al., 2023; Johnson & and Laura A. Hug, 2021). Hal ini mengindikasikan bahwa inokulum kotoran sapi tidak hanya menyumbang mikroba metanogen, tetapi juga konsorsium fermentatif yang melengkapi degradasi substrat kompleks dari POME. Secara keseluruhan, kombinasi komunitas POME dan inokulum kotoran sapi menghasilkan konsorsium sinergis. POME kaya akan bakteri fermentatif penghasil VFA, sementara inokulum menyediakan populasi metanogen yang stabil dalam mengonversi VFA, H_2 , dan CO_2 menjadi CH_4 . Temuan ini sejalan dengan penelitian sebelumnya bahwa keberadaan komunitas mikroba yang seimbang antara fermentatif dan metanogenik sangat menentukan resiliensi sistem terhadap stres lingkungan dan efisiensi produksi biogas (Hashemi et al., 2021; Manzanera, 2025; Yuan et al., 2025).

Table 3. Genus Dominan pada POME dan Inokulum

No.	POME		Inokulum	
	Genus	Kelimpahan Relatif (%)	Genus	Kelimpahan Relatif (%)
1	<i>Arcobacter</i>	30,25	<i>Tepidiphilus</i>	34,02
2	<i>Acetobacter</i>	21,88	<i>Methanosaeta</i>	15,48
3	<i>Pseudoclavibacter</i>	20,61	<i>Candidatus_Cloacimonas</i>	6,33
4	<i>Rickettsiales</i>	14,46	<i>Fervidobacterium</i>	5,64
5	<i>Clostridiales</i>	12,48	<i>Ureibacillus</i>	4,72
6	<i>Caproiciproducens</i>	11,93	<i>unidentified_Clostridiales</i>	4,28
7	<i>Xanthobacter</i>	10,41	<i>Haloplasma</i>	3,16
8	<i>Sphingomonas</i>	7,73	<i>Proteiniclasticum</i>	3,16
9	<i>Methanobacterium</i>	6,41	<i>Lutispora</i>	3,03
10	<i>Desulfosporosinus</i>	5,64	<i>Solibacillus</i>	2,97
11	<i>Methylobacterium</i>	4,05	<i>Exiguobacterium</i>	2,95
12	<i>Bacillus</i>	3,92	<i>Bacillus</i>	2,94
13	<i>Geovibrio</i>	3,80	<i>Syntrophus</i>	2,70
14	<i>Solibacillus</i>	3,32	<i>Methanothermobacter</i>	2,35
15	<i>Herbaspirillum</i>	3,26	<i>Turicibacter</i>	2,10
16	<i>Exiguobacterium</i>	3,09	<i>Christensenellaceae</i>	2,05
17	<i>Sporolactobacillus</i>	2,82	<i>Coprothermobacter</i>	1,93

18	<i>Methanothermobacter</i>	2,68	<i>Methanomassiliicoccus</i>	1,91
19	<i>Xanthomonadaceae</i>	2,48	<i>Caldicoprobacter</i>	1,62
20	<i>Brevibacterium</i>	2,47	<i>Geovibrio</i>	1,49
21	<i>Oxobacter</i>	2,16	<i>Methanoculleus</i>	1,47
22	<i>Dysgonomonas</i>	2,02	<i>Romboutsia</i>	1,36
23	<i>Rothia</i>	1,82	<i>unidentified_Atribacteria</i>	1,36
24	<i>unidentified_Rhizobiaceae</i>	1,59	<i>Thermogutta</i>	1,29
25	<i>Leuconostoc</i>	1,38	<i>Methanosarcina</i>	1,26

Populasi Mikroba pada Proses Peruraian Anaerob

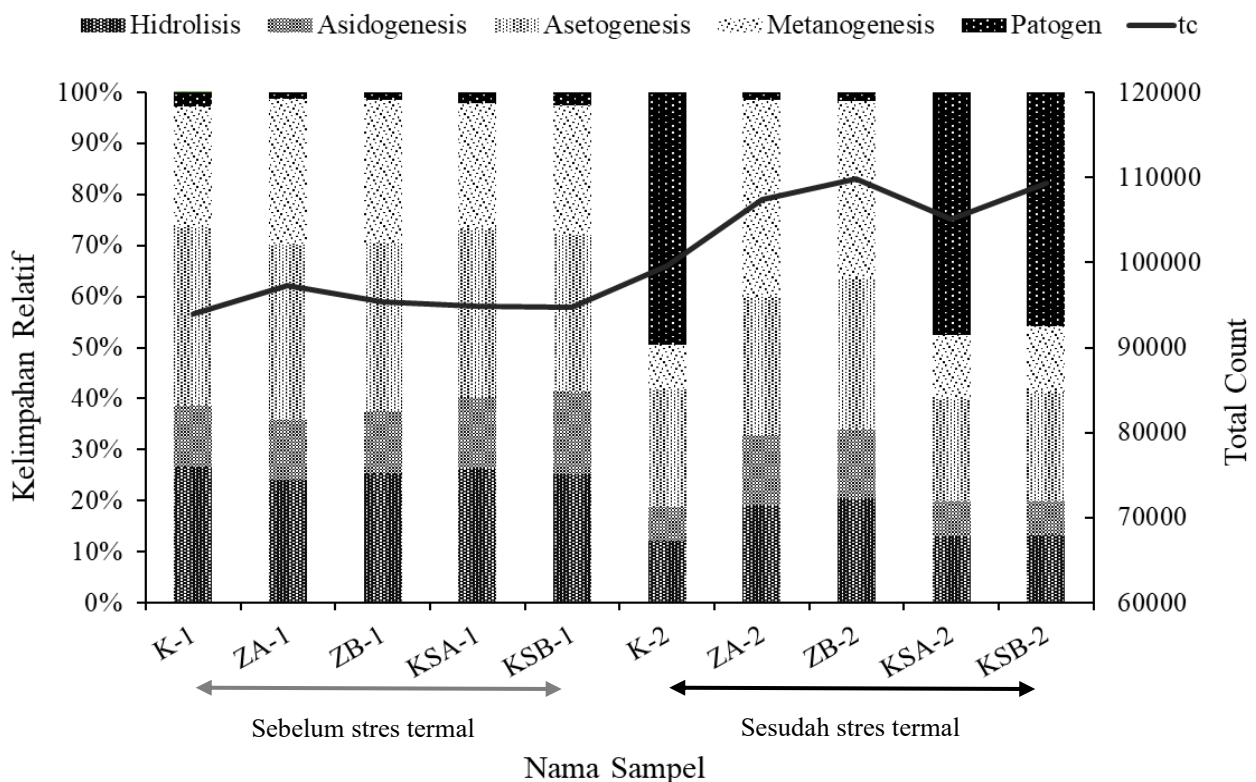
Proses peruraian anerob melalui empat tahapan utama, yaitu hidrolisis, asidogenesis, asetogenesis, dan metanogenesis. Setiap tahap dicirikan oleh aktivitas mikroba yang berbeda-beda yang bekerja secara simbiosis untuk mengonversi bahan organik kompleks menjadi metana. Mikroorganisme memiliki peran yang sangat krusial pada setiap tahap proses, memediasi transformasi biokimia yang memungkinkan fungsionalitas sistem secara keseluruhan.

Pada tahap hidrolisis, bakteri hidrolitik menguraikan makromolekul kompleks, meliputi karbohidrat, lipid, dan protein, menjadi senyawa sederhana seperti, glukosa, asam lemak, asam amino, dan peptida. Senyawa-senyawa tersebut kemudian dimanfaatkan oleh bakteri asidogenik untuk menghasilkan asam lemak rantai pendek (*short-chain fatty acids*/SCFAs), seperti asam laktat, butirat, dan propionat. Selanjutnya, dalam tahap asetogenesis, bakteri asetogenik mengoksidasi SCFAs menjadi asam asetat, hidrogen (H_2), dan karbon dioksida (CO_2). Tahap akhir, yaitu metanogenesis, dilakukan oleh arkea metanogenik yang mengonversi asam asetat, H_2 , dan CO_2 menjadi metana (CH_4), yang merupakan produk utama dari proses peruraian anaerob.

Hasil analisis identifikasi mikroba berbasis sekuensing gen 16S rRNA menunjukkan bahwa sebelum perlakuan stres termal, tidak terdapat perbedaan signifikan kelimpahan komunitas mikroba antar reaktor. Jumlah sekuens yang terdeteksi berada pada kisaran 94.000 hingga 98.000 (Gambar 2, sampel kode 1), dengan kontribusi terbesar berasal dari kelompok mikroba asetogenik dan metanogenik. Kondisi tersebut mengindikasikan bahwa pada operasi normal, konsorsium mikroba dalam sistem memiliki stabilitas dan resiliensi yang baik untuk menjaga kesinambungan metabolisme.

Namun demikian, perlakuan stres termal memicu perubahan struktur komunitas mikroba secara nyata. Baik reaktor kontrol (K-2) maupun reaktor berbasis kain jaring sintesis (KSA-2 dan KSB-2), terjadi penurunan signifikan pada kelimpahan relatif kelompok mikroba yang berperan pada tahap hidrolisis, asidogenesis, asetogenesis, dan metanogenesis. Penurunan ini berimplikasi pada berkurangnya efisiensi serta efektivitas proses peruraian secara keseluruhan. Temuan tersebut sejalan dengan penelitian sebelumnya oleh Wang et al. (2021), yang menyatakan bahwa stres termal dapat mendestabilisasi konsorsium mikroba dan mengurangi kapasitas mereka dalam menjaga kerja sama metabolik pada sistem peruraian anaerob. Pergeseran ini membuka niche ecology yang kemudian diisi oleh mikroba patogen oportunistik seperti *Salmonella spp.* dan *Escherichia-Shigella*, yang pada beberapa reaktor mencapai lebih dari 40% dari total komunitas. Peningkatan ini juga diikuti oleh kenaikan jumlah total sekuens hingga mendekati 120.000, mengindikasikan proliferasi mikroba oportunistik yang lebih dominan pasca stres termal. Kondisi ini mengindikasikan lemahnya daya pulih komunitas fungsional, sehingga sistem cenderung lebih rentan terhadap kolonisasi patogen. Dominasi patogen juga mengindikasikan bahwa lingkungan reaktor pasca stres termal menjadi lebih kompetitif, dengan kemungkinan akumulasi metabolit toksik yang menghambat aktivitas konsorsium fungsional.

Hasil yang berbeda diperoleh pada reaktor dengan media zeolit alam (ZA-2 dan ZB-2), yang peningkatan patogennya relatif lebih rendah, dengan struktur komunitas masih didominasi oleh kelompok fungsional (hidrolisis, asidogenesis, asetogenesis, dan metanogenesis). Kelimpahan asetogenik dan metanogenik masih cukup tinggi, sehingga dapat mempertahankan fungsi kolektif sistem. Rendahnya proporsi patogen pada reaktor ini menunjukkan adanya stabilitas ekologi yang lebih baik, baik melalui resistensi komunitas terhadap gangguan maupun mekanisme daya pulih yang lebih cepat setelah adanya stres. Reaktor dengan zeolit alam berpotensi lebih mampu mempertahankan laju produksi metana dan menghindari penumpukan senyawa toksik, sekaligus menunjukkan bahwa media imobilisasi zeolit alam dapat menjaga sel mikroba yang terimobilisasi pada poros zeolit.



Gambar 2. Kelimpahan mikroba pada setiap tahapan peruraian anaerob

Kelimpahan Relatif Mikroba dan Perannya dalam Peruraian Anaerob

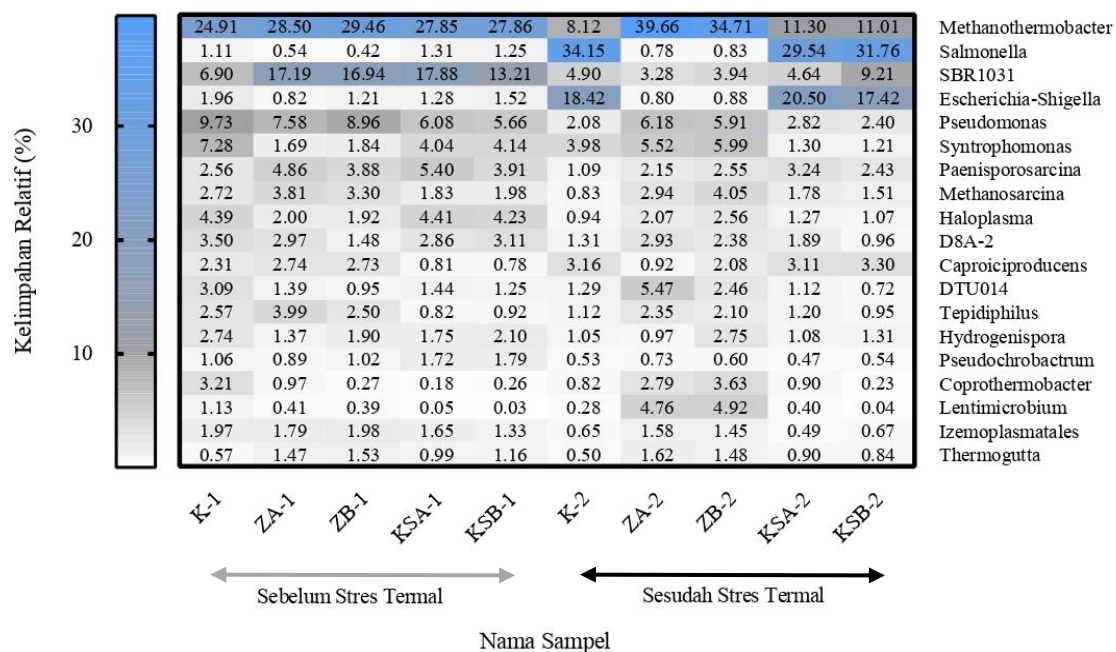
Kompilasi kelimpahan mikroba pada tingkat genus yang mendominasi pada masing-masing sampel ditunjukkan pada Gambar 3. Hasil analisis menunjukkan bahwa *Methanothermobacter* mendominasi seluruh sampel sebelum perlakuan stres termal, dengan proporsi berkisar antara 24–30%. Dominasi ini diikuti oleh genus *SBR1031* (6–18%), *Pseudomonas* (5–10%), *Syntrophomonas* (2–8%), serta *Paenisporosarcina* (2–6%).

Setiap genus memiliki peran spesifik dalam proses peruraian anaerob. Genus *Methanothermobacter* merupakan metanogen hidrogenotrofik yang memanfaatkan CO₂ dan H₂ untuk menghasilkan metana sebagai produk akhir. Sementara itu, *SBR1031* sebagai bakteri asetogenik yang menghasilkan SCFA, seperti asam asetat (Xia et al., 2016), yang selanjutnya menjadi substrat bagi metanogen asetolaktik. Adapun *Pseudomonas* dan *Paenisporosarcina* berperan dalam tahap hidrolisis, yakni mendegradasi senyawa organik kompleks, khususnya karbohidrat, menjadi gula sederhana yang lebih mudah digunakan oleh komunitas mikroba berikutnya (Eusébio et al., 2021; Ferdeş et al., 2020).

Secara keseluruhan, hasil ini mengonfirmasi bahwa konsorsium mikroba dalam sistem peruraian anaerob memiliki struktur komunitas yang seimbang, di mana kelompok hidrolitik, asidogenik, asetogenik, dan metanogenik saling berinteraksi secara sinergis untuk memastikan konversi optimal bahan organik menjadi biogas.

Hasil serupa juga ditemukan pada sampel dari reaktor berbasis zeolit alam setelah melalui fase pemulihan pasca stres termal. Pada kondisi ini, *Methanothermobacter* kembali teridentifikasi sebagai genus dominan, diikuti oleh *Pseudomonas*, *Syntrophomonas*, *SBR1031*, dan *Methanosarcina*. Genus *Methanosarcina* diketahui sebagai metanogen hidrogenotrofik yang mampu memanfaatkan CO₂ dan H₂ untuk menghasilkan metana (Walter et al., 2015). Hasil ini mengindikasikan bahwa pasca stres termal, mikroorganisme dalam reaktor khususnya yang terimobilisasi pada pori-pori zeolit alam mampu kembali tumbuh sehingga fungsi komunitas mikroba tetap terjaga. Sebaliknya, hasil berbeda diperoleh pada reaktor kontrol dan reaktor berbasis kain jaring sintesis. Kedua reaktor tersebut menunjukkan penurunan signifikan pada kelimpahan relatif genus *Methanothermobacter*, yang mengindikasikan bahwa pasca stres termal, kelompok bakteri metanogenik tidak dapat pulih dengan optimal.

Hasil unik juga diamati pada kedua reaktor tersebut, ditandai dengan peningkatan signifikan pada kelimpahan relatif genus *Salmonella* dan *Escherichia-Shigella* setelah perlakuan stres termal. Meskipun mekanisme yang mendasari proliferasi ini belum sepenuhnya dipahami, kedua genus tersebut diketahui memiliki kemampuan mengganggu stabilitas komunitas mikroba serta menurunkan efisiensi proses peruraian anaerob.

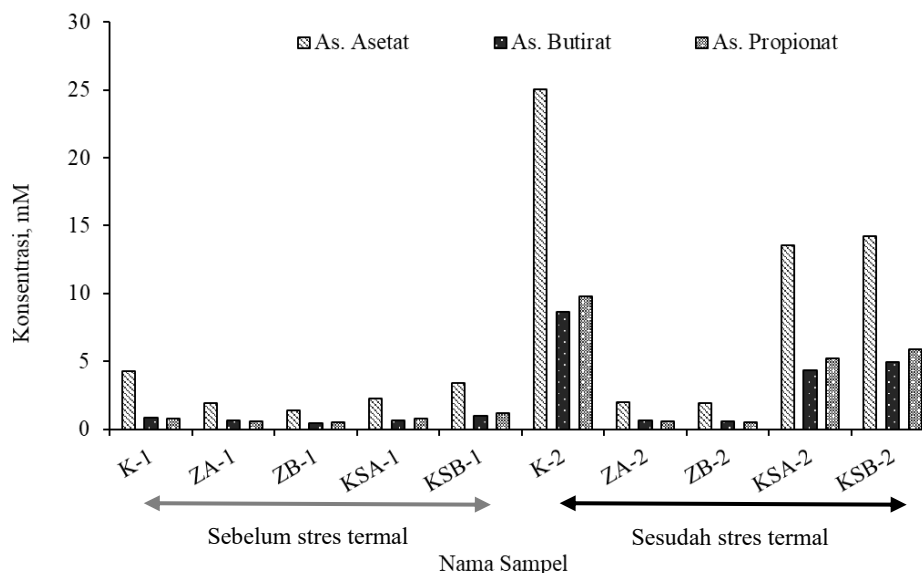


Gambar 3. Heat Map Mikroba Dominan dalam setiap Sampel pada Tingkat Genus

Pengaruh Stres Termal terhadap Produksi Asam Lemak Rantai Pendek

Untuk menyelidiki lebih lanjut respons bakteri yang terimobilisasi terhadap stres termal, asam lemak rantai pendek (SCFA) yakni asam butirat, propionat, dan asetat, dikuantifikasi menggunakan GC-MS. Hasil analisis (Gambar 4) menunjukkan bahwa sebelum gangguan, konsentrasi asam butirat, propionat, dan asetat sangat rendah yang menunjukkan bahwa populasi asetogenik dan metanogenik seimbang secara fungsional, memungkinkan konversi produk antara menjadi metana secara efisien.

Namun, setelah gangguan stres termal, akumulasi SCFA dalam reaktor kontrol dan reaktor berbasis kain jaring sintesis menunjukkan gangguan dalam interaksi sintrofik, khususnya antara gugus asetogenik dan metanogenik.



Gambar 4. Asam lemak rantai pendek pada setiap sampel

Meskipun aktivitas taksa asetogenik seperti SBR1031 dan Syntrophomonas terus berlanjut, penurunan fungsionalitas metanogen membatasi konversi asam asetat menjadi metana, sehingga terjadi akumulasi asam asetat. Hasil ini konsisten dengan penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh Logan et al. (2023) dan Magdalena & González-Fernández (2020), yang menunjukkan bahwa stres termal dapat membunuh atau menghambat aktivitas bakteri metanogenik, sehingga mencegah asam asetat dikonversi menjadi metana. Sebaliknya, reaktor zeolit alam menunjukkan ketahanan yang lebih tinggi, sebagaimana tercermin dalam kadar SCFA yang lebih rendah, yang disebabkan oleh efek stabilisasi matriks imobilisasi dalam mendukung aktivitas metanogenik. Hasil ini menggarisbawahi pentingnya konfigurasi reaktor dan media imobilisasi dalam menjaga stabilitas proses di bawah gangguan lingkungan, seperti suhu.

KESIMPULAN

Respons komunitas mikroba yang diimobilisasi pada zeolit alam dan kain jaring sintesis terhadap stres termal menunjukkan perbedaan antar reaktor. Reaktor dengan media zeolit alam mengalami pemulihan pasca stres termal, yang ditunjukkan oleh pertumbuhan komunitas mikroba metanogenik serta berbagai mikroba lain yang berperan penting dalam proses peruraian anaerob. Sebaliknya, reaktor kontrol dan reaktor berbasis kain jaring sintesis tidak menunjukkan pertumbuhan mikroba yang signifikan. Selain itu, zeolit alam juga memberikan efek stabilisasi terhadap komunitas mikroba selama stres termal serta meningkatkan ketahanan sistem peruraian anaerob secara keseluruhan.

DAFTAR PUSTAKA

- Ao, T., Li, R., Chen, Y., Li, C., Li, Z., Liu, X., Ran, Y., & Li, D. (2019). Anaerobic thermophilic digestion of maotai-flavored distiller's grains: process performance and microbial community dynamics [Research-article]. *Energy and Fuels*, 33(9), 8804–8811. <https://doi.org/10.1021/acs.energyfuels.9b02582>

- Eusébio, A., Neves, A., & Marques, I. P. (2021). Structure of microbial communities when complementary effluents are anaerobically digested. *Applied Sciences (Switzerland)*, 11(3), 1–17. <https://doi.org/10.3390/app11031293>
- Ferdeş, M., Dincă, M. N., Moiceanu, G., Zabava, B. Ş., & Paraschiv, G. (2020). Microorganisms and enzymes used in the biological pretreatment of the substrate to enhance biogas production: A review. *Sustainability (Switzerland)*, 12(17). <https://doi.org/10.3390/su12177205>
- Gaby, J. C., Zamanzadeh, M., & Horn, S. J. (2017). The effect of temperature and retention time on methane production and microbial community composition in staged anaerobic digesters fed with food waste. *Biotechnology for Biofuels*, 10(1), 1–13. <https://doi.org/10.1186/s13068-017-0989-4>
- Garritano, A. N., Faber, M. de O., De Sà, L. R. V., & Ferreira-Leitão, V. S. (2018). Palm oil mill effluent (POME) as raw material for biohydrogen and methane production via dark fermentation. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 92(March 2017), 676–684. <https://doi.org/10.1016/j.rser.2018.04.031>
- Hashemi, S., Hashemi, S. E., Lien, K. M., & Lamb, J. J. (2021). Molecular microbial community analysis as an analysis tool for optimal biogas production. *Microorganisms*, 9(6). <https://doi.org/10.3390/microorganisms9061162>
- Hu, Y., & Shen, C. (2024). Thermophilic-mesophilic temperature phase anaerobic co-digestion compared with single phase co-digestion of sewage sludge and food waste. *Scientific Reports*, 14(1), 1–9. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-62998-w>
- Irvan. (2018). Processing of palm oil mill wastes based on zero waste technology. *IOP Conference Series: Materials Science and Engineering*, 309(1). <https://doi.org/10.1088/1757-899X/309/1/012136>
- Javier-Lopez, R., Mandolini, E., Dzhuraeva, M., Bobodzhanova, K., & Birkeland, N. K. (2023). *Fervidobacterium pennivorans* subsp. *keratinolyticus* subsp. nov., a Novel Feather-Degrading Anaerobic Thermophile. *Microorganisms*, 11(1), 1–13. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11010022>
- Johnson, L. A., & and Laura A. Hug. (2021). *Cloacimonadota* metabolisms include adaptations for engineered environments that are reflected in the evolutionary history of the phylum. <https://doi.org/10.1101/2021.10.08.463351>
- Khadaroo, S. N. B. A., Grassia, P., Gouwanda, D., & Poh, P. E. (2020). The impact of thermal pretreatment on various solid-liquid ratios of palm oil mill effluent (POME) for enhanced thermophilic anaerobic digestion performance. *Journal of Cleaner Production*, 261(September 2019). <https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2020.121159>
- Krishnan, S., Singh, L., Sakinah, M., Thakur, S., Wahid, Z. A., & Sohaili, J. (2016). Effect of organic loading rate on hydrogen (H₂) and methane (CH₄) production in two-stage fermentation under thermophilic conditions using palm oil mill effluent (POME). *Energy for Sustainable Development*, 34, 130–138. <https://doi.org/10.1016/j.esd.2016.07.002>
- Li, W., Fang, A., Liu, B., Xie, G., Lou, Y., & Xing, D. (2019). Effect of different co-treatments of waste activated sludge on biogas production and shaping microbial community in subsequent anaerobic digestion. *Chemical Engineering Journal*, 378(April), 122098. <https://doi.org/10.1016/j.cej.2019.122098>
- Li, X., Sun, Z., & Tang, Y. (2025). New insights into promoting performance and microbial mechanism of the anaerobic digestion of municipal sludge via thermal pretreatment. *Journal of Water Process Engineering*, 77(June), 108529. <https://doi.org/10.1016/j.jwpe.2025.108529>
- Logan, M., Zhu, F., Lens, P. N. L., & Cetecioglu, Z. (2023). Influence of pH, Heat Treatment of Inoculum, and Selenium Oxyanions on Concomitant Selenium Bioremediation and Volatile Fatty Acid Production from Food Waste. *ACS Omega*, 8(38), 34397–34409. <https://doi.org/10.1021/acsomega.2c06459>
- Lu, J., Jia, Z., Wang, P., Yang, X., Lin, P., Ren, L., & Farghali, M. (2022). Restoration of acidified dry anaerobic digestion of food waste: Bioaugmentation of butyric acid-resistant microbes. *Journal of*

- Environmental Chemical Engineering*, 10(1), 106935. <https://doi.org/10.1016/j.jece.2021.106935>
- Magdalena, J. A., & González-Fernández, C. (2020). Archaea inhibition: Strategies for the enhancement of volatile fatty acids production from microalgae. *Waste Management*, 102, 222–230. <https://doi.org/10.1016/j.wasman.2019.10.044>
- Manzanera, M. (2025). *From Microbial Consortia to Ecosystem Resilience : The Integrative Roles of Holobionts in Stress Biology*. 4.
- Otieno, B., & Apollo, S. (2021). Energy recovery from biomethanation of vinasse and its potential application in ozonation post-treatment for removal of biorecalcitrant organic compounds. *Journal of Water Process Engineering*, 39(October 2020), 101723. <https://doi.org/10.1016/j.jwpe.2020.101723>
- Pertanian, K. (2024). Analisis Kinerja Perdagangan Kelapa Sawit. *Pusat Dan Sistem Informasi Pertanian, Sekretariat Jenderal Kementerian Pertanian*, 1–64. https://satudata.pertanian.go.id/assets/docs/publikasi/1F_Analisis_Kinerja_Perdagangan_Kelapa_Sawit_2024_-_publish.pdf
- Pörtner, R., & Faschian, R. (2019). Design and Operation of Fixed-Bed Bioreactors for Immobilized Bacterial Culture. *Growing and Handling of Bacterial Cultures*, 1–12. <https://doi.org/10.5772/intechopen.87944>
- Rabii, A., Aldin, S., Dahman, Y., & Elbeshbishy, E. (2019). A review on anaerobic co-digestion with a focus on the microbial populations and the effect of multi-stage digester configuration. *Energies*, 12(6). <https://doi.org/10.3390/en12061106>
- Sakka, D. F., Millenia, S. F., & Prijambada, I. D. (2022). Perbandingan jenis media imobilisasi terhadap kinerja proses peruraian anaerob termofilik palm oil mill effluent. *Jurnal Rekayasa Proses*, 16(1), 30. <https://doi.org/10.22146/jrekpros.69582>
- Shafie, N. F. A., Mansor, U. Q. A., Roslan, Q. I., Yahya, A., Manshor, N. M., Som, A. M., Nour, A. H., Hassan, Z., & Yunus, R. M. (2017). An overview of anaerobic treatment processes performance treating palm oil mill effluent (POME)-past, present and future. *Advanced Science Letters*, 23(5), 4179–4183. <https://doi.org/10.1166/asl.2017.8238>
- Sun, L., Pope, P. B., Eijsink, V. G. H., & Schnürer, A. (2015). Characterization of microbial community structure during continuous anaerobic digestion of straw and cow manure. *Microbial Biotechnology*, 8(5), 815–827. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.12298>
- Urakami, T., Araki, H., & Komagata, K. (1995). Characteristics of newly isolated Xanthobacter strains and fatty acid compositions and quinone systems in yellow-pigmented hydrogen-oxidizing bacteria. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 45(4), 863–867. <https://doi.org/10.1099/00207713-45-4-863>
- Walter, A., Franke-Whittle, I. H., Wagner, A. O., & Insam, H. (2015). Methane yields and methanogenic community changes during co-fermentation of cattle slurry with empty fruit bunches of oil palm. *Bioresource Technology*, 175, 619–623. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2014.10.085>
- Wang, X., Lin, Y., Wang, L., Yang, D., & Lan, H. (2021). The effects of temperature shock on the treatment of high-concentration organic wastewater by an Fe⁰/GO-anaerobic system. *RSC Advances*, 11(39), 24086–24094. <https://doi.org/10.1039/d1ra04773f>
- Xia, Y., Wang, Y., Wang, Y., Chin, F. Y. L., & Zhang, T. (2016). Cellular adhesiveness and cellulolytic capacity in Anaerolineae revealed by omics-based genome interpretation. *Biotechnology for Biofuels*, 9(1), 1–13. <https://doi.org/10.1186/s13068-016-0524-z>
- Yang, F., Feng, H., Massey, I. Y., Huang, F., Guo, J., & Zhang, X. (2020). Genome-Wide Analysis Reveals Genetic Potential for Aromatic Compounds Biodegradation of Sphingopyxis. *BioMed Research International*, 2020. <https://doi.org/10.1155/2020/5849123>
- Yuan, Y., Zhang, L., Zhang, Y., Lee, K., & Liu, Y. (2025). Resilience and response of anaerobic digestion systems to short-term hydraulic loading shocks: Focusing on total and active microbial community dynamics. *Environmental Research*, 269(January), 120801. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2025.120801>

- Zdarta, J., Meyer, A. S., Jesionowski, T., & Pinelo, M. (2018). A general overview of support materials for enzyme immobilization: Characteristics, properties, practical utility. *Catalysts*, 8(2). <https://doi.org/10.3390/catal8020092>
- Zhang, X., Yang, H., Wei, D., Chen, Z., Wang, Q., Song, Y., Ma, Y., & Zhang, H. (2023). Tolerance of anaerobic digestion sludge to heavy metals: COD removal, biogas production, and microbial variation. *Journal of Water Process Engineering*, 55(August), 104157. <https://doi.org/10.1016/j.jwpe.2023.104157>
- Zhou, J., Zhang, R., Liu, F., Yong, X., Wu, X., Zheng, T., Jiang, M., & Jia, H. (2016). Biogas production and microbial community shift through neutral pH control during the anaerobic digestion of pig manure. *Bioresource Technology*, 217, 44-49. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2016.02.077>
- Zur, J., Wojcieszynska, D., & Guzik, U. (2016). Metabolic responses of bacterial cells to immobilization. *Molecules*, 21(7). <https://doi.org/10.3390/molecules21070958>