

MIKROORGANISME:

INOVASI BIOTEKNOLOGI UNTUK KEHIDUPAN BERKELANJUTAN



Ira Erdiandini | Shafira Qurрата A'yuni | Aslikh Lana Dina
Uci Cahlia | Maulida Aqlinia | Qurrota A'yun
Ika Setianngsih | Fathimah | Riziq Ilham Nur Fahmi | Dova Kelvin Mesrian

MIKROORGANISME: INOVASI BIOTEKNOLOGI UNTUK KEHIDUPAN BERKELANJUTAN

**Ira Erdiandini, Shafira Qurrata A'yuni, Aslikh Lana
Dina, Uci Cahlia, Maulida Aqlinia, Qurrota A'yun,
Ika Setianingsih, Fathimah, Riziq Ilham Nur
Fahmi, Dova Kelvin Mesrian**



**PENERBIT SALNESIA
(CV. SARANA ILMU INDONESIA)**

MIKROORGANISME: INOVASI BIOTEKNOLOGI UNTUK KEHIDUPAN BERKELANJUTAN

Penulis:

Ira Erdiandini, Shafira Qurrata A'yuni, Aslikh Lana Dina,
Uci Cahlia, Maulida Aqlinia, Qurrota A'yun, Ika
Setianingsih, Fathimah, Riziq Ilham Nur Fahmi, Dova
Kelvin Mesrian

Desain Cover & Tata Letak: Tim Salnesia

Editor: Zulfa Aulia Ramadhan

ISBN: 978-634-05-5547-9 (PDF)

xiv+240 Halaman, Ukuran (14,8 cm x 21 cm)

Cetakan Pertama:

September, 2026

Hak Cipta 2026, Pada Penulis

Hak Cipta Dilindungi Oleh Undang-Undang

Copyright © 2026

by Penerbit Salnesia

All Right Reserved

*Dilarang keras menerjemahkan, memfotokopi, atau
memperbanyak sebagian atau seluruh isi buku ini tanpa izin
tertulis dari Penulis dan Penerbit*

PENERBIT:

SALNESIA

(CV. SARANA ILMU INDONESIA)

ANGGOTA IKAPI

Pallantikang, Maros Baru, Kabupaten Maros,
Provinsi Sulawesi Selatan

Website: penerbit.salnesia.id/index.php/press

Instagram: @salnesia

KATA PENGANTAR

Alhamdulillah, puji syukur atas limpahan nikmat, taufik, rahmat dan hidayah Tuhan Yang Maha Esa sehingga kami dapat menyelesaikan buku yang berjudul *“Mikroorganisme: Inovasi Bioteknologi untuk Kehidupan Berkelanjutan”*. Buku ini mengkaji tentang mikroorganisme yang memiliki peran strategis dan inovatif untuk mendukung kehidupan yang berkelanjutan. Tantangan lingkungan, ketahanan pangan, dan kesehatan masyarakat di era globalisasi menuntut adanya solusi inovatif yang berkelanjutan. Hasil riset dan kajian menunjukkan bahwa mikroorganisme yang berukuran mikroskopis dapat menjawab tantangan tersebut. Peranan mikroorganisme yang semakin luas baik dari bidang pertanian hingga kesehatan manusia dapat menjadi solusi inovatif bagi kehidupan yang berkelanjutan.

Buku ini hadir untuk menjembatani adanya kesenjangan antara pemahaman masyarakat luas dengan perkembangan ilmu pengetahuan bioteknologi yang pesat. Adapun konsep-konsep ilmiah yang kompleks berusaha penulis sajikan secara sistematis, komprehensif, dan mudah dipahami oleh berbagai kalangan, mulai dari mahasiswa, akademisi, peneliti, praktisi industri, hingga masyarakat umum yang memiliki ketertarikan terhadap dunia sains dan teknologi. Penulis berharap buku ini dapat menjadi referensi yang bermakna dan menginspirasi bagi pembaca sehingga dapat memanfaatkan potensi mikroorganisme secara bijaksana, etis, dan bertanggung jawab demi terwujudnya kehidupan yang berkelanjutan.

Penulis menyadari penyelesaian buku ini tidak lepas dari dukungan dan kontribusi berbagai pihak. Oleh karena itu, penulis mengucapkan terima kasih kepada seluruh pihak yang berkontribusi serta memberikan saran yang berharga selama proses penulisan. Penghargaan juga penulis sampaikan kepada keluarga atas dukungan dan doa hingga selesainya buku ini. Penulis menyadari bahwa karya ini masih jauh dari sempurna, oleh karena itu, kritik dan saran yang membangun dari pembaca sangat diharapkan demi penyempurnaan pada edisi-edisi berikutnya. Semoga buku ini bermanfaat bagi perkembangan ilmu pengetahuan serta dapat menjadi amal jariyah bagi penulis dan semua pihak yang berkontribusi dalam kepenulisan.

September, 2026

Penulis

DAFTAR ISI

KATA PENGANTAR.....	iii
DAFTAR ISI	v
DAFTAR TABEL	ix
DAFTAR GAMBAR.....	x
BAB 1 PERAN FUNDAMENTAL MIKROORGANISME	
DALAM EKOSISTEM	1
1. Pendahuluan.....	1
2. Keanekaragaman Mikroorganisme di Ekosistem Bumi	3
BAB 2 MIKROBIOMA TANAH DAN KESEHATAN	
EKOSISTEM	15
1. Struktur dan Komposisi Mikrobioma Tanah	15
2. Peran Ekologis Mikroorganisme dalam Fungsi Tanah	17
3. Mikrobioma Tanah dan Kesehatan Ekosistem	19
4. Peran Mikrobioma Tanah dalam Kesehatan Tanah ...	20
5. Interaksi Mikrobioma Tanah dan Tanaman	21
6. Inovasi Bioteknologi Mikroorganisme untuk Pertanian	23
7. Prospek Masa Depan Mikrobioma Tanah	26
BAB 3 BIOTEKNOLOGI MIKROORGANISME UNTUK	
PERTANIAN BERKELANJUTAN	29
1. Studi Mikrobioma dan Integrasinya sebagai PGPMs dalam Aplikasinya sebagai Biofertilizer	30
2. Aplikasi Mikrobiologi dan Bioteknologi dalam Bentuk Rekayasa Mikrobioma Rizosfer	35
3. Aplikasi Mikrobiologi dan Bioteknologi sebagai Biokontrol yang Ramah Lingkungan.....	38

4. Aplikasi Mikrobiologi dan Bioteknologi pada Bioremediasi Cemaran di Lahan Pertanian	40
--	----

BAB 4 MIKROORGANISME LAUT: SUMBER SENYAWA

BIOAKTIF..... 43

1. Bakteri Laut	48
2. Aktinobakteri Laut.....	52
2. Fungi Laut.....	56
3. Mikroalga Laut.....	57

BAB 5 INDUSTRI HIJAU: MIKROORGANISME SEBAGAI SUMBER BIOENERGI DAN BIOPRODUK..... 61

1. Mikroba Sebagai Sumber Bioproduk.....	67
2. Senyawa Kimia Hayati.....	68
3. Nutrasetikal	69
4. Biofarmasi	70
5. Biosurfaktan	71
6. Bioplastik	71
7. Mikroba sebagai Sumber Bioenergi	73
8. Bioalkohol.....	75
9. Biodiesel.....	78
10. Biogas	79
11. Biohidrogen	81

BAB 6 MIKROORGANISME LINGKUNGAN DAN PENGELOLAAN LIMBAH 83

1. Mikroorganisme Lingkungan.....	84
2. Limbah dan Dampaknya terhadap Lingkungan.....	92
3. Peran Mikroorganisme Dalam Pengelolaan Limbah .	96
4. Teknologi Pengelolaan Limbah Berbasis Mikroorganisme	101
5. Mikroorganisme Lokal dan Kearifan Lokal.....	102

BAB 7 MIKROORGANISME DALAM PETERNAKAN DAN KESEHATAN HEWAN 105

1. Klasifikasi Mikroorganisme.....	106
------------------------------------	-----

2.	Peranan Mikroorganisme	107
3.	Bakteri.....	108
4.	Jamur (Fungi)	112
5.	Parasit.....	116
6.	Virus	117
7.	Pengendalian Mikroorganisme dalam Peternakan..	120
BAB 8 BIOINFORMATIKA DAN REVOLUSI OMICS		
DALAM STUDI MIKROORGANISME		123
1.	Evolusi Konsep Bioinformatika	124
2.	Revolusi Omics dalam Biologi Molekuler.....	127
3.	Genomik dan Aplikasinya dalam Studi Mikroorganisme.....	131
4.	Transkriptomik dan Regulasi Ekspresi Gen.....	133
5.	Proteomik dan Fungsi Protein Mikroba	136
6.	Metabolomik dan Profil Kimiawi Mikroba	138
7.	Mikrobiomik dan Interaksi Ekologis.....	140
8.	Integrasi <i>Multi-Omics</i> dan Pendekatan Sistemik.....	142
9.	Prospek dan Tantangan Masa Depan.....	144
BAB 9 ARAH MASA DEPAN: INTEGRASI BIOTEKNOLOGI MIKROORGANISME UNTUK KEHIDUPAN		
BERKELANJUTAN.....		147
1.	Mengapa Mikroorganisme Penting?.....	149
2.	Mikroorganisme sebagai Platform Teknologi Masa Depan	152
3.	Peran Mikroorganisme dalam Pertanian Berkelanjutan	154
4.	Mikroorganisme sebagai Sumber Energi Terbarukan.....	158
5.	Peran Mikroorganisme dalam Kesehatan dan Kedokteran	161
6.	Mikroorganisme dalam Pengelolaan Lingkungan....	163

7.	Teknologi Mutakhir dalam Bioteknologi	
	Mikroorganisme	166
8.	Roadmap Menuju Integrasi Bioteknologi	
	Mikroorganisme untuk Kehidupan Berkelanjutan...	170
BAB 10 MIKROORGANISME DALAM BIDANG		
KESEHATAN DAN PANGAN FUNGSIONAL		175
1.	Peran Mikroorganisme dalam Bidang Kesehatan.....	176
2.	Peran Mikroorganisme dalam Bidang Pangan	
	Fungsional	184
DAFTAR PUSTAKA.....		191
PROFIL PENULIS.....		235

DAFTAR TABEL

Tabel 1. Bakteri laut dan senyawa bioaktif yang dihasilkan	52
Tabel 2. Aktinobakteri laut dan senyawa bioaktif yang dihasilkan	54
Tabel 3. Ringkasan bioproduk mikroba, mikroba penghasil, dan aplikasinya	64
Tabel 4. Nama, sumber, dan target molekuler beberapa antibiotik yang ditemukan pada era keemasan antibiotik tahun 1940-an – 1960-an.....	178
Tabel 5. Kategori patogen dalam daftar bakteri patogen prioritas yang dikeluarkan oleh WHO pada tahun 2024	180
Tabel 6. Efek dinamika mikrobiota usus pada kemunculan berbagai penyakit	183
Tabel 7. Beberapa jenis makanan fermentasi, mikrob penyusun dominan, dan manfaat kesehatannya	185

DAFTAR GAMBAR

Gambar 1. Diversitas mikrobioma tanah	22
Gambar 2. Interaksi tanaman dan PGPR	24
Gambar 3. Peluang pasar biofertilizer.....	30
Gambar 4. Kolonisasi <i>Bacillus amyloliquefaciens</i> Bs006 pada akar pisang cv. Williams (garis menunjukkan skala ukuran 20 μm)	32
Gambar 5. Profil komunitas bakteri hasil inokulasi <i>Herbaspirillum</i> sp. AP21 dan <i>Azospirillum</i> brasilense D7 pada rizosfer pada rizosfer <i>Lolium</i> sp. dan <i>Trifolium</i> sp	34
Gambar 6. Hasil Scanning Electron Microscopy (SEM) uji daya hambat <i>Bacillus</i> 4G7 dan 4k9 terhadap <i>Fusarium solani</i> dan <i>Fusarium kuroshium</i>	39
Gambar 7. Perubahan komunitas bakteri dan fungirizosfer pasca inokulasi bakteri (T1, T2, T3, T4)	40
Gambar 8. Perbandingan padi kontrol dengan padi yang diinokulasi <i>Providencia rettgeri</i> pada tanah yang mengandung Cadmium	41
Gambar 9. Perbandingan lingkungan teresterial dan lautan	43
Gambar 10. Peran mikroorganisme laut dalam jaring-jaring makanan	44
Gambar 11. Keragaman metabolit sekunder pada co-culture mikroorganisme laut.....	47
Gambar 12. Spesies <i>Bacillus</i> laut yang dilaporkan menghasilkan senyawa bioaktif.....	48
Gambar 13. Kelas utama senyawa metabolit sekunder dari <i>Bacillus</i>	49
Gambar 14. Asosiasi bakteri laut dengan spons	50

Gambar 15. Streptomyces diamati dengan Scanning Electrone Microscope (SEM).....	53
Gambar 16. Struktur kimia senyawa antimikroba yang dihasilkan oleh beberapa Streptomyces laut.	53
Gambar 17. Pelarut yang digunakan untuk mendapatkan ekstrak dan senyawa bioaktif dari aktinobakteri	55
Gambar 18. Spesies fungi laut yang menghasilkan senyawa bioaktif.....	57
Gambar 19. Peran mikroalga	58
Gambar 20. Aplikasi senyawa bioaktif yang dihasilkan oleh Porphyridium spp. laut.....	59
Gambar 21. Kategori utama bioproduk mikroba	68
Gambar 22. Kurba Hubbert yang menunjukkan simpanan bahan bakar fosil	73
Gambar 23. Jalur biosintesis etanol dari glukosa dalam sistem khamirS.....	76
Gambar 24. Jalur biosintesis etanol dari glukosa dalam sistem bakteri	77
Gambar 25. Jalur biosintesis lipid dari biomassa lignoselulosa dalam sistem mikroba oleaginous untuk menghasilkan biodiesel.....	79
Gambar 26. Keseluruhan jalur metabolisme dalam digesti anaerobik oleh mikroba.....	80
Gambar 27. Produksi biohidrogen oleh mikroba.....	82
Gambar 28. Klasifikasi limbah berdasarkan sumbernya. Aktivitas yang berbeda menghasilkan jenis limbah yang berbeda	93
Gambar 29. Penyebab, transportasi, pengendapan mikroplastik dalam ekosistem	95
Gambar 30. Skema umum proses biodegradasi	97

Gambar 31. Kinerja umum bioaugmentasi dan biostimulasi.....	100
Gambar 32. Teknologi terkini yang memanfaatkan mikroorganisme untuk mengolah dan memperbaiki kualitas air limbah	102
Gambar 33. Keragaman mikroba dan takson yang dominan (ditandai dengan perbedaan warna) pada saluran pencernaan hewan ruminansia. Keragaman mikroba ditemukan cukup tinggi pada lambung depan, perannya dalam membantu proses fermentasi terlihat dari tingginya asam lemak rantai pendek (SCVA) yang diproduksi, menyebabkan proliferasi sel epitel rumen.....	109
Gambar 34. Siklus hidup dan mekanisme infeksi oleh Rickettsia.....	111
Gambar 35. Replikasi virus dalam sel makhluk hidup	118
Gambar 36. Landscape Omics dalam Mikrobiologi.....	124
Gambar 37. Integrasi Multi-Omics & Sistem Biologi	144
Gambar 38. Gambar 9.1 Lima sub-kelompok tujuan pembangunan berkelanjutan	148
Gambar 39. Kontribusi mikroorganisme terhadap pohon kehidupan dan biomassa kehidupan global	150
Gambar 40. Integrasi inovasi teknologi terbaru dalam teknik rekayasa mikroorganisme guna mendukung aplikasi farmasi	153
Gambar 41. Peran mikrobioma dalam pertanian berkelanjutan	156
Gambar 42. Mikroorganisme sebagai sumber energi baru	159

Gambar 43. Ilustrasi skematis yang menampilkan berbagai pendekatan dalam memanfaatkan mikroorganisme sebagai obat.....	162
Gambar 44. Peran mikroba dalam daur ulang limbah.....	165
Gambar 45. Kerangka perkembangan bidang bioteknologi.....	168
Gambar 46. Tujuh jalur utama yang dapat digunakan penelitian dan teknologi mikroba untuk mencapai SDGs.....	172

BAB 1

PERAN FUNDAMENTAL MIKROORGANISME DALAM EKOSISTEM

1. Pendahuluan

Mikroorganisme dikenal sebagai kelompok organisme berukuran mikroskopis. Kelompok mikroorganisme memiliki karagaman morfologi, fisiologi serta fungsi ekologis yang sangat luas tersebar hampir di seluruh habitat yang mendukung kehidupan di bumi. Kelompok mikroorganisme tersebut meliputi arkea, bakteri, fungi, aktinomiset, alga uniseluler, protozoa serta virus yang berperan fundamental dalam menjaga stabilitas biosfer melalui keterlibatannya pada hampir seluruh proses biologis dan biogeokimia planet (Madigan et al., 2019). Struktur mikroorganisme dapat dalam bentuk uniseluler maupun multiseluler yang berinteraksi intraspesies maupun antarspesies membentuk komunitas ekologis. Interaksi ini juga dipengaruhi oleh faktor lingkungan serta organisme inang tempat mereka berasosiasi.

Mikroorganisme adalah bentuk kehidupan tertua di bumi, dan mereka telah berevolusi untuk menjalankan fungsi-fungsi penting yang menopang keberlangsungan biosfer. Sel mikroba pertama hidup antara 3,8 hingga 4,3 miliar tahun yang lalu, sementara bumi berusia sekitar 4,6 miliar tahun (Madigan et al., 2019). Atmosfer bumi selama 2 miliar tahun pertama bersifat anoksik (tanpa O₂), namun

terdapat gas nitrogen (N_2), karbondioksida (CO_2) serta beberapa gas lainnya (Madigan et al., 2019). Hal ini menyebabkan hanya mikroorganisme dengan metabolisme anaerob yang mampu bertahan pada kondisi tersebut.

Satu miliar tahun setelah pembentukan bumi, mikroorganisme fototrof, yaitu mikroorganisme yang memperoleh energi dari cahaya matahari, mulai berevolusi. Fototrof pertama bersifat anoksigenik, yaitu tidak menghasilkan oksigen, seperti bakteri belerang ungu dan belerang hijau (Madigan et al., 2019). Sementara fototrof oksigenik seperti *Cyanobacteria* berevolusi hampir satu miliar tahun kemudian (Madigan et al., 2019). Kehidupan multiseluler mulai berevolusi setelah kondisi atmosfer bumi teroksigenasi, di mana kehidupan tumbuhan dan hewan baru muncul selama sekitar setengah miliar tahun lalu.

Konsep keberadaan mikroorganisme dalam perkembangan ilmu mikrobiologi modern telah berkembang dari mikroorganisme sebagai organisme individual menuju pemahaman bahwa mikroorganisme merupakan bagian integral dari suatu sistem biologis kompleks. Konsep tersebut dikenal dengan istilah mikrobiota, mikrobiom dan holobiont. **Mikrobiota** merupakan kelompok mikroorganisme yang hidup pada suatu habitat tertentu, sedangkan **mikrobiom** merupakan seluruh komunitas mikroorganisme beserta materi genetiknya (Berg et al., 2020). Adapun konsep **holobiont** menggambarkan organisme inang beserta seluruh mikroorganisme simbiosis yang hidup berasosiasi dengannya sebagai satu kesatuan biologis yang saling memengaruhi secara fungsional dan evolusioner (Berg et al., 2020). Pendekatan ini menegaskan bahwa

mikroorganisme tidak hanya sebagai penghuni pasif suatu habitat, namun merupakan komponen aktif yang mempengaruhi fungsi fisiologis, adaptasi, dan kebugaran organisme lain maupun ekosistem secara keseluruhan.

Pemahaman tersebut mengungkap kajian mikroorganisme yang multidisiplin meliputi ekologi, evolusi, bioteknologi, kesehatan lingkungan hingga perubahan iklim global. Sehingga, kajian mikroorganisme tidak lagi terbatas pada kajian taksonomi dan fisiologi dasar. Mikroorganisme dalam konteks ini berperan sebagai “arsitek tak kasat mata” yang mempengaruhi keberlangsungan kehidupan di bumi.

2. Keanekaragaman Mikroorganisme di Ekosistem Bumi

Mikroorganisme merupakan salah satu bentuk keanekaragaman biodiversitas terbesar di bumi dengan variasi taksonomi, fisiologi, metabolisme, serta fungsi ekologis yang beragam. Setiap kelompok mikroorganisme meliputi bakteri, arkea, fungi, alga mikroskopis, protozoa, dan virus, masing-masing memiliki karakteristik biologis dan ekologis unik. Arkea dan bakteri merupakan kelompok prokariot yang memiliki morfologi yang serupa, namun berbeda secara filogenetik dan biokimiawi. Protozoa dan fungi merupakan eukariot mikroskopis dengan struktur sel yang lebih kompleks, sedangkan virus merupakan entitas aseluler yang hanya dapat bereplikasi di dalam sel inang hidup.

Mikroorganisme memiliki adaptasi fisiologis yang tinggi dengan distribusi habitat yang luas. Mikroorganisme dapat ditemukan hampir pada seluruh habitat di bumi, meliputi udara, air, tanah, jaringan organisme hidup, hingga

habitat ekstrem seperti mata air panas, sedimen laut dalam, gletser, danau asam, gurun, dan kerak bumi bawah permukaan. Mikroorganisme yang memiliki kemampuan adaptif untuk bertahan hidup pada kondisi ekstrem dikenal sebagai ekstremofil, di mana adaptasi dapat terjadi melalui modifikasi genetik dan fisiologis tertentu (Marzban & Tesei, 2025).

Mikroorganisme secara kuantitatif merupakan organisme dengan kelimpahan tinggi di planet ini. Sel mikroorganisme di bumi diperkirakan mencapai sekitar 2×10^{30} , yang mewakili proporsi besar biomassa global dan menyimpan sebagian besar karbon, nitrogen, fosfor, dan materi genetik biosfer (Madigan et al., 2019). Biomassa mikroorganisme menjadi salah satu reservoir utama nitrogen dan fosfor di biosfer, di mana pool unsur hara pada mikroorganisme dapat melampaui gabungan biomassa tumbuhan dan hewan, sehingga menegaskan perannya yang dominan dalam siklus biogeokimia global (Xu et al., 2013).

Faktor lingkungan seperti pH, suhu, salinitas, kadar oksigen, kelembapan, tekanan osmotik, dan ketersediaan nutrisi dapat mempengaruhi keanekaragaman mikroorganisme di suatu habitat (Madigan et al., 2019). Perubahan kecil pada faktor-faktor tersebut dapat menyebabkan pergeseran dalam komposisi komunitas dan fungsi metabolik mikroorganisme. Oleh karena itu, struktur komunitas mikroorganisme di suatu habitat umumnya digunakan sebagai indikator biologis terhadap perubahan lingkungan dan gangguan ekosistem.

Aktivitas mikroorganisme juga mampu memodifikasi habitatnya secara signifikan melalui proses metabolisme, selain dipengaruhi oleh lingkungan. Salah satu contoh yaitu,

aktivitas respirasi mikroorganisme aerob dapat menurunkan konsentrasi oksigen pada lingkungan perairan eutrofik dan menyebabkan terbentuknya zona hipoksia yang berdampak pada kematian organisme akuatik (Rabalais et al., 2010). Fenomena ini menunjukkan bahwa mikroorganisme juga aktif membentuk dan mentransformasi lingkungan habitatnya selain beradaptasi terhadap lingkungan.

Tanah merupakan salah satu habitat paling kompleks di biosfer, dengan komunitas mikroorganisme yang sangat padat dan beragam. Tanah subur sebanyak satu gram memiliki lebih dari 10^9 sel mikroorganisme dengan ribuan spesies berbeda (Roesch et al., 2007). Mikroorganisme tanah mencakup bakteri, fungi, arkea, aktinomisetes, protozoa, dan virus yang hidup dalam berbagai mikrohabitat seperti rizosfer, bulk soil, agregat tanah, dan detritus organik (Asril et al., 2024).

Komunitas mikroorganisme tanah memainkan peran penting dalam ekosistem melalui keterlibatannya dalam dekomposisi bahan organik, mineralisasi unsur hara, pembentukan struktur tanah, serta pengaturan siklus karbon dan nitrogen (Asril et al., 2024). Mikroorganisme tanah melalui aktivitas enzimatik dapat menguraikan residu organik kompleks seperti lignoselulosa, protein, lipid, dan polisakarida menjadi senyawa sederhana yang dapat dimanfaatkan kembali oleh tumbuhan dan organisme lain (Anwar et al., 2026). Mikroorganisme dengan demikian bertindak sebagai penghubung utama antara bahan organik mati dan ketersediaan nutrisi dalam tanah.

Keanekaragaman mikroorganisme tanah mencakup dimensi taksonomi, genetik, dan fungsional. Keanekaragaman taksonomi menggambarkan jumlah dan

distribusi spesies mikroorganisme dalam suatu komunitas, sedangkan keanekaragaman genetik mencerminkan variasi materi genetik antarorganisme yang mendasari kemampuan adaptasi dan evolusi komunitas (Chen et al., 2024). Sementara itu, keanekaragaman fungsional menggambarkan variasi fungsi metabolik dan ekologis oleh komunitas mikroorganisme, seperti fiksasi nitrogen, pelarutan fosfat, oksidasi sulfur, dan degradasi xenobiotik. Ketiga bentuk keanekaragaman ini menentukan stabilitas dan multifungsionalitas ekosistem tanah secara simultan. Penelitian terkini menunjukkan bahwa penurunan keanekaragaman mikroorganisme tanah secara signifikan dapat menurunkan kemampuan tanah dalam menjalankan berbagai fungsi ekosistem, termasuk dekomposisi, retensi hara, dan produktivitas tanaman (Trivedi et al., 2020).

Mikroorganisme tanah dalam konteks pertanian memiliki hubungan erat dengan sistem perakaran tanaman melalui zona rizosfer, yaitu wilayah tanah yang dipengaruhi langsung oleh eksudat akar (Asril et al., 2024). Eksudat akar menyediakan sumber karbon yang melimpah bagi mikroorganisme, sehingga menjadikan rizosfer sebagai *hotspot* aktivitas biologis dengan kepadatan mikroorganisme jauh lebih tinggi dibandingkan *bulk soil* (Ma et al., 2022). Berbagai interaksi mutualistik antara tanaman dan mikroorganisme terjadi di rizosfer, termasuk asosiasi dengan *plant growth-promoting rhizobacteria* (PGPR), fungi mikoriza, dan aktinomisetes yang berkontribusi terhadap peningkatan pertumbuhan tanaman, penyerapan nutrisi, dan ketahanan terhadap stres biotik maupun abiotik (Paliwoda & Mikiciuk, 2020).

Struktur komunitas mikroorganisme tanah dipengaruhi oleh banyak faktor, baik alami maupun

antropogenik. Faktor alami meliputi pH, kelembapan, suhu, tekstur tanah, kandungan bahan organik, dan vegetasi penutup, sedangkan faktor antropogenik meliputi pengolahan tanah, pemupukan, penggunaan pestisida, dan perubahan penggunaan lahan (Chauhan et al., 2023). Keanekaragaman mikroorganisme tanah dapat menurun akibat praktik pengelolaan lahan yang intensif sehingga menyebabkan hilangnya fungsi ekologis tertentu, sedangkan pengelolaan berkelanjutan berbasis input organik dan konservasi tanah terbukti mendukung kestabilan komunitas mikroorganisme dan kesehatan tanah jangka panjang (Anwar et al., 2026).

Paradigma biologis mengenai organisme hidup mengalami perubahan mendasar melalui berkembangnya konsep holobiont dalam beberapa dekade terakhir. Konsep ini memandang bahwa organisme multiseluler tidak hidup sebagai entitas tunggal, melainkan sebagai sistem biologis terpadu bersama seluruh komunitas mikroorganisme yang hidup berasosiasi dengannya (Manzanera, 2025). Manusia, tumbuhan dan hewan dipahami sebagai “superorganisme” yang fungsi biologisnya sangat dipengaruhi oleh mikrobiota yang menyertainya.

Istilah holobiont pertama kali diperkenalkan oleh Lynn Margulis pada tahun 1991 untuk menggambarkan asosiasi erat antara organisme inang dan simbiosis mikroorganismenya (Simon et al., 2019). Konsep ini kemudian diperluas oleh Rosenberg dan koleganya pada tahun 2008 melalui teori evolusi holobiont yang menyatakan bahwa inang dan mikrobioma yang menyertainya dapat dipandang sebagai satu unit seleksi evolusioner (Zilber-rosenberg & Rosenberg, 2008). Dalam kerangka ini, adaptasi dan evolusi organisme tidak hanya

ditentukan oleh genom inang, tetapi juga oleh genom mikrobiota yang berasosiasi dengannya.

Penelitian terkini tentang interaksi holobiont dan mikrobioma menunjukkan perkembangan yang pesat dan multidisipliner, memadukan ekologi, bioteknologi, dan biologi evolusi untuk memahami bagaimana komunitas mikroorganisme yang hidup bersama inang mempengaruhi kesehatan, fungsi ekologis, dan respons terhadap perubahan lingkungan. Salah satunya, studi pada sistem holobiont tumbuhan mengungkap mekanisme molekuler dan keragaman bakteri holobiont di berbagai mikrohabitat tumbuhan, termasuk peran pentingnya dalam akuisisi nutrisi dan dinamika komunitas mikroorganisme yang kompleks di akar dan tunas tanaman (*plant holobiont bacteria*) (Grzyb, 2024). Selain itu, kajian mengenai biologi holobiont dalam konteks perubahan iklim dan kesehatan tanaman menyoroti bagaimana gangguan terhadap mikrobioma tanaman dapat memicu disbiosis dan memperlemah ketahanan tanaman terhadap patogen dan stres abiotik, serta membuka peluang solusi berbasis mikrobioma seperti *holo-omics* untuk pertanian berkelanjutan (Edda Francomano et al., 2026).

Pada skala komunitas laut, penelitian eksperimental tentang komunitas holobiont terumbu karang menunjukkan bahwa di bawah tekanan asidifikasi laut, komposisi mikrobioma holobiont pada terumbu karang menjadi kurang spesifik dibandingkan mikrobioma di lingkungan (Williams et al., 2024). Hal ini menunjukkan bahwa ketika laut menjadi asam, terumbu karang kehilangan keunikan biologisnya yaitu komunitas mikroorganisme di dalamnya tidak lagi unik dan terspesialisasi. Tentunya ini menandakan fungsi penting

nutrisi dan kekebalan tubuh organisme terumbu karang terganggu. Sementara itu, kajian evolusi terbaru memperluas pemahaman tentang dinamika evolutif antara inang dan mikrobioma dengan memperlihatkan bagaimana efek mikrobioma terhadap umur hidup dan reproduksi inang dapat menentukan arah seleksi ko-evolusi dalam holobiont (Brown et al., 2025). Temuan-temuan yang didukung oleh teknologi metagenomik, metatranskriptomik, dan analisis multi-omics ini, menegaskan bahwa hubungan holobiont-mikrobioma bersifat dinamis, sangat dipengaruhi oleh kondisi lingkungan, dan memiliki implikasi luas bagi biologi evolusi, kesehatan organisme, serta strategi konservasi dan pengelolaan sumber daya alam.

3. Faktor Lingkungan dan Adaptasi Mikroorganisme

Kondisi lingkungan yang ekstrem, seperti pH rendah, suhu tinggi atau rendah, serta salinitas yang sangat tinggi dapat menyebabkan mikroorganisme mengalami adaptasi fisiologis dan molekuler yang unik. Mikroorganisme ekstremofil tersebut meliputi *acidophiles*, *thermophiles*, *psychrophiles*, dan *halophiles*. Bentuk adaptasi yang terjadi meliputi kemampuan memperbaiki stabilitas protein, struktur membran, dan metabolisme melalui mekanisme genetik yang spesifik, misalnya produksi enzim stabil (*extremozymes*) dan adaptasi rantai lipid yang mendukung kelangsungan hidup di habitat ekstrem seperti danau asam atau mata air panas (Marzban & Tesei, 2025).

Strategi toleransi stres pada mikroorganisme juga dapat terjadi dengan pembentukan struktur komunitas yang lebih kompleks, yaitu *biofilm*. *Biofilm* merupakan struktur agregat sel tertutup oleh matriks polisakarida yang

berperan penting dalam melindungi komunitas mikroorganisme melawan fluktuasi pH dan salinitas serta membantu koloni bertahan pada kondisi dehidrasi atau paparan zat toksik. Mekanisme ini dapat memperkuat ketahanan kolektif mikroorganisme terhadap stres abiotik, sekaligus mempertahankan fungsi ekologisnya dalam siklus nutrisi dan degradasi bahan organik di ekosistem ekstrem (Roach & Rafiq, 2025).

Salah satu strategi ketahanan jangka panjang mikroorganisme saat lingkungan tidak mendukung adalah dengan pembentukan spora. Genus *Bacillus* dan *Clostridium* mampu menghasilkan spora yang tahan terhadap panas, kekeringan, dan paparan radiasi yang ekstrem. Respons ini tidak hanya melindungi genom mikroorganisme dari tekanan lingkungan tetapi juga memungkinkan revitalisasi cepat ketika kondisi membaik. Hal ini dapat mempertahankan fungsi ekologis seperti dekomposisi bahan organik dan daur ulang nutrisi saat kembali ke kondisi yang mendukung pertumbuhan aktif (Marzban & Tesei, 2025).

Dampak perubahan iklim kini semakin terlihat pada komunitas mikroba di berbagai ekosistem, terutama tanah dan lahan pertanian. Uji coba lapangan tentang perubahan suhu dan curah hujan menunjukkan bahwa pemanasan dan pengurangan presipitasi dapat mengubah struktur komunitas mikroba tanah, termasuk peningkatan proporsi jamur mikoriza yang mungkin membantu tanaman menahan stres kekeringan, sekaligus menaikkan kekayaan takson yang berbeda dari kondisi sebelum perubahan iklim. Perubahan tersebut mencerminkan adaptasi komunitas mikroba terhadap perubahan iklim jangka panjang, yang dapat berdampak pada fungsi penting seperti siklus

nutrien, produktivitas tanaman, dan stabilitas ekosistem (Cuartero et al., 2024).

Selain itu, meta-analisis global menunjukkan bahwa pemanasan jangka panjang memiliki potensi untuk mengurangi kekayaan mikroba tanah secara signifikan dan mengubah fungsi komunitas mikroba dalam skala luas. Penurunan keanekaragaman mikroba berpotensi mengancam layanan ekosistem yang mereka dukung, seperti sekuestrasi karbon, penguraian bahan organik, dan interaksi mikroba-tanaman yang penting untuk produktivitas pertanian dan kesehatan tanah. Adaptasi mikroba melalui perubahan struktur komunitas dan interaksi fungsional akan menjadi fokus penting dalam riset bioteknologi berkelanjutan menghadapi perubahan iklim (Dang et al., 2025).

4. Implikasi Ekologi Mikroorganisme Bagi Keberlanjutan Lingkungan

Mikroorganisme memegang peran kunci dalam konservasi tanah dan air melalui keterlibatan mereka dalam siklus biogeokimia, pembentukan struktur tanah, dan retensi air. Komunitas mikroba tanah yang kaya secara taksonomi berkontribusi pada kualitas tanah dan kemampuan penyimpanan air, yang mendukung produktivitas dan kesehatan ekosistem tanaman. Studi global tentang mikrobioma tanah menunjukkan bahwa komunitas mikroba berkontribusi pada fungsi ekosistem seperti dekomposisi bahan organik, pembentukan humus, dan siklus nutrien yang mendukung keberlanjutan lingkungan serta meningkatkan kapasitas tanah untuk menahan air dan mengurangi erosi. Analisis ini juga menunjukkan bahwa keragaman mikroba tanah

berhubungan erat dengan indikator kesehatan tanah seperti kemampuan retensi air dan fungsi mikroba yang cepat merespons perubahan lingkungan (Visca et al., 2025).

Selain konservasi tanah dan air, mikroorganisme juga menjadi pilar dalam restorasi ekosistem berbasis mikroba, terutama di lahan yang terdegradasi atau rusak. Penelitian empiris di berbagai ekosistem menunjukkan bahwa proses restorasi yang berhasil seringkali ditandai dengan pergeseran dan peningkatan keragaman komunitas mikroba tanah, di mana interaksi antara bakteri dan jamur meningkatkan kompleksitas jaringan mikroba dan mendukung fungsi-fungsi ekosistem multifungsi seperti siklus karbon, nitrogen, dan fiksasi nutrisi lainnya. Hal ini terlihat dalam penelitian kronosekuens restorasi padang pasir yang menunjukkan bahwa strategi restorasi seperti penggunaan penghalang tanah tidak hanya memperbaiki struktur tanah tetapi juga memperkuat hubungan simbiotik antara bakteri dan jamur yang mendorong stabilitas dan fungsi ekosistem (Hou et al., 2026).

Konservasi dan restorasi yang efektif juga menempatkan biodiversitas mikroba sebagai indikator kesehatan lingkungan. Keanekaragaman mikroba, baik itu komposisi bakteri maupun jamur, telah terbukti berkorelasi dengan peningkatan multifungsi ekosistem, sebuah metrik yang mencakup berbagai proses ekologi penting seperti dekomposisi bahan organik, siklus nutrisi, dan respons terhadap stres lingkungan. Temuan dari penelitian restorasi lahan menunjukkan bahwa variasi dalam struktur komunitas mikroba secara langsung berkaitan dengan keberhasilan pemulihan fungsi tanah yang kompleks, di mana mikroba berperan sebagai bioindikator yang sensitif

terhadap perubahan tanah dan kondisi lingkungan akibat restorasi atau degradasi (Wang et al., 2025).

Lebih jauh lagi, tantangan riset ekologi mikroba masa depan mencakup pemahaman lebih dalam tentang bagaimana interaksi mikroba dengan lingkungan fisik dan biotik memengaruhi layanan ekosistem dalam konteks perubahan iklim global. Perubahan iklim seperti peningkatan suhu, variabilitas curah hujan, dan kejadian ekstrem dapat mengubah struktur dan fungsi komunitas mikroba, yang dampaknya terhadap konservasi tanah, siklus air, dan ketahanan ekosistem masih perlu dipetakan secara longitudinal. Penelitian terbaru menekankan pentingnya integrasi data mikrobioma dan sifat tanah untuk membangun model prediktif yang akurat, serta pengembangan pendekatan restorasi yang lebih adaptif memanfaatkan konsorsium mikroba untuk meningkatkan ketahanan ekosistem terhadap tekanan lingkungan masa depan (Joos et al., 2023). Secara keseluruhan, mikroorganisme bukan hanya komponen biologis dalam tanah dan air, tetapi juga penentu utama keberlanjutan ekologi melalui kontribusi mereka terhadap konservasi sumber daya alam, restorasi habitat, dan sebagai indikator kesehatan lingkungan.

BAB 2

MIKROBIOMA TANAH DAN KESEHATAN EKOSISTEM

Tanah merupakan komponen penting dalam ekosistem terestrial karena berfungsi sebagai habitat sekaligus tempat penyimpanan beragam mikrobiom, yang terdiri atas mikroorganisme menguntungkan, netral, hingga patogen (Sessitsch et al., 2023). Kehadiran mikrobiom tanah berkontribusi besar dalam mengurangi dampak stres abiotik, memperbaiki struktur tanah, meningkatkan ketersediaan unsur hara, serta mengaktifkan ketahanan sistemik pada tanaman (Anikwe & Ife 2023; Gama 2023). Mikrobiom tanah juga berperan membantu tanaman beradaptasi terhadap kondisi kering sehingga produktivitasnya tetap terjaga.

Istilah mikrobioma tanah mengacu pada keseluruhan komunitas mikroorganisme di dalam tanah, termasuk pola interaksi, peran ekologis, serta aktivitas metaboliknya. Mikrobioma menjadi dasar kesehatan tanah dan berhubungan erat dengan berbagai fungsi ekosistem. Komunitas mikroba ini memiliki peran penting dalam dekomposisi bahan organik, daur hara, peningkatan kualitas fisik-kimia tanah, serta menjaga kesehatan tanaman (Fierer 2017; Heijden et al., 2008).

1. Struktur dan Komposisi Mikrobioma Tanah

Struktur serta komposisi komunitas mikrobioma tanah mencerminkan interaksi kompleks antara berbagai

kelompok mikroorganisme dengan kondisi fisik, kimia, dan biologis tanah. Komposisi mikroorganisme tanah dapat digolongkan sebagai mikrobioma yang terdiri dari fungi, bakteri, virus, protozoa dan organisme lain (Berg et al., 2017). Keanekaragaman mikroba tersebut menjadi kunci kestabilan ekosistem karena setiap kelompok memiliki fungsi ekologis yang berbeda.

Secara struktural, bakteri merupakan kelompok mikroba paling melimpah dan sangat peka terhadap faktor lingkungan seperti pH, ketersediaan nutrisi, serta kandungan karbon organik (Delgado-Baquerizo et al., 2018). Proteobacteria, Acidobacteria, dan Actinobacteria adalah filum bakteri yang umum ditemukan di berbagai tipe tanah. Di sisi lain, komunitas fungi terdiri atas dua kelompok utama, yaitu fungi saprofit yang berfungsi menguraikan bahan organik kompleks seperti lignin dan selulosa, serta fungi mikoriza yang membantu meningkatkan serapan fosfor dan nitrogen oleh tanaman (Heijden et al., 2008). Keberagaman fungi umumnya lebih dipengaruhi oleh faktor biologis seperti jenis vegetasi dan keberadaan akar dibandingkan faktor kimia tanah.

Faktor lingkungan memiliki pengaruh besar terhadap pola distribusi mikroba. pH merupakan penentu utama komunitas bakteri, sedangkan kelembapan dan tekstur tanah lebih memengaruhi keberadaan fungi (Delgado-Baquerizo et al., 2018). Eksudat akar juga menyediakan sumber karbon penting yang memperkaya komunitas mikroba di daerah rhizosfer, menjadikannya lebih beragam dan aktif secara metabolik dibandingkan bulk soil (Eisenhauer et al., 2017).

Aktivitas manusia seperti penggunaan pupuk sintetis, pestisida, pembakaran lahan, serta alih fungsi lahan intensif

dapat menurunkan keragaman mikroba tanah. Hilangnya mikroorganisme tertentu dapat berdampak pada penurunan fungsi ekosistem, termasuk dekomposisi, siklus nutrisi, dan ketahanan tanah terhadap gangguan (Wagg et al., 2014). Dengan demikian, memahami struktur dan komposisi komunitas mikroba tanah sangat penting dalam mendukung pengelolaan tanah berkelanjutan dan upaya restorasi ekosistem.

2. Peran Ekologis Mikroorganisme Dalam Fungsi Tanah

Mikroorganisme tanah merupakan penggerak utama berbagai proses ekologis yang menjaga keberlanjutan fungsi tanah. Peran ekologis tersebut tidak hanya terbatas pada dekomposisi dan siklus hara, tetapi juga mencakup pengaturan struktur fisik tanah, kesehatan tanaman, stabilitas ekosistem, serta kemampuan tanah beradaptasi terhadap tekanan lingkungan. Keberagaman mikroba yang tinggi membuat aktivitasnya berlangsung melalui jaringan interaksi yang kompleks dan saling mendukung (Fierer 2017).

Dekomposisi merupakan salah satu fungsi paling mendasar dalam ekosistem tanah. Fungi dan bakteri saprofit bertugas mengurai senyawa organik kompleks seperti lignin, selulosa, hemiselulosa, sisa akar, dan serasah tanaman. Proses dekomposisi menghasilkan humus yang berperan penting dalam meningkatkan kapasitas tukar kation (KTK), memperbaiki struktur tanah, serta mendukung kesuburan tanah dalam jangka panjang (Wagg et al., 2014). Selain itu, aktivitas ini juga mengatur pelepasan karbon melalui respirasi mikroba,

menjadikannya komponen penting dalam siklus karbon global.

Berbagai siklus biogeokimia di ekosistem tanah juga dikendalikan oleh mikroorganisme. Pada siklus nitrogen, bakteri nitrifikasi seperti *Nitrosomonas* dan *Nitrobacter* mengoksidasi amonia menjadi nitrat, sedangkan bakteri denitrifikasi seperti *Pseudomonas* mengubah nitrat menjadi N_2 sehingga mencegah penumpukan nitrat yang dapat mencemari air tanah. Siklus fosfor dipengaruhi oleh bakteri pelarut fosfat seperti *Bacillus* dan *Pseudomonas* yang melepaskan fosfor terikat agar tersedia bagi tanaman. Dalam siklus sulfur, bakteri seperti *Thiobacillus* mengoksidasi sulfur menjadi sulfat, sementara pada siklus karbon fungi lignolitik berperan menguraikan senyawa aromatik kompleks dan membantu menyimpan karbon dalam tanah (Heijden et al., 2008).

Mikroorganisme juga berkontribusi terhadap pembentukan sifat fisik tanah. Hifa fungi membantu mengikat partikel tanah menjadi agregat stabil, sementara bakteri menghasilkan polisakarida yang bertindak sebagai perekat alami (Schloter et al., 2018). Agregasi ini meningkatkan porositas, infiltrasi air, aerasi, dan menunjang perkembangan akar. Menurut Saraswati dan Sumarno (2008), yang menyatakan bahwa mikroorganisme memiliki fungsi utama seperti: menyediakan nutrisi bagi tanaman, menguraikan bahan organik, bakteri rhizobium yang mendukung pertumbuhan tanaman melalui produksi protein katalitik dan peningkatan ketahanan terhadap hama penyakit, serta berperan sebagai biokatalisator dalam menghambat serangan hama dan penyakit.

3. Mikrobioma Tanah Dan Kesehatan Ekosistem

Mikrobioma tanah memiliki peran sentral dalam menjaga kesehatan ekosistem melalui keterlibatannya dalam dekomposisi bahan organik, pengaturan siklus hara, serta proses pembentukan struktur tanah. Komunitas bakteri, fungi, dan archaea ini mengendalikan berbagai proses ekologis yang menentukan tingkat kesuburan dan kemampuan tanah dalam menopang kehidupan. Wagg et al., (2014) menegaskan bahwa keragaman mikroorganisme tanah merupakan faktor utama dalam menjaga stabilitas fungsi ekosistem, khususnya dalam proses biogeokimia. Sejalan dengan itu, Heijden et al., (2008) menjelaskan bahwa mikroba tanah membentuk hubungan simbiotik dengan tanaman yang dapat meningkatkan penyerapan nutrisi dan ketahanan tanaman terhadap tekanan lingkungan, sehingga berkontribusi pada ketangguhan ekosistem secara keseluruhan.

Dalam kaitannya dengan kesehatan tanah, mikrobioma berperan dalam meningkatkan kemampuan tanah menyimpan air, memperbaiki struktur fisik, dan mengurangi risiko erosi. Menurut Lehmann et al., (2020), aktivitas mikroba berhubungan erat dengan pembentukan agregat tanah yang stabil, yang sangat penting bagi retensi air serta pertumbuhan tanaman. Selain itu, Berendsen et al., (2012) mengungkapkan bahwa mikrobioma di zona rizosfer dapat berfungsi sebagai mikrobioma pelindung yang membantu tanaman melawan patogen.

Akan tetapi, kesehatan ekosistem dapat terancam ketika komposisi mikrobioma tanah mengalami perubahan akibat aktivitas manusia, pencemaran, atau alih fungsi lahan. gangguan antropogenik seperti polusi kimia, intensifikasi pengolahan tanah, dan perubahan iklim dapat

menurunkan keragaman mikroba, sehingga melemahkan fungsi ekologis tanah (Trivedi et al., 2020). Secara keseluruhan, keseimbangan mikrobioma tanah merupakan penentu utama kesehatan ekosistem. Keragaman serta stabilitas komunitas mikroba mendukung keberlanjutan proses ekologis, meningkatkan ketahanan tanaman, dan menjaga kualitas tanah. Oleh sebab itu, penerapan praktik pengelolaan lahan yang ramah lingkungan menjadi langkah strategis untuk melindungi mikrobioma tanah dan memastikan keberlanjutan kesehatan ekosistem dalam jangka panjang.

4. Peran Mikrobioma Tanah Dalam Kesehatan Tanah

Mikrobioma tanah memegang peranan penting dalam upaya restorasi dan konservasi ekosistem karena mikroorganisme merupakan penggerak utama proses ekologi seperti dekomposisi, siklus hara, dan pembentukan struktur tanah. Menurut Harris (2012), pemulihan ekosistem sangat dipengaruhi oleh kemampuan tanah untuk memulihkan komunitas mikrobanya, karena mikroba berfungsi sebagai indikator kesehatan ekosistem dan pendorong regenerasi vegetasi. Selain itu, penelitian oleh (Heijden et al., 2008), menunjukkan bahwa keragaman mikroba tanah sangat terkait dengan stabilitas ekosistem, terutama melalui hubungan simbiotik dengan tanaman yang meningkatkan nutrisi serta membantu tanaman beradaptasi pada kondisi lingkungan yang terdegradasi.

Dalam konteks restorasi lahan terdegradasi, pemanfaatan mikroba tanah seperti fungi mikoriza arbuskula (AMF) dan bakteri pemacu pertumbuhan tanaman (PGPR) telah terbukti meningkatkan

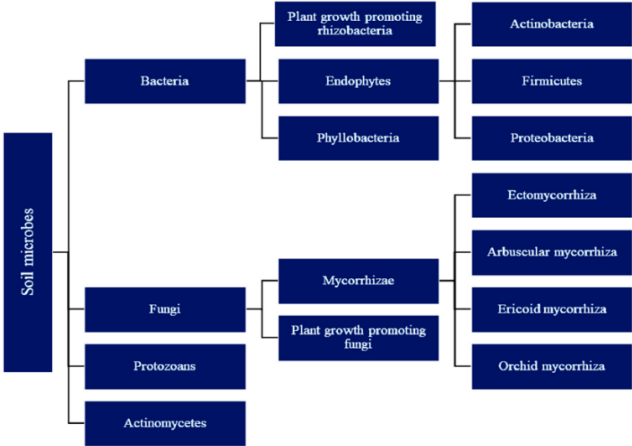
pertumbuhan tanaman pionir dan mempercepat proses suksesi vegetasi. Mikoriza arbuskula merupakan hubungan simbiosis mutualisme antara jamur dan akar tanaman. Dalam simbiosis ini mikoriza memperoleh karbohidrat dari inangnya dan sebaliknya mikoriza memberi berbagai keuntungan kepada inangnya, seperti meningkatkan pertumbuhan tanaman dan membantu penyerapan hara (Farzaneh et al., 2011; (Smith dan Read 2009), meningkatkan ketahanan tanaman terhadap kondisi abiotik yang kurang menguntungkan seperti kekeringan, salinitas, logam berat dan dapat memperbaiki struktur tanah (Muchane et al., 2018; Luo et al., 2017; Garg dan Pandey 2015; Rapparini dan Peñuelas 2014).

Manipulasi komunitas mikrobioma tanah melalui *soil inoculation* dapat mengarahkan jalannya suksesi ekosistem menuju kondisi yang lebih stabil dan menyerupai ekosistem alami (Wubs et al., 2016). Hal ini penting dalam menjaga keberlanjutan habitat dan mendukung konservasi spesies tumbuhan asli. Secara keseluruhan, mikrobioma tanah merupakan komponen kunci dalam restorasi dan konservasi ekosistem karena kemampuannya mengatur proses ekologis, mendukung pertumbuhan vegetasi, dan meningkatkan ketahanan ekosistem terhadap gangguan lingkungan.

5. Interaksi Mikrobioma Tanah dan Tanaman

Interaksi antara mikroba, tanaman, dan tanah merupakan elemen kunci dalam menjaga produktivitas serta kesehatan ekosistem. Mikroorganisme yang hidup di zona rhizosfer mendukung tanaman dalam memperoleh nutrisi melalui berbagai mekanisme, termasuk pelarutan fosfat, fiksasi nitrogen, serta produksi hormon pemacu

pertumbuhan. Mikroba simbiotik seperti mikoriza membantu memperluas area jelajah akar dalam menyerap air dan unsur hara, sehingga meningkatkan toleransi tanaman terhadap kekeringan dan berbagai kondisi stres lingkungan (Eisenhauer et al., 2017). Mikrobioma tanah terdiri atas beragam kelompok organisme seperti *Plant Growth-Promoting Bacteria*, endofit, fungi, actinomycetes, protozoa, dan lainnya (Chauhan et al., 2023).



Gambar 1. Diversitas mikrobioma tanah
(Sumber : Chauhan et al., 2023)

Banyak bakteri tanah yang dikenal sebagai *Plant Growth-Promoting Rhizobacteria* (PGPR) mampu menekan perkembangan patogen tanaman melalui produksi enzim, senyawa antibiotik alami, serta kompetisi dalam memanfaatkan ruang dan sumber nutrisi. Interaksi ini tidak hanya mempercepat pertumbuhan tanaman tetapi juga meningkatkan kesehatan tanah secara keseluruhan. Hubungan timbal balik antara tanaman dan mikroba

menciptakan sistem yang stabil dan saling menguntungkan, yang pada akhirnya berkontribusi pada keberlanjutan ekosistem.

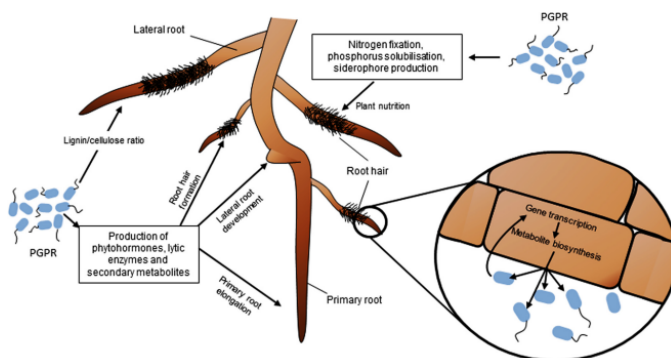
Rhizosfer merupakan area dengan aktivitas mikroba paling intensif. Eksudat akar menyediakan sumber karbon utama bagi mikroba, sementara mikroorganisme membantu tanaman dalam memperoleh nutrisi dan melindunginya dari patogen. Interaksi mutualistik ini membentuk zona biologis yang sangat aktif, memperkaya ketersediaan unsur hara, serta meningkatkan ketahanan tanaman. Secara keseluruhan, mikroorganisme tanah berperan sebagai “mesin ekologis” yang menjaga tanah tetap subur, produktif, dan stabil. Tanpa keberadaan mikroba, ekosistem darat tidak akan mampu menjalankan proses biogeokimia penting yang menopang kehidupan.

6. Inovasi Bioteknologi Mikroorganisme Untuk Pertanian

Bioteknologi mikroba telah menjadi pilar penting dalam mewujudkan pertanian berkelanjutan melalui pemanfaatan mikroorganisme sebagai agen biofertilizer, biopestisida, dan bioremediasi. Inovasi ini bertujuan mengurangi ketergantungan pada pupuk dan pestisida kimia yang dapat merusak tanah dan lingkungan. Salah satu penggunaan PGPR indigenous lahan salin dapat memperbaiki pertumbuhan tanaman (Maulina dan Darmayasa 2018), dan meningkatkan pertumbuhan vegetatif tanaman pada kondisi tercekam salinitas (Zainudin et al., 2014). Menurut Bhattacharyya dan Jha (2012), PGPR juga berperan sebagai agen biokontrol yang dapat menekan patogen tanah melalui produksi antibiotik dan senyawa antimikroba. PGPR juga berbeperan dalam

penyerapan hara dan perlindungan tanaman, dapat mengaktifkan sistem pertahanan tanaman melalui produksi senyawa fenolik dan metabolit sekunder yang menghambat perkembangan patogen. PGPR berperan dalam mengatur proses pertumbuhan dan perkembangan akar melalui sintesis fitohormon, metabolit sekunder, serta enzim tertentu.

Dampak yang paling sering diamati adalah berkurangnya laju pertumbuhan akar utama disertai dengan peningkatan jumlah serta panjang akar lateral dan rambut akar. PGPR juga meningkatkan ketersediaan unsur hara bagi tanaman melalui mekanisme seperti penambatan nitrogen, pelarutan fosfat, dan pembentukan senyawa siderofor (Gambar 2). PGPR dapat mengubah fisiologi akar dengan cara memengaruhi ekspresi gen dan biosintesis metabolit dalam sel tanaman (Vacheron et al., 2013).



Gambar 2. Interaksi tanaman dan PGPR
(sumber: Vacheron et al., 2013)

Mekanisme aksi dari kelompok PGPR dalam meningkatkan pertumbuhan tanaman terbagi menjadi tiga,

yaitu sebagai biostimulan, biofertilizer, dan bioprotektan (Bhattacharyya dan Jha 2012). Biostimulan/fitostimulan adalah mikroorganisme yang mampu memproduksi fitohormon yang menstimulasi pertumbuhan tanaman, seperti asam indolasetat, giberelin, etilen, dan sitokinin. Biofertilizer adalah mikroorganisme yang dapat meningkatkan pertumbuhan tanaman dengan membantu memudahkan tanaman dalam menyerap unsur hara primer, seperti dengan cara mengikat nitrogen dan melarutkan fosfat. Bioprotektan/biopestisida adalah mikroorganisme yang dapat mengontrol agen patogen tanaman sehingga pertumbuhan tanaman tidak terganggu.

Beberapa genus bakteri seperti *Agrobacterium*, *Arthrobacter*, *Azotobacter*, *Azospirillum*, *Bacillus*, *Burkholderia*, *Caulobacter*, *Chromobacterium*, *Erwinia*, *Flavobacterium*, *Micrococcus*, *Pseudomonas* dan *Serratia* serta beberapa anggota *Actinomycetes* seperti *Streptomyces* dan *Micromonospora* telah dikenal baik sebagai PGPR (Bhattacharyya dan Jha, 2012). Selain itu, inovasi bioteknologi mikroba juga diterapkan dalam bioremediasi lahan tercemar, di mana mikroba mampu mendegradasi pestisida dan logam berat (Glick, 2010).

Perkembangan teknologi genomik dan metabolomik semakin mempercepat penemuan strain mikroba unggul untuk pertanian. Menurut Ramakrishna et al. (2019), pendekatan berbasis *omics* memungkinkan identifikasi mikroba yang lebih efisien dalam meningkatkan produktivitas tanaman dan menjaga kesehatan tanah. Dengan demikian, inovasi bioteknologi mikroba tidak hanya menjadi solusi ekologis tetapi juga strategi penting untuk meningkatkan ketahanan pangan global secara berkelanjutan.

7. Prospek Masa Depan Mikrobioma Tanah

Mikrobioma tanah memiliki peran fundamental dalam menjaga kesehatan ekosistem melalui kontribusinya terhadap kesuburan tanah, siklus hara, ketahanan tanaman, dan stabilitas lingkungan. Interaksi kompleks antara mikroorganisme, tanaman, dan faktor lingkungan menjadikan mikrobioma tanah sebagai komponen kunci dalam keberlanjutan ekosistem pertanian maupun alami. Meskipun kemajuan teknologi seperti *metagenomik*, *multi-omics*, dan model berbasis kecerdasan buatan telah memberikan pemahaman yang lebih mendalam, penelitian mikrobioma tanah masih menyisakan banyak ruang eksplorasi. Di masa depan, pemanfaatan mikrobioma tanah berpotensi dikembangkan menjadi strategi bioteknologi yang lebih presisi, seperti *biofertilizer* berbasis komunitas mikroba, rekayasa komunitas mikrobioma untuk adaptasi perubahan iklim, serta integrasi big-data untuk memprediksi kesehatan tanah secara *real-time*. Dengan pendekatan yang lebih holistik dan berbasis ekologi, mikrobioma tanah diharapkan menjadi fondasi utama dalam mewujudkan sistem pertanian yang berkelanjutan, produktif, dan ramah lingkungan.

Mikrobioma tanah merupakan komponen kunci dalam menjaga kesehatan ekosistem dan mendukung pertanian berkelanjutan melalui perannya dalam dekomposisi bahan organik, siklus hara, pembentukan struktur tanah, serta peningkatan ketahanan tanaman terhadap stres lingkungan. Interaksi kompleks antara mikroba, tanaman, dan faktor lingkungan, terutama di zona rizosfer, menciptakan sistem saling menguntungkan yang memperkaya ketersediaan nutrisi, meningkatkan produktivitas tanaman, dan menjaga stabilitas ekosistem.

Pemanfaatan bioteknologi mikroba, termasuk *plant growth-promoting rhizobacteria* (PGPR), biofertilizer, biopestisida, dan bioremediasi, memperkuat fungsi ekologis tanah sekaligus mengurangi ketergantungan pada input kimia sintetis. Dengan pendekatan berbasis *omics* dan pengelolaan yang holistik, mikrobioma tanah menjadi fondasi strategis untuk mewujudkan sistem pertanian yang produktif, ramah lingkungan, dan berkelanjutan.

BAB 3

BIOTEKNOLOGI

MIKROORGANISME UNTUK

PERTANIAN BERKELANJUTAN

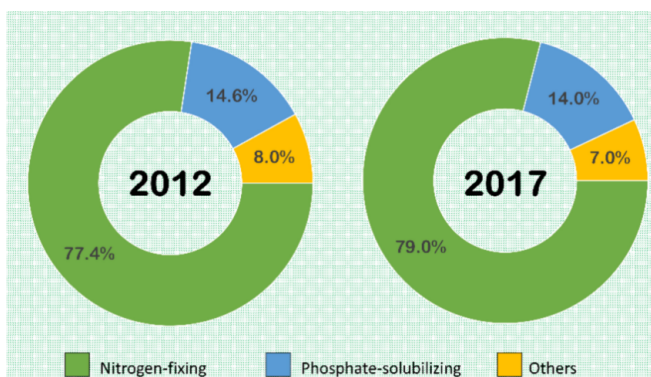
Pertanian berkelanjutan sebagai cita-cita besar yang ingin dicapai memerlukan integrasi dan aplikasi dari berbagai bidang penelitian, termasuk kolaborasi mikrobiologi dan bioteknologi dalam penerapannya pada pertanian. Mikrobiologi bioteknologi (*Microbial biotechnology*) dalam mewujudkan pertanian berkelanjutan dapat diaplikasikan mulai dari menghasilkan tanaman yang unggul, perbaikan tanah/lingkungan yang terkontaminasi, penggunaannya dalam biofertilizer, rekayasa mikrobioma pada tanaman, dan bahkan sampai pada aplikasinya sebagai biokontrol yang dinilai lebih ramah lingkungan. Studi mikrobioma pada tanaman dalam mendukung pertumbuhan tanaman, ketahanan terhadap *stress abiotic* dan *biotic* meliputi mikroorganisme rizosfer, filosfer, dan endosfer (Misu et al., 2025).

Meningkatnya populasi manusia secara global menuntut peningkatan kebutuhan pangan. Pada praktik pertanian berkelanjutan diharapkan kebutuhan pangan terjaga seiring dengan lingkungan yang tetap terjaga. Penerapan Interaksi mikroorganisme dalam pertanian memerlukan kajian hingga mekanisme dan interaksi molekuler. Studi mengenai mikrobiologi beserta aspek molekulernya berperan dalam menghasilkan produk

komersil yang diharapkan dapat diterapkan oleh Masyarakat (Blake et al., 2021).

1. Studi Mikrobioma dan Integrasinya Sebagai PGPMS Dalam Aplikasinya Sebagai Biofertilizer

Selama beberapa dekade, peluang pasar biofertilizer meningkat signifikan. Sementara itu, data menunjukkan bahwa peluang pasar biofertilizer didominasi oleh bakteri fiksasi nitrogen (Basu et al., 2021; Soumare et al., 2020; Timmusk et al., 2017).



Gambar 3. Peluang pasar biofertilizer

Aplikasi biofertilizer dinilai lebih ramah lingkungan dibanding fertiliser kimia. Mikroba dapat berinteraksi dengan tanaman dalam mendukung pertumbuhan tanaman, baik dalam mendukung ketersediaan nutrisi maupun meningkatkan ketahanan tanaman terhadap cekaman lingkungan. Biofertilizer dinilai lebih ramah lingkungan, hemat biaya, non-toksik, mudah diaplikasikan, dan mampu menjaga kualitas tanah serta biodiversitas lahan pertanian. Biofertilizer juga dinamakan "*inokulan*

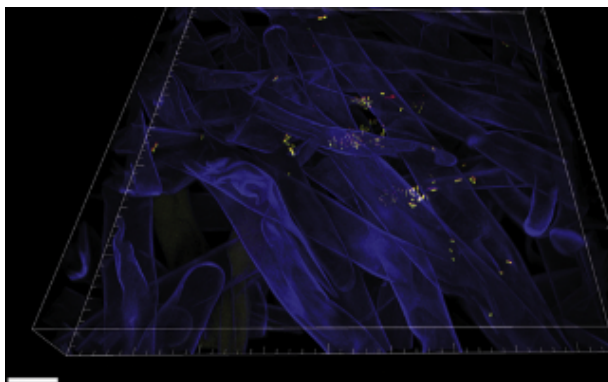
mikrobia”, karena berisi mikroorganisme yang berperan sebagai *Plant Growth Promoting Microorgansims* (PGPMs). Mikrobia yang digunakan umumnya berasal dari rizosfer tanaman (Nosheen et al., 2021).

Mikroorganisme yang digunkana dalam biofertilizer umumnya kombinasi bakteri dan fungi dengan kemampuan sebagai fiksasi nitrogen, mikroorganisme pelarut fosfat, dan bakteri penghasil fitohormon (Nosheen et al., 2021). Penggunaan PGPR (*Plant Growth Promoting Rhizobacteria*) secara efisien sebagai *biofertilizer biocontrol* menjadi prospek kedepan secara komersial. Produk biofertilizer komersil dapat mengandung mikroba hidup atau pun mikroba dorman. Penggunaan mikroorganisme sebagai biofertilizer setidaknya memiliki karakter berikut (Basu et al., 2021):

- a) Kompetensi tinggi di rizosfer
- b) Mampu berkoloni dalam jumlah tinggi di area rizosfer
- c) Mampu mendukung pertumbuhan tanaman
- d) Kompatibel dengan mikroorganisme local (*native*) di area rizosfer
- e) Memiliki spektrum aksi yang luas
- f) Toleran terhadap perubahan lingkungan
- g) Mampu berkompetisi dengan microorganism lokal di rizosfer tanaman.

Kemampuan berkoloni di akar dari mikroorganisme yang telah diinokulasikan pada rizosfer tanaman target menjadi indikator penting guna tercapainya hasil yang diinginkan. Teknik DNA hibridisasi FISH, dapat digunakan untuk melihat kemampuan berkoloni dari bakteri yang diinokulasikan. *DNA probe* yang digunakan dapat mentargetkan 16S atau pun 23S RNA. FISH (*Fluorescent in*

situ Hybridization) dikombinasikan dengan mikroskop konfokal menjadi *tool* penting dalam mengamati kemampuan berkoloni bakteri yang diinokulasikan. Metode pengamatan juga dapat dikombinasikan dengan SEM (*Scanning Electron Microscope*) (Cardinale et al., 2008; Gamez et al., 2019).



Gambar 4. Kolonisasi *Bacillus amyloliquefaciens* Bs006 pada akar pisang cv. Williams (garis menunjukkan skala ukuran 20 μ m)

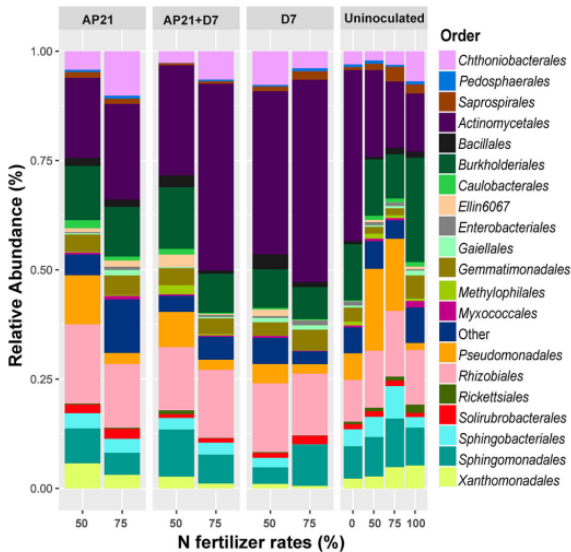
(Sumber: Gamez et al., 2019)

Studi mikrobioma diperlukan untuk mendapatkan keragaman komunitas dalam suatu area tanaman, terutama rizosfer tanaman. Keragaman mikrobioma pada suatu area rizosfer akan mampu memberikan informasi terkait kompatibilitas dan kemampuan mikroorganisme tersebut dalam berkompetisi dengan mikroorganisme lokal. Studi mikrobioma juga bertujuan untuk memberikan informasi terkait komunitas mikroorganisme tanaman sehat dan komunitas mikroorganisme tanaman yang terinfeksi atau tanaman dengan pertumbuhan tidak optimal. Inokulasi

PGPR tertentu akan berpengaruh pada perubahan mikrobiota di rizosfer tanaman. Perubahan komunitas mikrobiota yang kemudian mengacu pada perannya dalam mendukung pertumbuhan tanaman. Inokulasi mikroorganisme acak tanpa mempertimbangkan kemampuannya untuk kompatibel dan mampu berkompetisi dengan mikroorganisme lokal justru tidak akan memberikan perubahan yang signifikan (Basu et al., 2021; Blake et al., 2021).

Aplikasi mikroorganisme ke rizosfer memerlukan beberapa pertimbangan salah satunya mampu berkompetisi dengan mikroorganisme lokal di rizosfer tanaman target. Inokulasi mikroorganisme berupa isolate murni atau satu jenis bakteri saja ke area rizosfer seringkali memberikan hasil yang tidak signifikan. Inokulasi berupa konsorsium (gabungan dua atau lebih) dinilai lebih mampu memberikan hasil yang signifikan. Mikroba yang kompatibel dan mampu berkompetisi dengan mikroorganisme lokal merupakan informasi penting untuk meningkatkan efisiensi penggunaan mikroorganisme sebagai biofertilizer. Studi terkait komunitas dan pengaruhnya dalam mendukung pertumbuhan tanaman memerlukan studi terintegrasi, yakni studi terkait mikrobioma pada rizosfer atau pun area lain pada tanaman.

Mikrobioma rizosfer berperan penting dalam mendukung pertumbuhan tanaman (Basu et al., 2021; Blake et al., 2021). Salah satu contoh penelitian yang telah dilakukan yakni inokulasi *Bacillus* sp. di rizosfer tanaman memberikan hasil yang tidak signifikan, tetapi inokulasi *Bacillus* sp. dan *Pseudomonas* sp. bersamaan mampu memberikan hasil yang signifikan (Blake et al., 2021).



Gambar 5. Profil komunitas bakteri hasil inokulasi *Herbaspirillum* sp. AP21 dan *Azospirillum brasilense* D7 pada rizosfer pada rizosfer *Lolium* sp. dan *Trifolium* sp

(Sumber: Pardo-Díaz et al., 2021)

Tantangan pemanasan global dan perubahan iklim memunculkan fokus terhadap studi penerapan mikrobiologi bioteknologi dalam mendukung ketahanan tanaman terhadap cekaman kekeringan dan salinitas. Mikroorganisme mendukung tanaman dalam menghadapi cekaman salinitas dengan menghasilkan osmolit, salah satunya prolin. Inokulasi mikroorganisme dalam mendukung tanaman menghadapi cekaman lingkungan juga berperan dalam menjaga ROS (*Reactive Oxygen Species*) tetap rendah. Aplikasi PGPR menstimulasi enzim antioksidan SOD (*Superoxide Dismutase*), *catalase*, ascorbate peroxidase (APX) (Fortt et al., 2022).

Aplikasi mikroorganisme dalam mendukung pertumbuhan tanaman juga memerlukan identifikasi dan karakterisasi yang mendalam untuk keperluan penggunaan yang terukur dan hasil yang konsisten. Karakterisasi dan identifikasi dapat menggunakan *Whole Genome Sequencing* (WGS) apabila dianggap perlu. Kemampuan pertumbuhan mikroorganisme terlebih dahulu diuji dalam skala *in vitro* sebelum dilakukan aplikasi di lapangan. Akan tetapi, perlu diingat bahwa tidak semua mikroorganisme target mampu dilakukan kultur di media. Oleh karena itu, studi dengan analisis secara molekuler diperlukan (Pardo-Díaz et al., 2021).

2. Aplikasi Mikrobiologi dan Bioteknologi Dalam Bentuk Rekayasa Mikrobioma Rizosfer

Perkembangan sekuensing dan Teknik bioinformatika memungkinkan kita mengetahui lebih detail terkait mekanisme molekular mikroorganisme yang dapat berperan dalam meningkatkan ketahanan tanaman terhadap cekaman dan meningkatkan produktifitas tanaman pertanian. Studi terkait mikrobioma terus berkembang hingga rekayasa komunitas mikrobioma guna mencapai hasil yang lebih signifikan. Penerapannya mungkin akan mirip dengan aplikasi biofertilizer, namun lebih kepada rekayasa mikrobioma. *Synthetic microbial Community* (SynComs) merupakan cara merekayasa komunitas mikrobia dengan merekrut mikrobia tertentu dan menciptakan kondisi yang meminimalisir munculnya mikroba patogen. Terobosan ini masih terbilang baru dan memungkinkan untuk dilakukan studi lebih lanjut (Tariq et al., 2025).

SynComs diharapkan dapat memberikan efek lebih signifikan secara langsung. Salah satu studi yang pernah dilakukan yaitu memanipulasi bakteri strain dari *Enterobacter cloacae* yang diketahui dapat merubah komunitas mikrobiota dan meminimalisir resiko terserang penyakit *Fusarium verticillioides* pada jagung (Niu et al., 2017). Rizosfer dan endosfer tanaman diyakini mampu menjadi reservoir isolat mikroba yang potensial digunakan dalam SynCom. Mikroba yang potensial untuk SynCom Adalah mikroba yang mampu berperan dalam mengubah komunitas mikrobiota menjadi yang diharapkan, mikroba tersebut dapat disebut dengan “*core microbiome*”. Informasi lebih jauh terkait *core microbiome* serta efek yang dihasilkan pada pertumbuhan tanaman memerlukan data yang terintegrasi yang melibatkan studi “multi-Omic” (*culturomic, metagenomic, metabolomic*, dll).

Studi rekayasa dan desain SynCom tidak hanya melibatkan aktivitas dan kemampuan mikroorganisme dalam mikrobioma, tetapi juga proses fisiologi tanaman dan interaksinya dengan komunitas mikrobiota yang ada (mikrobioma). Mikrobia yang digunakan dapat juga berupa mikrobia yang telah direkayasa secara genetik untuk dapat memberikan hasil yang diharapkan. Rekayasa gen dengan menggunakan sistem CRISPR/Cas dinilai berpotensi digunakan dalam rekayasa genetik pada mikroba spesifik dari konsorsium (Dubey et al., 2025).

Mekanisme PGPM (*Plant Growth Promoting Microorganism*) terhadap ketahanan tanaman terhadap cekaman abiotik dan produktivitas tanaman perlu dipelajari lebih dalam terkait mekanisme molekulernya. Modifikasi epigenetik menjadi penting terkait ekspresi gen dan mekanisme adaptasi pada tanaman. Mekanisme

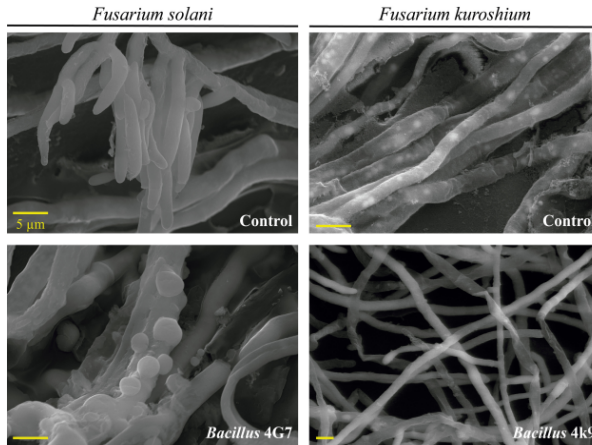
mikrobia rizosfer kaitannya dengan modifikasi epigenetik tanaman untuk menunjang tanaman tahan terhadap cekaman kekeringan berkaitan dengan perubahan metilasi DNA pada gen yang berkaitan dengan stress oksidatif (Kaya et al., 2023). Inokulasi PGPR pada tanaman tomat diketahui meningkatkan ekspresi gen *SlmiR 159*, *SlHsfA1a*, *SlHAKT1* yang berkaitan regulasi hormon pada tanaman yang berperan dalam ketahanan pada cekaman kekeringan (Siraj et al., 2022).

Hasil yang diharapkan berupa ketahanan terhadap cekaman tentu merupakan hasil ekspresi gen yang berarti dipengaruhi juga oleh modifikasi epigenetik yang berkaitan dengan *phenotypic plasticity*. Ekspresi gen akibat modifikasi epigenetik tentu dapat memengaruhi hasil yang diberikan. Rekayasa mikrobioma juga berkaitan dengan respon tanaman *host*. Ketersediaan nutrisi yang berkaitan dengan interaksi mikrobiota dengan tanaman *host* diyakini memengaruhi modifikasi epigenetik pada tanaman yang berkaitan dengan ekspresi gen terkait adaptasi tanaman terhadap cekaman. Efek jangka Panjang dari modifikasi epigenetik tersebut terutama yang berkaitan dengan adaptasi terhadap cekaman tentu yang kita harapkan. Studi berkaitan hal tersebut masih perlu dilakukan lebih jauh, terutama terkait mempertahankan komunitas mikroba pada rizosfer dalam jangka lama. Hal tersebut memerlukan modifikasi atau pun rekayasa kondisi lingkungan (Chen et al., 2022).

3. Aplikasi Mikrobiologi dan Bioteknologi Sebagai Biokontrol Yang Ramah Lingkungan

Kehilangan dan penurunan kualitas produk pertanian banyak diakibatkan oleh hama dan penyakit. Mekanisme biologis pada penanganan hama dan penyakit yang menyerang tanaman pertanian dan perkebunan dianggap lebih ramah lingkungan. Mekanisme biologis dianggap mampu menjaga kualitas lingkungan terutama tanah untuk kedepannya. Selain itu, mekanisme biologis dianggap memiliki resiko yang lebih rendah terhadap ancaman kesehatan manusia (Liu et al., 2019; Niu et al., 2020). Konsorsium mikroba (*multi-strain biological control agents*/MSBCAs) dalam penggunaannya sebagai *Biological Control Agent*/BCA) banyak menjadi perhatian guna tercapainya pertanian berkelanjutan yang lebih ramah lingkungan. Interaksi komunitas mikroba dengan tanaman mampu meyeleksi keberadaan mikroba fitopatogen tertentu, termasuk memengaruhi hama tanaman (Niu et al., 2020).

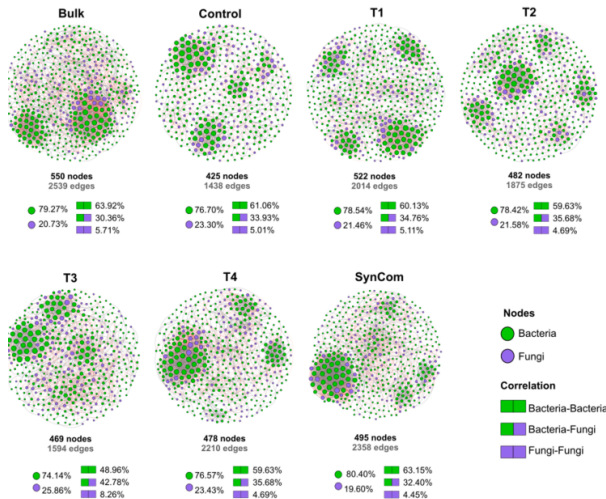
Studi mikrobioma dalam strategi penanganan hama dan penyakit dapat menjadi salah satu cara dalam meminimalisir penggunaan pestisida dan mewujudkan pertanian berkelanjutan. Penanganan hama dan penyakit menggunakan mikroorganisme atau pun rekayasa mikrobioma dinilai lebih ramah lingkungan dibanding penggunaan pestisida. Beberapa hama terkadang juga menjadi vektor penyebaran fungi pathogen pada tanaman. Rekayasa mikrobioma dalam meminimalisir kondisi yang mendukung kesehatan hama serangga diharapkan juga memberikan aktivitas antagonis terhadap mikroorganisme fitopatogen.



Gambar 6. Hasil Scanning Electron Microscopy (SEM) uji daya hambat *Bacillus* 4G7 dan 4k9 terhadap *Fusarium solani* dan *Fusarium kuroshium*
(Sumber: Reverchon et al., 2021)

Aplikasi mikroorganisme yang telah diterapkan dalam penanganan fitopatogen yaitu jamur *Trichoderma* spp. Aplikasi *Trichoderma* spp. Mampu mengubah komunitas profil mikrobioma pada tanaman (Reverchon et al., 2021).

Interaksi mikrobioma pada tanaman tidak hanya berkaitan dengan keberadaan nutrisi tetapi juga interaksi dengan mikroba patogen. Pada mikrobioma rizosfer analisis komunitas mikroorganisme rizosfer dapat dilakukan dengan analisis metagenomik. Studi awal terkait komunitas mikroba rizosfer suatu tanaman yang sehat ataupun studi perubahan komunitas mikroba pasca inokulasi mikroba perlakuan (Cunha et al., 2024).



Gambar 7. Perubahan komunitas bakteri dan fungirizosfer pasca inokulasi bakteri (T1, T2, T3, T4)

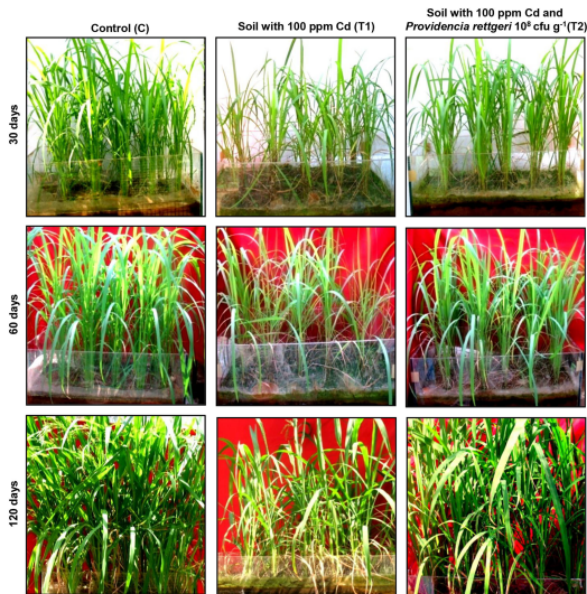
(Sumber: Cunha et al., 2024)

4. Aplikasi Mikrobiologi dan Bioteknologi Pada Bioremediasi Cemaran di Lahan Pertanian

Lahan yang tercemar tidak hanya mengancam Kesehatan manusia secara langsung, tetapi dapat mengancam Kesehatan manusia secara tidak langsung yakni masuknya cemaran di rantai makanan seperti logam berat dan pestisida. Mikroorganisme dapat digunakan atau pun direkayasa guna bioremediasi polutan di lahan dan mencegah penyebaran polutan berbahaya masuk ke rantai makanan (Ajmal et al., 2022).

Mikroorganisme yang digunakan dapat berupa mikroorganisme yang sekaligus berperan sebagai PGPR (*Plant Growth Promoting Rhizobacteria*). Kemampuan mikroorganisme dalam menghasilkan enzim antioksidan

(*superoxide dismutase* (SOD), *peroxidase* (POD), *ascorbate peroxidase* (APX), and *catalase* (CAT)) dan zat pengkelat menjadikan mikroorganisme tersebut sebagai kandidat yang potensial dalam bioremediasi logam berat. Enzim antioksidan yang dihasilkan juga berperan dalam menurunkan level ROS (*Reactive Oxygen Species*) pada tanaman (Ajmal et al., 2022).

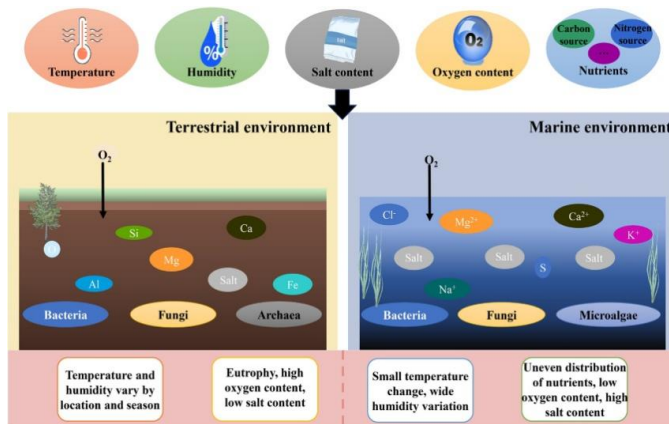


Gambar 8. Perbandingan padi kontrol dengan padi yang diinokulasi *Providencia rettgeri* pada tanah yang mengandung Cadmium
(Sumber: Ajmal et al., 2022)

BAB 4

MIKROORGANISME LAUT: SUMBER SENYAWA BIOAKTIF

Mikroorganisme laut merupakan organisme berukuran kecil yang hidup di laut, termasuk dari domain *Archaea*, *Bacteria*, dan *Eukarya*. Mikroorganisme laut memiliki toleransi terhadap salinitas, temperatur, cahaya, dan tekanan yang berbeda dengan lingkungan teresterial (Gambar 4.1). Adaptasi ini memungkinkan mikroorganisme laut hidup pada berbagai kondisi ekstrem di lautan.



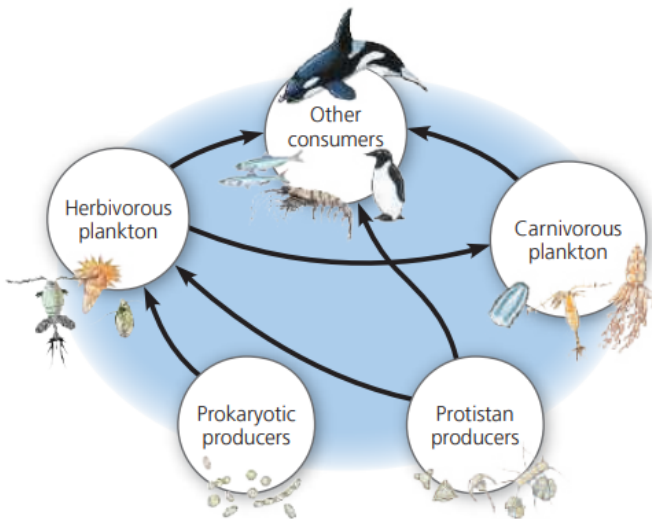
Gambar 9. Perbandingan lingkungan teresterial dan lautan

(Sumber: Che et al., 2025)

Evolusi panjang yang dialami oleh organisme laut telah menghasilkan organisme dengan gen langka,

termasuk pada mikroorganisme laut. Tekanan tinggi (hingga 1.100 atmosfer), suhu di bawah 0°C, kondisi anaerobik, suhu lingkungan (di atas 100°C) di sumber air panas, dan keasaman tinggi (pH 2,8) menjadi lingkungan tempat bertahan hidup bagi mikroorganisme laut. Perbedaan cahaya pada setiap kedalaman laut juga menjadi faktor keanekaragaman dan keunikan mikroorganisme laut (Poli et al., 2017).

Mikroorganisme laut hidup sebagai autotrof maupun heterotrof, dengan beragam ciri morfologi, fisiologi dan biokimia. Mikroorganisme laut memiliki peran penting dalam jaring-jaring makanan di laut (Gambar 10).



Gambar 10. Peran mikroorganisme laut dalam jaring-jaring makanan
(sumber: Urry et al., 2020)

Mikroorganisme laut autotrof dapat menggunakan energi dari cahaya (fotosintesis) atau senyawa kimia (kemosintesis). Mikroorganisme autotrof bertindak sebagai produsen primer dalam rantai makanan dan pengendali siklus karbon global karena menggunakan CO₂ untuk fotosintesis. Contoh mikroorganisme laut yang melakukan fotosintesis adalah fitoplankton, mikroalga dan *Cyanobacteria*. Sedangkan contoh mikroorganisme yang melakukan kemosintesis salah satunya adalah *Halomonas* (Faulkner et al., 2023). Di sisi lain, mikroorganisme heterotrof laut memperoleh sumber karbon dari bahan organik yang tersedia di lingkungan laut, melalui perannya sebagai pengurai, atau melalui asosiasi dengan organisme laut lainnya.

Mikroorganisme laut dapat ditemukan langsung pada air laut, sedimen laut, serta dapat membentuk asosiasi dengan tumbuhan dan hewan laut. Asosiasi ini dapat berupa simbiosis mutualisme, komensalisme, dan parasitisme. Mikroorganisme laut tidak hanya berperan penting dalam rantai makanan, tapi juga dalam siklus biogeokimia. Contohnya seperti *Cyanobacteria* yang merupakan mikroorganisme utama pengikat nitrogen (N₂) di lingkungan laut (El-Seedi et al., 2023). Mikroorganisme laut juga memiliki peranan penting bagi manusia, yaitu sebagai sumber makanan, obat-obatan, penghasil enzim, serta senyawa bioaktif lain yang dapat diaplikasikan di berbagai bidang, seperti di bidang kesehatan, farmasi, industri makanan, kosmetik, dan lingkungan.

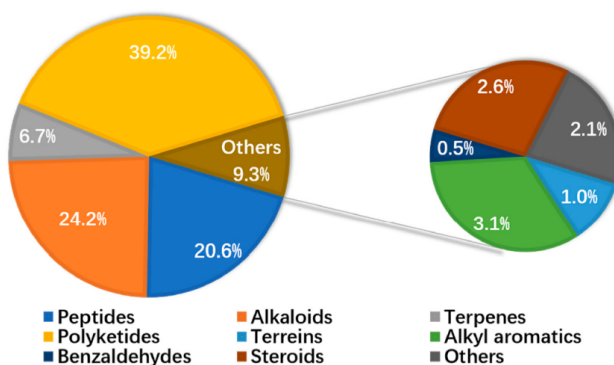
Penggunaan mikroorganisme sebagai penghasil senyawa bioaktif dimulai sejak ditemukannya penisilin oleh Alexander Fleming pada tahun 1928 dari *Penicillium notatum*. Meskipun secara tidak sengaja, penemuan

penisilin ini menginisiasi eksplorasi senyawa bioaktif dari mikroorganisme, termasuk mikroorganisme laut.

Persentase wilayah laut yang lebih luas dibandingkan dengan daratan yang ada di bumi (sekitar 70%) membuat mikroorganisme laut menjadi sumber daya hayati yang masih banyak belum dieksplorasi terkait potensinya. Indonesia merupakan negara kepulauan dengan potensi keanekaragaman laut yang belum banyak terjamah. Kondisi tersebut menjadikan mikroorganisme laut sebagai objek yang menarik untuk diteliti terkait penemuan senyawa bioaktif baru. Selain itu, kondisi fisik dan kimia yang ekstrem di lingkungan laut menyebabkan perkembangan jalur metabolisme tertentu pada mikroorganisme laut yang menghasilkan senyawa bioaktif unik dan tidak ditemukan pada mikroorganisme teresterial (Pinedo-rivilla et al., 2022).

Sebagian besar mikroorganisme laut yang menghasilkan senyawa bioaktif diisolasi dari sedimen laut, berasosiasi dengan spons, teripang, terumbu karang, bulu babi, lamun, rumput laut, dan mangrove. Beberapa penelitian juga melaporkan bahwa senyawa bioaktif yang dihasilkan oleh mikroorganisme laut yang berasosiasi dengan organisme laut lain sebagai inangnya memiliki karakteristik yang sama dengan senyawa bioaktif yang dihasilkan oleh inangnya. Selain itu, senyawa bioaktif yang dihasilkan mikroorganisme laut menjadi alat proteksi bagi inang dari ancaman luar. Konsep ini menjadi keunggulan mikroorganisme laut untuk digunakan sebagai alternatif produser senyawa bioaktif yang lebih cepat, tidak membutuhkan lahan yang luas, biaya yang lebih terjangkau dan lebih ramah lingkungan.

Secara umum, penemuan senyawa bioaktif dari mikroorganisme laut dapat dilakukan secara eksperimental di laboratorium dengan mengisolasi dan mengkulturkan mikroorganisme laut yang potensial, memperoleh metabolit sekundernya, lalu menguji aktivitasnya. Senyawa bioaktif dapat diperoleh menggunakan mikroorganisme tunggal maupun dengan strategi *co-culture*, yaitu strategi untuk meningkatkan keragaman dan kebaruan metabolit yang dihasilkan oleh mikroorganisme dengan cara meniru pola pertumbuhan komunitas mikroorganisme di habitat alaminya. Strategi *co-culture* ini diharapkan dapat menstimulasi kluster gen biosintesis yang tidak terekspresi dalam kondisi kultur tunggal, sehingga mendorong produksi metabolit sekunder baru. Keragaman senyawa bioaktif yang dihasilkan oleh metode *co-culture* mikroorganisme laut didominasi oleh poliketida (39,2%), alkaloid (24,2%), dan peptida (20,6%) (Li et al., 2023) seperti yang ditunjukkan oleh (Gambar 11)

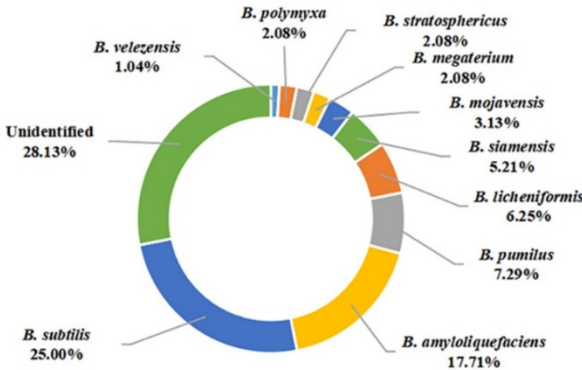


Gambar 11. Keragaman metabolit sekunder pada co-culture mikroorganisme laut
(sumber: Li et al., 2023)

Mikroorganisme laut juga banyak yang tidak dapat dikulturkan (*unculturable*) sehingga potensinya tidak dapat diujikan secara langsung. Untuk itu, studi metagenomik juga dapat dilakukan dalam penemuan senyawa bioaktif baru dari mikroorganisme laut. Studi metagenomik dapat mengidentifikasi berbagai gugus gen biosintetik yang berkaitan dengan metabolit sekunder dari mikroorganisme laut (Wang et al., 2024). Sumber senyawa bioaktif dari mikroorganisme laut diuraikan sebagai berikut.

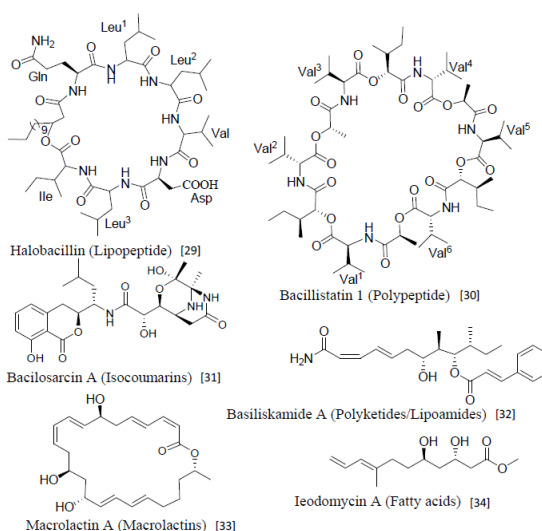
1. Bakteri Laut

Bakteri laut sebagai penghasil senyawa bioaktif sudah banyak dilaporkan. Bakteri laut yang paling banyak dilaporkan menghasilkan senyawa bioaktif berasal dari genus *Bacillus*. Beberapa spesies *Bacillus* laut yang menghasilkan senyawa bioaktif dipetakan dalam diagram berikut.



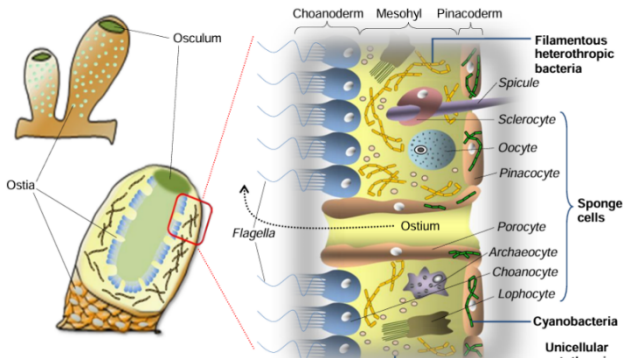
Gambar 12. Spesies *Bacillus* laut yang dilaporkan menghasilkan senyawa bioaktif
(sumber: Xiao et al., 2022)

Berdasarkan Gambar 12, genus *Bacillus* laut yang paling banyak menghasilkan senyawa bioaktif adalah *Bacillus subtilis*, dengan senyawa paling dominan adalah senyawa antimikroba, yaitu sebanyak 41,4%. Senyawa-senyawa bioaktif yang dihasilkan oleh bakteri laut memiliki aktivitas yang beragam, seperti aktivitas antimikroba, antikanker, antioksidan, antiinflamasi, antiaging, antivirus, dan lain sebagainya. *Bacillus subtilis* sp. 18 asal Laut Cina Selatan yang diisolasi dari bagian luar spons menghasilkan antibiotik Makrolaktin terhadap bakteri *Enterococcus faecalis* (Xu et al., 2024). Beberapa senyawa bioaktif utama yang dihasilkan oleh *Bacillus* laut lainnya ditunjukkan oleh (Gambar 4.5)



Gambar 13. Kelas utama senyawa metabolit sekunder dari *Bacillus*
(sumber: Mondol et al., 2013)

Bakteri laut yang menghasilkan senyawa bioaktif paling banyak diisolasi dari sedimen laut, diikuti oleh spons, rumput laut, serta bunga karang. Asosiasi bakteri laut dengan spons dapat dilihat pada (Gambar 4.6).



Gambar 14. Asosiasi bakteri laut dengan spons
(sumber: Nnaji et al., 2022)

Beberapa penelitian terkait senyawa bioaktif yang dihasilkan oleh bakteri yang berasosiasi dengan spons sudah banyak dilaporkan di berbagai wilayah di dunia, termasuk Indonesia. Senyawa bioaktif tersebut dapat berasal dari ekstraksi *pellet*, supernatan, metabolit sekunder termasuk pigmen yang dihasilkannya. Metode yang dilakukan dalam penemuan senyawa bioaktif dari bakteri laut cukup beragam, sesuai dengan senyawa bioaktif apa yang ingin diperoleh. Penapisan awal penemuan senyawa bioaktif dapat dilakukan dengan mengujikan isolat bakteri secara langsung, diikuti dengan uji menggunakan *pellet* dan supernatan. Sipriyadi et al., (2022) melaporkan isolat bakteri *Bacillus thuringiensis* strain USS-CAP-1 yang berasosiasi dengan spons *Jaspis* sp.

asal Pulau Enggano, Indonesia memiliki aktivitas antimikroba.

Penelitian Cahlia et al., 2023 melaporkan ekstrak pigmen kuning kemerahan yang dihasilkan oleh bakteri laut *Bacillus haikouensis* AGS112 yang berasosiasi dengan spons *Agela* sp. dari Kepulauan Seribu, Indonesia memiliki aktivitas antioksidan yang kuat. *Pseudomonas aeruginosa* P1.S9 yang berasosiasi dengan spons asal Kepulauan Seribu, Indonesia dilaporkan menghasilkan pigmen biru yang memiliki aktivitas antibakteri, antioksidan, dan sitotoksik (Wahyudi et al., 2022).

Bakteri laut yang berasosiasi dengan organisme lain seperti tanaman mangrove dilaporkan oleh Bodhaguru et al., (2019), yaitu bakteri *Rhodococcus* sp. yang berasosiasi dengan mangrove *Rhizophora mucronata* menghasilkan senyawa *Sterol-glycosides* dengan aktivitas antibakteri terhadap patogen laut. Isolat bakteri *Vibrio parahaemolyticus* yang berasosiasi dengan mangrove *Avicennia marina* menghasilkan senyawa *Vibriocin* yang bisa digunakan sebagai pengendali vibriosis (Balakrishnan et al., 2014). Selain itu, isolat bakteri yang berasal dari pencernaan bulu babi asal Kabupaten Kaur, Bengkulu memiliki aktivitas antibakteri (Wibowo et al., 2025).

Senyawa bioaktif yang dihasilkan oleh bakteri laut juga dilaporkan berasal dari *co-culture*. Metode *co-culture* dari *Streptomyces* sp. dan *Bacillus* sp. yang diperoleh dari pesisir lahan basah berlumpur menghasilkan senyawa metabolit baru berupa *Dentigerumycin* E yang memiliki aktivitas antiproliferatif dan antimetastatik terhadap karsinoma manusia (Shin et al., 2018). Beberapa bakteri laut lain yang menghasilkan senyawa bioaktif dirangkum dalam (Tabel 4.1)

Tabel 1. Bakteri laut dan senyawa bioaktif yang dihasilkan

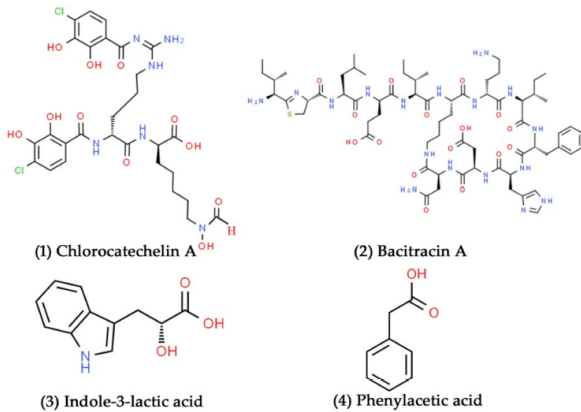
Bakteri Laut	Metabolit Sekunder	Aktivitas Biologis	Referensi
<i>Pseudomonas putida</i>	9, 10 dihydrophenanthrene-2-carboxylic acid	Antifungi	Uzair et al., (2018)
<i>Bacillus licheniformis</i> OF2	L-araginase	Antikanker	Selim et al., (2024)
<i>Enterobacter cloacae</i> MBB8	Exopolisaccharide (EPS)	Antioksidan	Shyam et al., (2021)
<i>Pseudomonas</i> sp.	Chitinase	Antifungi	Liu et al., (2019)
<i>Aneurinibacillus aneurinilyticus</i> SBP-11	Aneurinifactin	Antimicrobial	Balan et al., (2017)

2. Aktinobakteri Laut

Aktinobakteri, termasuk aktinomisetes, merupakan kelompok bakteri Gram-positif yang strukturnya dapat membentuk filamen dengan kandungan Guanin-Sitosin (GC) yang tinggi, dan menghasilkan spora. Aktinomisetes, khususnya genus *Streptomyces* dikenal sebagai penghasil antibiotik utama dalam kehidupan, baik berasal dari *Streptomyces* terseterial maupun *Streptomyces* laut (Gambar 14). Beberapa senyawa antimikroba yang dihasilkan oleh *Streptomyces* laut adalah Chlorocatechelin A (1), Bacitracin A (2), Indole-3-lactic acid (3), dan Phenylacetic acid (4) yang struktur kimianya seperti pada Gambar 15. Selain menghasilkan antibiotik, *Streptomyces* menjadi objek paling diminati dalam menghasilkan senyawa lain seperti antifungi, antibiofilm, antioksidan dan antitumor.



Gambar 15. Streptomyces diamati dengan Scanning Electron Microscope (SEM)
(Sumber: Urry et al., 2020)



Gambar 16. Struktur kimia senyawa antimikroba yang dihasilkan oleh beberapa Streptomyces laut
(Sumber: Srinivasan et al., 2021)

Beberapa genus aktinomisetes laut lain juga dilaporkan dapat menghasilkan senyawa bioaktif (Tabel

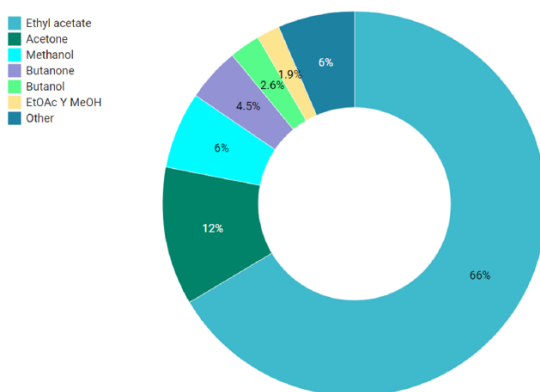
4.2). Berdasarkan laporan dari beberapa penelitian yang ada, aktinomisetes laut memiliki sifat yang lebih beragam dan unggul dibandingkan dengan aktinomisetes teresterial dalam menghasilkan senyawa antibakteri, antibiofilm, antikoagulan, antivirus, dan antifungi.

Tabel 2. Aktinobakteri laut dan senyawa bioaktif yang dihasilkan

Actinomycetes Laut	Metabolit Sekunder	Aktivitas Biologis	Referensi
<i>Streptomyces</i> sp. CB02980	Pyrroloformamides C	Antibakteri	Zhou et al., (2020)
<i>Streptomyces</i> sp. CMN-62	Anthranilate	Anti influenza	Che et al., (2018)
<i>Micromonospora harpali</i>	Spirotetronate	Antimikroba	Gui et al., (2017)
<i>Micromonospora</i> sp.	Extracellular Polymeric Substances	Antioksidan	George et al., (2022)
<i>Salinospora arenicola</i>	Rifamycin	Antibiotik	Bose et al., (2015)

Langkah awal untuk memperoleh senyawa bioaktif dari aktinobakteri adalah menumbuhkannya di dalam media dan membutuhkan waktu 7-10 hari, lebih lama dibandingkan pertumbuhan koloni bakteri. Skrining awal dapat dilakukan menggunakan isolat secara langsung seperti yang dilakukan Sipriyadi et al., (2021) yang melaporkan bahwa isolat aktinobakteria *Kocuria marina* yang berasosiasi dengan spons *Haliclona* sp. asal Pulau Enggano memiliki aktivitas antimikroba.

Setelah mengetahui potensi senyawa bioaktif dari aktinobakteri laut, uji lanjut dilakukan menggunakan ekstrak senyawa bioaktifnya. Ekstraksi senyawa bioaktif dari aktinobakteri dapat dilakukan menggunakan berbagai macam pelarut, dari pelarut polar hingga non polar. Pelarut yang paling banyak digunakan dalam ekstraksi senyawa bioaktif dari aktinobakteri adalah etil asetat dibandingkan dengan pelarut lain seperti metanol, butanol, etanol, butanon, aseton, dan lainnya (Gambar 4.9).



Gambar 17. Pelarut yang digunakan untuk mendapatkan ekstrak dan senyawa bioaktif dari aktinobakteri

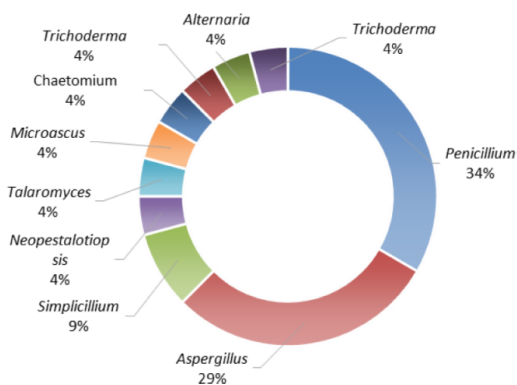
(Sumber: Hoz-Romo et al., 2022)

Etil asetat merupakan senyawa semipolar yang dapat menarik senyawa polar maupun non polar, sehingga etil asetat merupakan pelarut yang paling banyak digunakan dalam eksplorasi senyawa bioaktif karena dapat menarik senyawa yang lebih banyak. Namun, jika senyawa bioaktif yang ditargetkan sudah diketahui sifat polaritasnya, penggunaan pelarut dapat disesuaikan dengan senyawa

target. Senyawa bioaktif seperti flavonoid yang banyak ditemukan pada tumbuhan juga dapat dihasilkan oleh aktinobakteri laut. Salah satu jenis flavonoid yang dihasilkan oleh aktinobakteri yaitu *Citreamicin* yang memiliki aktivitas antibakteri, dihasilkan oleh *Streptomyces caelestis* asal perairan pesisir Laut Merah (Liu et al., 2012).

2. Fungi Laut

Fungi adalah mikroorganisme eukariotik yang dinding selnya disusun oleh senyawa kitin, merupakan organisme heterotrof yang berdasarkan ukurannya bisa dikategorikan sebagai fungi makroskopis dan fungi mikroskopis. Fungi tidak hanya ditemukan di daerah teresterial, tapi juga ditemukan di laut. Sama seperti bakteri dan aktinobakteri yang ditemukan di laut, fungi laut juga dilaporkan dapat menghasilkan senyawa metabolit sekunder dengan berbagai aktivitas biologis, seperti senyawa antimikroba, antioksidan, dan antikanker. Beberapa spesies fungi laut yang dilaporkan menghasilkan senyawa bioaktif dapat dilihat pada (Gambar 4.10).



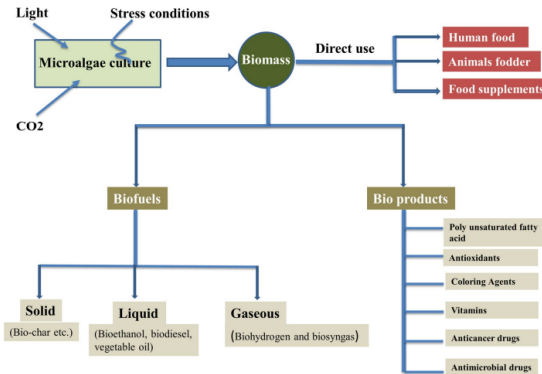
Gambar 18. Spesies fungi laut yang menghasilkan senyawa bioaktif

(Sumber: Pan et al., 2025)

Fungi laut yang menghasilkan senyawa bioaktif didominasi oleh genus *Penicillium* dan *Aspergillus*. Senyawa antimikroba yang dihasilkan fungi laut berupa senyawa poliketida, alkaloid, terpenoid, peptida, dan miscellaneous (Pan et al., 2025). *Penicillium* sp. ZZ901 menghasilkan senyawa Scleroderolide dengan aktivitas antibakteri (Li et al., 2018). *Aspergillus* sp. LS116 menghasilkan Aspergilsteroid yang memiliki aktivitas antibakteri (Xu et al., 2019). Senyawa poliketida baru yaitu Penirubenone A dihasilkan oleh *Penicillium rubens* BTBU20213035 asal laut yang memiliki aktivitas anticandida (Xu et al., 2024). *Aspergillus niger* laut menghasilkan senyawa Malformin C yang memiliki aktivitas anti-HIV-1 yang kuat (Ghoran et al., 2023).

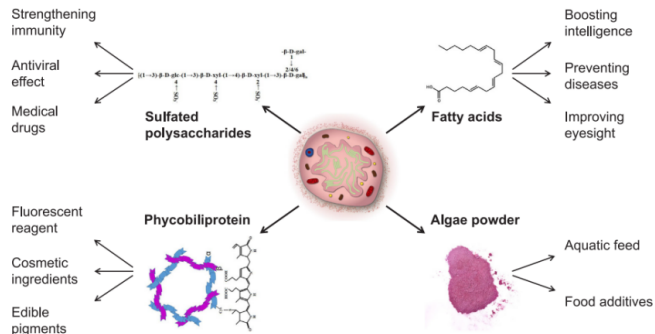
3. Mikroalga Laut

Mikroalga merupakan organisme fotosintetik yang hidup di berbagai habitat, termasuk di laut. Beberapa mikroalga termasuk ke dalam organisme prokariot dan sebagian lagi termasuk ke dalam eukariot. Mikroalga membutuhkan CO₂ untuk fotosintesis, sehingga mikroalga dapat mengubah CO₂ atmosfer menjadi karbohidrat, lipid, dan produk biologis lainnya. Biomassa mikroalga menjadi sumber biofuel dan senyawa bioaktif yang bermanfaat (Gambar 4.11).



Gambar 19. Peran mikroalga
(Sumber: Khan et al., 2018)

Mikroalga laut berperan penting dalam rantai makanan di laut, yaitu sebagai makanan bagi zooplankton, crustacea kecil dan beberapa kelompok kerang laut. Mikroalga laut juga berperan penting dalam siklus biogeokimia di laut seperti siklus karbon, nitrogen dan silikat. Beberapa spesies mikroalga laut seperti *Porphyridium* spp., *Dunaliella salina*, *Tetraselmis* spp., *Phaeodactylum tricornutum*, *Haematococcus pluvialis*, *Isochrysis galbana*, dan *Nannochloropsis* sp. dapat menghasilkan metabolit sekunder yang berperan sebagai senyawa bioaktif. Aplikasi senyawa bioaktif yang dihasilkan oleh mikroalga laut *Porphyridium* spp. dapat dilihat pada (Gambar 4.12).



Gambar 20. Aplikasi senyawa bioaktif yang dihasilkan oleh *Porphyridium* spp. laut
(Sumber: Li et al., 2019)

BAB 5

INDUSTRI HIJAU: MIKROORGANISME SEBAGAI SUMBER BIOENERGI DAN BIOPRODUK

Perkembangan sektor industri global saat ini menghadapi tantangan yang besar berkaitan dengan keberlanjutan lingkungan, ketergantungan bahan bakar fosil yang cepat surut, serta meningkatnya produksi limbah yang berpotensi mencemari lingkungan. Proses produksi industri dalam menghasilkan *output* memerlukan sumber daya alam yang kini terus berkurang dan mencapai batasnya (Noranarttakun & Pharino 2021). Selain itu, sektor industri menyumbangkan efek rumah kaca (*green house effect*) yang dipengaruhi oleh adanya globalisasi dan perubahan iklim ekstrem (Aryani Siregar et al., 2020).

Kegiatan industri konvensional selama ini berorientasi pada sistem produksi masif yang seringkali menyebabkan polusi, kerusakan ekosistem, dan menimbulkan risiko bagi kesehatan manusia. Hal tersebut membebani Bumi dengan memicu berbagai krisis ekologis, seperti pemanasan global (*global warming*), penurunan kualitas air dan tanah, hingga menurunnya keanekaragaman hayati (*biodiversity*). Konsep industri hijau atau *green industry* (GI) muncul sebagai pendekatan baru dalam pembangunan industri yang mengutamakan

keberlanjutan lingkungan, efisiensi sumber daya, pengurangan produksi limbah, dan kesejahteraan sosial melalui penggunaan energi dan bahan baku yang lebih efisien, praktik inovatif, dan penerapan teknologi hijau (Aryani Siregar et al., 2020; Nyangchak 2022).

Pengintegrasian pertumbuhan ekonomi dengan pelestarian lingkungan telah menjadi strategi krusial dalam industri hijau untuk mengatasi tantangan perubahan iklim dan krisis energi yang semakin mendesak, selaras dengan Tujuan Pembangunan Berkelanjutan atau The Sustainable Development Goals (SDGs) khususnya SDG 12 yang berupaya memastikan pola konsumsi dan produksi berkelanjutan.

Penilaian terbaru mengenai progres menuju SDGs telah mengidentifikasi hambatan-hambatan utama seperti dampak krisis iklim, lemahnya ekonomi global, dan dampak pandemi, yang mengancam upaya pencapaian SDGs bahkan hingga tahun 2050 (Diaz-Troya & Huertas, 2024). Di tengah kebutuhan dunia akan energi alternatif dan material terbarukan, mikroorganisme menawarkan peluang baru dan revolusioner. Mikroorganisme dikenal karena kemampuannya untuk bertahan hidup dan tumbuh di lingkungan ekstrem serta beradaptasi dengan cepat terhadap perubahan lingkungan (Akinsemolu 2023; Kochhar et al., 2022). Mikroba kini tidak lagi hanya dipandang sebagai organisme mikroskopis yang berperan dalam dekomposisi, namun telah bertransformasi menjadi pabrik biologis "*biofactory*" atau "*cell factory*" yang mampu menghasilkan bioproduk bernilai tinggi dan berkelanjutan melalui pengembangan kerangka kerja mikrobioteknologi industri.

Mikroorganisme seperti bakteri, khamir uniseluler, jamur berfilamen (kapang), atau mikroalga digunakan untuk menghasilkan berbagai bioproduk dalam skala industri. Bioproduk atau produk berbasis hayati merupakan produk bernilai komersial yang diperoleh dari konversi biomassa berkelanjutan di bidang *biorefinery* (Arshad et al., 2025). Bioproduk mikroba menunjukkan banyak keunggulan, seperti ramah lingkungan dan mudah terdegradasi, membutuhkan lebih sedikit lahan dan sumber air, berkontribusi dalam menurunkan dampak toksik lingkungan, dan mendukung perekonomian dunia sekaligus mengurangi beban pemanfaatan sumber daya tak terbarukan (Agathos 2011; Arshad et al., 2025), sehingga menjadikannya sebagai agen penting dalam transformasi industri menuju sistem produksi hijau yang lebih bersih dan berkelanjutan.

Mikroba menghasilkan sekitar 23.000 metabolit sekunder yang pernah diketahui, di mana sebanyak 42% berasal dari jamur dan 32% dari aktinomiset (bakteri berfilamen) (Chaudhary et al., 2024; Demain 2014), yang menggambarkan biodiversitas tinggi dan pemanfaatan mikroba potensial sebagai pabrik sel untuk menghasilkan bioproduk industri penting. Analisis terbaru tentang biodiversitas lingkungan menunjukkan bahwa 99% mikroba berada dalam bentuk konsorsium dan berpotensi diaplikasikan sebagai bahan fungsional di sektor pangan, produksi biofuel untuk bioenergi, bioplastik, bahan kimia hayati, biosurfaktan, biofarmasi, dan nutrasetikal (Arshad et al., 2025; Chaudhary et al., 2024) (Tabel 5.1).

Hal ini selaras dengan SDG 2 dalam produksi pangan, SDG 3 dalam upaya menciptakan kesehatan dan kesejahteraan, SDG 6 dalam meningkatkan kualitas air, SDG

7 yang berperan langsung dalam produksi energi bersih dan terjangkau, SDG 9 terkait industri-inovasi dan infrastruktur, SDG 12 yang mendukung konsumsi dan produksi yang bertanggung jawab dengan konsep *biodegradable*, SDG 13 dalam menurunkan emisi gas rumah kaca (GRK) dan mengubah sumber daya terbarukan menjadi bioenergi, serta SDG 14 & 15 sebagai komponen penting bagi kehidupan di bawah air dan di darat.

Tabel 3. Ringkasan bioproduk mikroba, mikroba penghasil, dan aplikasinya

Bioproduk	Mikroba	Aplikasi Industri	Referensi
Asam laktat	<i>Lactobacillus</i> , <i>Lactococcus</i>	Pangan dan polimer	(Arshad et al., 2025)
Asam sitrat	<i>Aspergillus niger</i> , <i>Brevibacterium</i>	Kosmetik, farmasi	(Behera et al., 2021)
Probiotik	<i>L. plantarum</i> , <i>Bifidobacterium longum</i>	Kesehatan dan imunitas	(Elazzazy et al., 2025)
Vitamin	<i>Bacillus subtilis</i> , <i>Candida famata</i>	Kesehatan	(Elazzazy et al., 2025; Hanna et al., 2022)
Polifenol	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> , <i>L. brevis</i>	Preservasi pangan, anti-hipersensitif	(Elazzazy et al., 2025; Rathod et al., 2023)
Antioksidan	<i>Thermus filiformis</i> , <i>S. aureus</i> , <i>A. oryzae</i>	Preservasi pangan	(Poljsak et al., 2021; Rani et al., 2021)
Bioetanol	<i>S. cerevisiae</i> , <i>Zymomonas mobilis</i>	Bahan bakar kendaraan	(Keasling et al., 2021)
Biodiesel	<i>B. alcalophilus</i> , <i>A. oryzae</i> , <i>Schizochytrium</i> sp.	Bahan bakar kendaraan, pembangkit energi	(Shi et al., 2011)
Biogas	<i>Clostridium thermocellum</i> , <i>Methanosarcina</i>	Sektor energi	(Wirth et al., 2012)

<i>barkeri</i>			
Polihidroksi alkanonat (PHA)	<i>Cuprivadus nector</i> , <i>B. subtilis</i>	Packaging, bahan adesif, paper coatings	(Pandey et al., 2022; Varghese et al., 2022)
Polihidroksi butirat (PHB)	<i>B. firmus</i> , <i>Candida krusei</i>	Biopolimer	(Varghese et al., 2022)
Asam polilaktat (PLA)	<i>L. pentosus</i> , <i>L. plantarum</i>	Poliester mudah terurai	(Varghese et al., 2022)
Antibiotik	<i>Streptomyces nodosus</i> , <i>Penicillium</i> sp.	Kesehatan	(Danquah et al., 2022)
Vaksin	<i>C. tetani</i> , <i>B. Calmette guerin</i>	Imunitas	(Larenas-Linnemann et al., 2020)
Bio-surfaktan	<i>B. subtilis</i> , <i>Burkholderi</i> sp.	Detergen, kertas	(Ambaye et al., 2021; Bjerck et al., 2021)

Sumber: Dimodifikasi dari Arshad et al., (2025)

Mikroba menghasilkan berbagai senyawa berharga seperti yang disebutkan pada Tabel 1 dengan memanfaatkan bahan baku terbarukan yang murah menggunakan cara yang ramah lingkungan dan ekonomis. Produksi bioproduk mikroba dilakukan dengan berbagai teknik seiring dengan perkembangan dan kemajuan ilmu pengetahuan dan teknologi, mencakup teknologi fermentasi dalam fermentor spesifik, teknik kultur sel, metode pemanfaatan substrat, rekayasa genetika mikroba (Deckers et al., 2020), pemrosesan hilir (*downstream processing*), rekayasa bioproses, dan berbagai teknik canggih lainnya.

Fermentasi adalah bioproses yang menggunakan mikroba untuk mengubah sumber karbon kompleks atau sederhana menjadi senyawa yang diinginkan. Fermentasi industri dilakukan menggunakan metode *Batch*, *Fed-batch*, *Continuous*, *Solid-state Fermentation* (SSF) dan *Submerged*

Fermentation (SmF) (Ansorena dan Astiasarán 2015; Arshad et al., 2025) dengan jenis fermentasi aerob, anaerob, asam laktat, dan alkohol. Pemrosesan hilir dengan metode kromatografi (afinitas, pertukaran ion), sentrifugasi, dan filtrasi (ultrafiltrasi, filtrasi membran) dilakukan untuk memurnikan produk bernilai tinggi (Arshad et al., 2025; Liu et al., 2010). Rekayasa genetika melibatkan modifikasi DNA (seperti teknologi DNA rekombinan, sistem CRISPR-Cas9, modifikasi jalur dan mesin metabolisme, biologi sintetik, rekayasa metabolisme, dan evolusi terarah) untuk memperbaiki, mengubah, atau meningkatkan fungsi tertentu dalam menciptakan mikroba yang menghasilkan bioproduk berkualitas tinggi. Tingkat keberhasilan perbaikan *strain* mikroba melalui modifikasi genetika bergantung pada hasil, efisiensi, pemurnian, *strain* toleran, *strain* resisten, dan produk yang diinginkan (Ari et al., 2024).

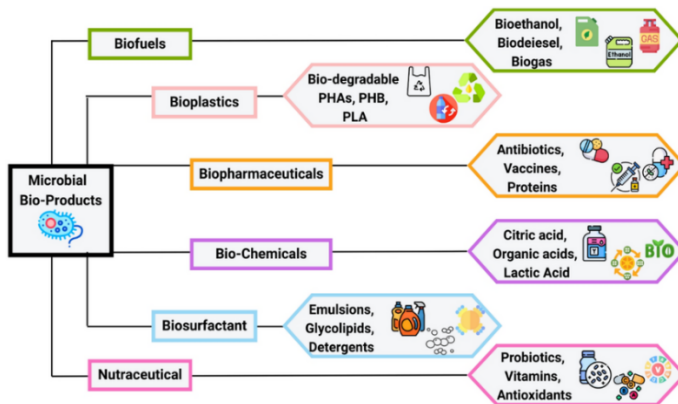
Penerapan mikroba sebagai pabrik biologis berkontribusi dalam menemukan solusi berkelanjutan untuk sebagian besar masalah kritis yang dihadapi planet Bumi, termasuk perubahan iklim, degradasi lingkungan, kesehatan, dan kebutuhan energi. Bioproduk industri seperti asam organik, probiotik, vitamin, antioksidan, bioplastik, dan biosurfaktan dikembangkan sebagai alternatif produk kimia sintetis yang sulit terurai di lingkungan.

Di sisi lain, bioenergi seperti bioetanol, biodiesel, biogas, dan biohidrogen dianggap sebagai bentuk energi masa depan dengan sifat terbarukan, rendah emisi, serta dapat diproduksi dengan memanfaatkan limbah pertanian yang menyediakan sumber energi alternatif sambil mengurangi produksi limbah. Keberadaan mikroba dalam

konsep industri hijau tidak hanya memberikan solusi seperti yang disebutkan sebelumnya, tetapi juga membuka jalan bagi bioekonomi sirkular yang menekankan valorisasi limbah menjadi sumber daya berharga, sehingga menambah manfaat ekonomi (Matassa et al., 2016; Vermelho et al., 2025). Pengetahuan tentang bioteknologi, mikrobiologi, kimia, genetika, genomika, dan bioteknologi industri memfasilitasi integrasi teknologi biokonversi, rekayasa genetika, dan *biorefinery* mikroba (Arshad et al., 2025) sebagai pusat inovasi masa depan untuk menghasilkan bioproduk yang memadai guna memenuhi permintaan gaya hidup yang lebih baik dan sehat sambil tetap mengikuti standar keberlanjutan.

1. Mikroba Sebagai Sumber Bioproduk

Mikroba menghasilkan berbagai senyawa bernilai melalui proses bioteknologi yang memiliki signifikansi komersial di berbagai bidang industri. Dibandingkan dengan metode kimia konvensional, bioproduk mikroba bersifat berkelanjutan, efisien sumber daya, dan ramah lingkungan karena sifatnya yang *biodegradable*. Berbagai bidang industri seperti farmasi, pertanian, pangan, dan ilmu lingkungan banyak menggunakan bioproduk mikroba (Gambar 5.1) yang membantu meningkatkan produktivitas dan mendukung solusi berkelanjutan (Raveendran et al., 2018).



Gambar 21. Kategori utama bioproduct mikroba
(Arshad et al., 2025)

2. Senyawa Kimia Hayati

Integrasi ilmu mikrobiologi dan bioteknologi mendukung eksplorasi jalur metabolisme mikroba untuk menghasilkan bahan kimia berbasis hayati melalui konversi biomassa dan rekayasa genetika (Cho et al., 2022). Senyawa kimia hayati ini contohnya adalah senyawa 1,3-propanadiol yang merupakan bahan kimia penting dalam industri kosmetik atau plastik. Bahan kimia komersial ini diproduksi oleh mikroba seperti *Clostridium pasteurianum*, *Klebsiella pneumoniae*, *Citrobacter freundii*, *Lactobacillus reuteri*, dan *Hafnia alvei*, yang menghasilkan variasi rendemen 1,3-propanadiol tergantung pada substratnya (Zhu et al., 2021).

Senyawa kimia penting selanjutnya adalah asam laktat. Asam laktat merupakan asam organik esensial dalam industri pangan dan polimer. Bakteri asam laktat (BAL) seperti *Lactobacillus* sp., *Lactococcus* sp., *Aerococcus* sp., dan *Vagococcus* sp. merupakan pabrik sel utama yang menghasilkan asam laktat (Abedi dan Hashemi 2020). Selain itu, asam sitrat memiliki aplikasi luas dalam industri

kosmetik dan farmasi yang sebagian besar diproduksi oleh kapang seperti *Aspergillus niger*, beberapa bakteri seperti *Brevibacterium* dan *Arthrobacter paraffinens* serta khamir seperti *Pichia* dan *Torula* juga digunakan untuk memproduksi asam sitrat (Behera et al., 2021).

3. Nutrasetikal

Nutrasetikal didefinisikan sebagai makanan (nutrisi) yang berasal dari bahan alami dengan manfaat kesehatan tambahan (farmasi) di luar nutrisi dasarnya (Puri et al., 2022). Nutrasetikal dari mikroba mengandung berbagai senyawa bermanfaat seperti probiotik, vitamin, polifenol, dan antioksidan. WHO dan FAO mendefinisikan probiotik sebagai mikroorganisme hidup yang jika diberikan dalam jumlah memadai dapat memberikan manfaat kesehatan bagi tubuh karena mendukung kesehatan usus dan memodulasi kekebalan tubuh. Probiotik berfungsi sebagai bahan tambahan pangan atau suplemen. Bakteri asam laktat seperti *Lactobacillus*, *Leuconostoc*, *Weissella*, *Lactococcus*, *Enterococcus*, *Streptococcus*, dan *Pediococcus*, dan genus lain seperti *Bacillus*, beberapa khamir seperti *Saccharomyces boulardii*, *S. cerevisiae*, dan *Candida* spp. dikualifikasikan sebagai probiotik (Jayashree et al., 2025). Mereka secara alami terdapat dalam makanan fermentasi seperti *sourdough*, *buttermilk*, kombucha, miso, kefir (Jayashree et al., 2025), yang secara langsung menawarkan alternatif pengganti produk susu fermentasi.

Beberapa jenis vitamin yang larut dalam air (vitamin B dan C) dan vitamin yang larut dalam lemak (vitamin E dan K) juga diproduksi oleh mikroba. Beberapa bakteri seperti *Bacillus subtilis*, *Lactobacillus lactis*, khamir *Candida famata*, *Ketogulonigenium vulgare*, dan *Saccharomyces cerevisiae*

hasil rekayasa genetika telah digunakan dalam memproduksi vitamin (Elazzazy et al., 2025). Polifenol merupakan senyawa bioaktif dengan manfaat kesehatan seperti antiinflamasi dan antioksidan. Polifenol diperoleh dari bakteri *Lactobacillus brevis*, khamir *S. cerevisiae*, kapang *A. niger*, dan jamur *Agaricus bisporus* (Elazzazy et al., 2025). Antioksidan adalah senyawa yang memiliki mode aksi meredam *reactive oxygen species* (ROS) yang dapat menyebabkan cekaman oksidatif (Aqlinia et al., 2025). Bakteri seperti *Thermus filiformis*, *S. aureus*, *Chromobacterium* sp., dan *L. fermentum* merupakan mikroba potensial penghasil senyawa antioksidan. Selain itu, jamur seperti *Pestalotiopsis microspore*, *Aspergillus oryzae*, *Lentinus tigrinus*, dan *Phaffia rhodozyma* serta khamir *S. cerevisiae* dieksplorasi dan dipelajari secara mendalam untuk produksi antioksidan (Rani et al., 2021).

4. Biofarmasi

Mikroba digunakan dalam industri farmasi untuk memproduksi antibiotik dan vaksin. Antibiotik sebagian besar diproduksi oleh aktinomiset genus *Streptomyces* seperti *Streptomyces nodosus* dan *Streptomyces fradiae*, bakteri *Bacillus brevis* dan *Pseudomonas aurantiaca*, serta kapang *Aspergillus terreus*, *Hormonema* spp. dan *Penicillium* sp. (Danquah et al., 2022). Vaksin memberikan perlindungan terhadap organisme penyebab penyakit dengan meningkatkan kekebalan tubuh. Pengembangan vaksin dilakukan melalui produksi oleh bakteri seperti *Clostridium tetani*, *Corynebacterium diphtheria*, *Bacillus anthracis*, dan *Bacillus Calmette-Guérin* (Arshad et al., 2025).

5. Biosurfaktan

Biosurfaktan telah digunakan dalam industri sebagai surfaktan komersial atau surfaktan ramah lingkungan yang disintesis menggunakan mikroba. Senyawa ini diproduksi oleh bakteri seperti *Pseudomonas aeruginosa* dan *Bacillus subtilis*. Surfaktan mikroba merupakan biomolekul amfipatik dengan beragam konstituen yang dihasilkan oleh berbagai jenis mikroba yang telah diteliti aktivitasnya dalam mengurangi tegangan permukaan, sehingga membantu pencampuran minyak dan air (Markande et al., 2021). Sifatnya yang unik menyebabkan biosurfaktan banyak diaplikasikan di berbagai bidang, termasuk lingkungan, kesehatan, pertanian, dan industri, misalnya bermanfaat dalam membersihkan tumpahan minyak dengan memecah polutan. Selain itu, biosurfaktan memiliki aplikasi dalam industri kosmetik dan pengolahan pangan karena keunggulan sifat alaminya (Karnwal et al., 2023).

Biosurfaktan berbasis glikolipid merupakan biosurfaktan yang paling umum digunakan, seperti rhamnolipid dan soforolipid (Drakontis & Amin 2020). Selain itu, biosurfaktan berbasis bioemulsifier dan lipopeptida juga memiliki signifikansi dalam aplikasi industri (Bjerk et al., 2021). Beberapa *strain Burkholderia*, *Candida*, *Pseudomonas*, dan *Bacillus* digunakan untuk mensintesis biosurfaktan melalui berbagai reaksi enzimatik dan teknologi fermentasi (Bjerk et al., 2021).

6. Bioplastik

Penggunaan dan pembuangan plastik berbasis minyak bumi telah menyebabkan dampak negatif terhadap lingkungan. Bioplastik hadir sebagai solusi yang berkelanjutan secara ekologis untuk mengatasi dampak

negatif plastik konvensional. Bioplastik disebut juga sebagai Plastik Hijau berdasarkan pembentukannya dari sumber daya terbarukan atau kemampuan akhirnya terurai menjadi karbon dioksida dan air (Varghese et al., 2022).

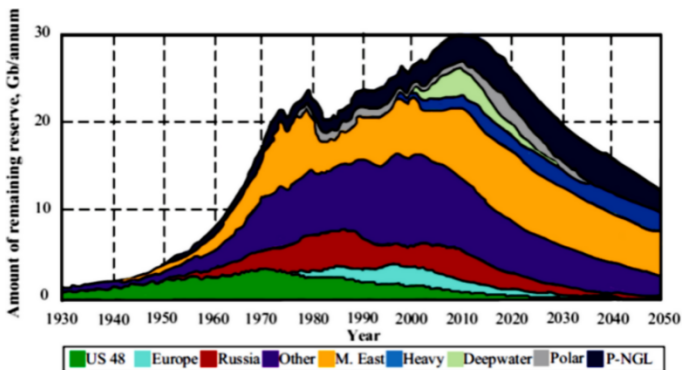
Produksi bioplastik mikroba seperti polihidroksi alkanoat (PHA), polihidroksi butirat (PHB), dan asam polilaktat (PLA) menggunakan bahan baku terbarukan serta limbah industri telah meningkat pesat dalam beberapa tahun terakhir, sehingga menawarkan alternatif plastik *biodegradable* dengan sifat yang sebanding dengan polietilen tereftalat (PET) yang tidak dapat terurai secara hayati (Sangtani et al., 2023). PHA terbentuk ketika bakteri menyimpan energi dalam bentuk polimer. Polimer kemudian dapat dipanen dan diolah menjadi produk plastik. Bioplastik ini menjawab kebutuhan akan pengelolaan limbah dan permintaan akan material berkelanjutan.

Berbagai jenis mikroba digunakan untuk produksi bioplastik. *Bacillus megaterium*, *Protomonas extorquens*, *Cupriavidus necator*, dan *Bacillus subtilis* berpotensi untuk produksi PHA (Samadhiya et al., 2022). Selain itu, *Bacillus firmus*, *Rhizobium leguminosarum*, *Azotobacter beijerinckii*, dan *Candida krusei* sangat penting untuk produksi PHB. *Lactobacillus pentosus* dan *L. plantarum* hasil rekayasa genetika digunakan dalam sintesis PLA (Varghese et al., 2022). Meskipun beragam mikroba lainnya seperti *Alcaligenes latus*, *Burkholderia sacchari*, spesies *Micrococcus*, *Pseudomonas* sp., *Klebsiella* sp., *Enterobacter* sp., *Escherichia* sp., *Protomonas* sp., *Halomonas* sp., *Saccharomyces* sp., *Kluyveromyces* sp., dan *Ralstonia* sp. juga diketahui dapat menghasilkan bioplastik, produksi bioplastik skala industri masih menemui tantangan.

7. Mikroba Sebagai Sumber Bioenergi

Keterbatasan jumlah sumber daya energi bahan bakar fosil konvensional seperti batu bara, gas alam, dan minyak bumi sebagai satu-satunya sumber energi, pada akhirnya akan habis di tingkat produksi global saat ini, dengan perkiraan waktu tambahan antara simpanan dan produksi energi masing-masing sekitar 139, 48.8, dan 53.5 tahun (Vivoda et al., 2023).

Produksi bahan bakar fosil dari waktu ke waktu mengikuti kurva Hubbert (Gambar 5.2), yang secara bertahap meningkat hingga mencapai puncaknya dan kemudian menurun seiring dengan menurunnya simpanan energi yang menandai berakhirnya simpanan energi tersebut (El-Araby 2024). Teori Hubbert menyatakan bahwa produksi awalnya meningkat secara eksponensial, lalu akan mencapai puncaknya ketika berada sekitar setengah dari sumber daya telah diekstraksi, dan kemudian secara bertahap menurun seiring dengan semakin sulit dan mahal nya sumber daya untuk diekstraksi.



Gambar 22. Kurba Hubbert yang menunjukkan simpanan bahan bakar fosil

(Sumber : El-Araby, 2024; Laherrere, 2002)

Bahan bakar fosil konvensional sebagai satu-satunya sumber energi saat ini menunjukkan peningkatan dampak negatif yang signifikan terhadap lingkungan di samping kekhawatiran tentang isu keberlanjutan dan ekonomi. Pembakaran minyak mentah menyebabkan peningkatan jumlah emisi gas rumah kaca (GRK) yang berbahaya di atmosfer yang menambah polusi udara (Zabermawi et al., 2022). Kekhawatiran terhadap lingkungan dan kenaikan harga minyak mentah telah memicu banyak penelitian yang mengkaji sumber energi alternatif. Teknologi bioenergi yang mencakup penggunaan biomassa oleh mikroorganisme untuk menghasilkan biofuel merupakan salah satu solusinya.

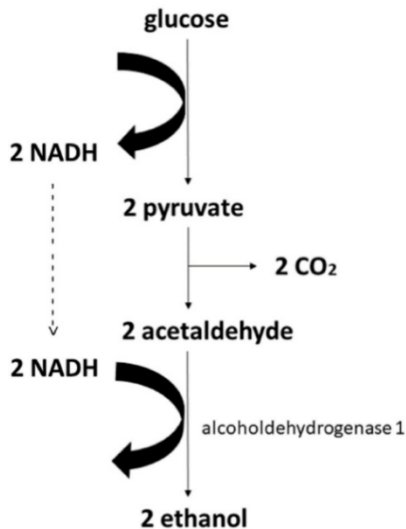
Biofuel adalah suatu bentuk bahan bakar yang memperoleh energinya dari fiksasi karbon dioksida (CO_2) secara biologis, sehingga disebut juga sebagai bahan bakar hijau (bahan bakar biologis) yang bersifat *biodegradable* dan ramah lingkungan (Basso et al., 2008; Zabermawi et al., 2022). Banyak riset-riset terkini yang difokuskan untuk mempertimbangkan penggunaan mikroba sebagai pabrik sel biofuel. Mikroba memproduksi berbagai jenis biofuel berbentuk padat, cair, atau gas (seperti bioalkohol, biodiesel, biogas, dan biohidrogen) dari beragam bahan baku mentah, seperti karbohidrat, tanaman penghasil minyak, limbah pertanian dan hewan, serta biomassa lignoselulosa. Pada dasarnya, mikroba mengubah glukosa menjadi energi atau menghasilkan energi dalam proses pemecahan senyawa kompleks menjadi karbon, sehingga memiliki tujuan ganda yaitu membersihkan lingkungan dari polutan dan senyawa toksik sekaligus menghasilkan energi (Akinsemolu, 2023).

8. Bioalkohol

Bensin konvensional merupakan campuran hidrokarbon yang berkontribusi dalam menyumbang emisi gas rumah kaca ketika melalui proses pembakaran, sekaligus membebani sumber daya tak terbarukan karena merupakan bahan bakar fosil. Bioalkohol seperti bioetanol dan biobutanol diproduksi dalam skala besar untuk menggantikan bensin berbahan bakar fosil untuk digunakan dalam transportasi kendaraan. Penggunaan campuran etanol-bensin merupakan pilihan yang baik dengan prospek pembangunan berkelanjutan (Keasling et al., 2021).

Bioetanol adalah biofuel generasi pertama yang diproduksi melalui proses fermentasi melibatkan beragam substrat seperti tebu, jagung, kentang, beras, limbah pertanian, enzim untuk memecah biomassa lignoselulosa secara efisien, dan mikroba untuk produksi etanol (Al-Rumaihi et al., 2022). Mikroba mencakup khamir seperti *Saccharomyces cerevisiae*, *Candida shehatae*, *Pichia stipites*, *Zygosaccharomyces*, bakteri seperti *Thermoanaerobacterium saccharolyticum*, *Zymomonas mobilis*, dan *Escherichia coli* digunakan untuk sintesis bioetanol dengan variabilitas terkait kemampuan penggunaan komposisi substrat, kebutuhan air, kemampuan untuk memfermentasi berbagai jenis gula, jalur glikolisis, atau tahapan fermentasi (Behera et al., 2021).

Bioetanol disintesis melalui beberapa jalur metabolisme mikroba. Khamir menghasilkan etanol melalui dekarboksilasi langsung piruvat yang terbentuk melalui oksidasi biomassa (Gambar 5.3) (van Aalst et al., 2022).

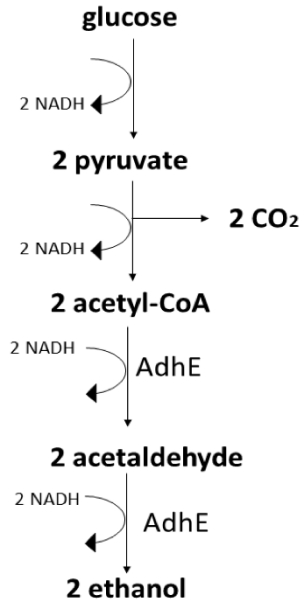


Gambar 23. Jalur biosintesis etanol dari glukosa dalam sistem khamirS

(Sumber: Talapko et al., 2022)

Bakteri (*E. coli*) pada saat yang sama mengaktifkan gugus asil selama dekarboksilasi piruvat dengan koenzim A dan mengubahnya menjadi etanol (reduksi) (Gambar 5.4) (Lin et al., 2018). Biobutanol dapat diproduksi secara komersial melalui jalur metabolisme yang serupa menggunakan biomassa gula-pati (Liu et al., 2021). Selain itu, biobutanol dapat disintesis dari polisakarida, fermentasi aseton-butanol (proses anaerobik), aseton, CO₂, dan hidrogen menggunakan bakteri *Clostridium acetobutylicum* (Kolesinska et al., 2019). Biobutanol memiliki keunggulan yaitu dapat digunakan langsung atau

dicampur dengan bensin tanpa memerlukan modifikasi mesin apa pun.



Gambar 24. Jalur biosintesis etanol dari glukosa dalam sistem bakteri

(Sumber : Talapko et al., 2022)

Berdasarkan kedua jalur metabolisme tersebut, produksi bioalkohol melalui jalur dekarboksilasi langsung pada sistem khamir (*S. cerevisiae*) lebih efisien daripada jalur metabolisme pada sistem bakteri (*E. coli*). Selain bahan baku tradisional, bioetanol juga dapat diproduksi melalui fermentasi karbon monoksida menggunakan bakteri khusus. Proses ini dikenal sebagai fermentasi gas yang memanfaatkan bakteri anaerob seperti *Clostridium autoethanogenum* untuk mengubah karbon monoksida menjadi etanol (El-Araby 2024). Pendekatan ini

menawarkan potensi untuk memproduksi bioetanol dari gas buangan industri, sehingga mengurangi emisi karbon dan menyediakan opsi jalur tambahan untuk produksi bahan bakar berkelanjutan.

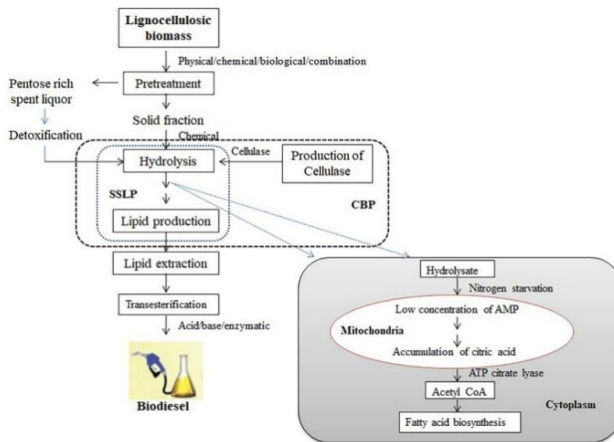
9. Biodiesel

Biodiesel merupakan bahan bakar alternatif pertama yang digunakan pada mesin diesel untuk menggantikan solar. Biodiesel konvensional adalah bahan bakar penting lainnya yang digunakan di sektor transportasi yang diproduksi dari minyak dan lemak (lipid) melalui proses transesterifikasi dengan komposisi sangat mirip dengan bahan bakar diesel mineral (Knothe & Razon 2017). Teknologi pemrosesan kini dikembangkan untuk meningkatkan produktivitas produksi biodiesel dan mengembangkan alternatif berbagai bahan baku sebagai pengganti tanaman melalui fermentasi mikroba *oleaginous* (Shi et al., 2011).

Mikroba ini dapat menyimpan sejumlah besar lipid atau triasilgliserida di dalam selnya, contohnya bakteri *Bacillus alcalophilus*, *Rhodococcus opacus*, *Acinetobacter calcoaceticus*, *Streptomyces*, jamur *Humicola lanuginosa*, *Aspergillus oryzae*, mikroalga *Botryococcus braunii*, *Neochloris oleoabundans* dan *Schizochytrium* sp. sebagai bahan baku biofuel generasi ketiga (Shi et al., 2011).

Mikroba *oleaginous* memiliki kapasitas untuk memproduksi asetil-KoA dan *nicotinamide adenine dinucleotide phosphate* (NADPH) yang diperlukan untuk sintesis lipid dengan keterlibatan mitokondria dan sitoplasma. Biosintesis lipid dari lignoselulosa dapat dilakukan melalui hidrolisis dan produksi lipid terpisah (*separate hydrolysis and lipid production* atau SHLP) dua

langkah: 1) sakarifikasi dan produksi lipid simultan (*simultaneous saccharification and lipid production* atau SSLP) di mana sakarifikasi dan produksi lipid berlangsung secara bersamaan dalam reaktor; dan 2) bioproses terkonsolidasi (*consolidated bioprocessing* atau CBP) di mana produksi selulase, hidrolisis, dan produksi lipid berlangsung dalam satu langkah (Gambar 5.5).



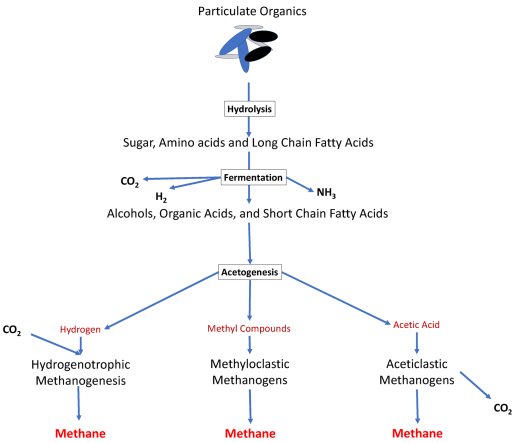
Gambar 25. Jalur biosintesis lipid dari biomassa lignoselulosa dalam sistem mikroba oleaginous untuk menghasilkan biodiesel

(Sumber : Chintagunta et al., 2021)

10. Biogas

Biogas merupakan alternatif yang digunakan untuk menghasilkan energi rendah emisi dan berkontribusi dalam mengurangi gas rumah kaca. Biogas merupakan campuran CH_4 (metana), CO_2 (karbon dioksida), dan H_2 (hidrogen) yang dihasilkan melalui digesti anaerobik tanpa oksigen

atau fermentasi biomassa (Mirmohamadsadeghi et al., 2021), yang melibatkan empat langkah penting yaitu hidrolisis, asidogenesis, asetogenesis, dan metanogenesis (Arshad et al., 2025). Biogas dihasilkan melalui dua metode yaitu produksi gas mudah terbakar melalui pembakaran tidak sempurna dan pirolisis biomassa, dan produksi biogas oleh bakteri anaerob. Bakteri yang terlibat dalam produksi biogas termasuk dalam kelas *Clostridia* dan *Bacilli*. Selain itu, bakteri dari domain Archaea berperan penting dalam menghasilkan biogas ramah lingkungan, seperti *C. thermocellum*, *Enterococcus faecalis*, *C. perfringens*, *Streptococcus pneumoniae*, *Morella thermoacetica*, *Methanosarcina barkeri*, *Methanoregulla boonei* (Mirmohamadsadeghi et al., 2021), *Methanosaeta*, *Methanoculleus* (Sudiarta et al., 2023).

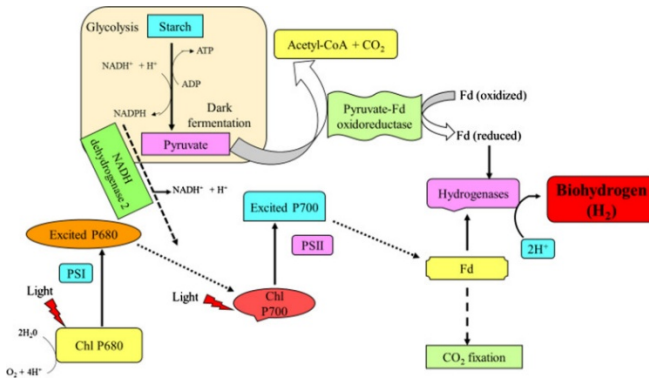


Gambar 26. Keseluruhan jalur metabolisme dalam digesti anaerobik oleh mikroba
(Hashemi et al., 2021)

Mikroba memiliki enzim yang berkaitan dengan digesti anaerobik, seperti protease, asetat kinase (AK), dan koenzim F₄₂₀ yang masing-masing bertanggung jawab atas hidrolisis, asidogenesis, asetogenesis, dan metanogenesis untuk mengonversi bahan baku organik menjadi metana dan karbon dioksida (biogas) (Gambar 26).

11. Biohidrogen

Biohidrogen merupakan pengganti bahan bakar fosil dan menjadi faktor penting dalam memecahkan masalah energi global (Talapko et al., 2022). Hasil pembakaran biogas dengan oksigen menghasilkan air, bukan CO dan CO₂ yang biasanya berkontribusi sebagai gas rumah kaca (Osman et al., 2022). Saat ini, metode yang paling umum untuk menghasilkan biohidrogen dari biomassa adalah proses termokimia, biologis, dan elektrolisis. Secara biologis, biohidrogen disintesis dari berbagai jenis biomassa seperti limbah biologis. Selain itu, biohidrogen juga dapat dihasilkan oleh mikroorganisme hidup yang mengubah hidrogen menjadi energi kimia melalui fotolisis atau fermentasi (El-Araby 2024). Mikroba seperti alga hijau biru, beberapa mikroba fermentasi, dan bakteri fotosintetik non-sulfur ungu juga telah digunakan dalam produksi biohidrogen (Rollin et al., 2015). Bakteri *Geobacter sulfurreducens* dan *Shewanella oneidensis* dapat menggunakan mekanisme transfer elektron spesifik dari permukaan luar membran ke permukaan yang terlihat (Gambar 5.7) (Talapko et al., 2022).



Gambar 27. Produksi biohidrogen oleh mikroba

(Sumber: Ramamurthy et al., 2021)

Ket: Chl-*chlorophyll*; PSI-*Photosystem I*; PSII-*Photosystem II*; Fd-*ferridoxin*; ATP-*adenosine triphosphate*; ADP-*adenosine diphosphate*; NADH- *reduced form of nicotinamide adenine dinucleotide*; NADH⁺-*oxidized nicotinamide adenine dinucleotide*

BAB 6

MIKROORGANISME

LINGKUNGAN DAN

PENGELOLAAN LIMBAH

Pertumbuhan penduduk, industrialisasi, dan urbanisasi telah meningkatkan jumlah serta kompleksitas limbah yang dihasilkan oleh aktivitas manusia. Limbah yang tidak dikelola dengan baik dapat mencemari tanah, air, dan udara, serta berdampak langsung pada kesehatan manusia dan kelestarian ekosistem. Dalam konteks ini, mikroorganisme lingkungan memiliki peran strategis sebagai agen biologis yang mampu mendekomposisi bahan organik, mentransformasi senyawa berbahaya, dan memulihkan lingkungan yang tercemar.

Mikroorganisme telah lama dikenal sebagai komponen penting dalam siklus biogeokimia di alam. Kemampuan metabolik yang beragam memungkinkan mikroorganisme memanfaatkan berbagai jenis substrat, termasuk limbah organik dan anorganik, sebagai sumber energi dan nutrisi. Oleh karena itu, pemanfaatan mikroorganisme dalam pengelolaan limbah menjadi dasar pengembangan teknologi ramah lingkungan yang berkelanjutan. Mikroorganisme memecah limbah serta menjadi sumber daya yang berguna (Jatoi et al., 2025).

Pemahaman mengenai pengelolaan limbah berbasis mikroorganisme tidak dapat dilepaskan dari pengetahuan mendasar tentang karakteristik, keanekaragaman, dan

peran mikroorganisme di lingkungan alami. Oleh karena itu, sebelum membahas lebih lanjut penerapan mikroorganisme dalam pengolahan dan pengendalian limbah, perlu dikaji terlebih dahulu konsep mikroorganisme lingkungan, meliputi pengertian, jenis, serta fungsinya dalam menjaga keseimbangan ekosistem. Pembahasan ini menjadi landasan penting untuk memahami bagaimana mikroorganisme dapat dimanfaatkan secara optimal sebagai agen biologis dalam pengelolaan limbah yang berkelanjutan.

1. Mikroorganisme Lingkungan

a. Pengertian dan Karakteristik

Mikroorganisme lingkungan adalah mikroba yang hidup di habitat alami seperti tanah, air tawar, laut, dan udara, serta berinteraksi langsung dengan komponen biotik dan abiotik ekosistem. Mikroorganisme ini memiliki ukuran mikroskopis, laju reproduksi cepat, dan kemampuan adaptasi tinggi terhadap perubahan lingkungan ekstrem, seperti variasi pH, suhu, dan ketersediaan nutrisi (Madigan et al., 2015). Cabang ilmu yang mempelajari organisme ini disebut mikrobiologi lingkungan, yang menelaah hubungan antara mikroorganisme dan lingkungan fisik serta peran mereka dalam proses ekologi, termasuk siklus biogeokimia, degradasi bahan organik, dan pemulihan lingkungan yang tercemar (Kasmawati & Nasution 2024). Studi mikrobiologi lingkungan menekankan bahwa mikroba tidak hanya berkontribusi terhadap dekomposisi dan *recycling* materi, tetapi juga berinteraksi secara kompleks dengan lingkungan melalui mekanisme adaptif terhadap variabel fisik dan kimia seperti suhu, pH, dan nutrisi yang tersedia,

serta faktor biologis seperti kompetisi dan simbiosis antarspesies di komunitas mikroba (Wu et al., 2024).

Penelitian terbaru menunjukkan bahwa komunitas mikroba di lingkungan alami memiliki keanekaragaman yang tinggi dengan variasi metabolik yang luas, yang memungkinkan mikroba berfungsi tidak hanya sebagai agen dekomposisi material organik, tetapi juga sebagai indikator kesehatan ekosistem dan agen pengubah kondisi lingkungan melalui aktivitas biologisnya (Kasmawati & Nasution 2024).

Analisis komunitas bakteri di zona rizosfer tanah yang terkontaminasi menunjukkan bahwa respons komunitas mikroba terhadap polutan berbeda-beda tergantung tingkat pencemaran, dengan mekanisme metabolik yang beragam terlibat dalam adaptasi terhadap kondisi stres lingkungan serta degradasi senyawa berbahaya (Zhang et al., 2025). Hal ini sejalan dengan temuan bahwa keberagaman komunitas mikroba tanah mendukung multifungsi ekosistem, termasuk siklus nutrisi, pembentukan struktur tanah, dan ketahanan terhadap gangguan polutan, sehingga menjadikan komunitas mikroba sebagai indikator kunci kesehatan tanah dan kualitas lingkungan (Delgado-Baquerizo et al., 2016; Wang et al., 2024).

Faktor yang Memengaruhi Kehidupan Mikroba di Lingkungan (A'yun et al., 2022):

1) Temperatur

Suhu lingkungan menentukan aktivitas biokimia dan pertumbuhan mikroba, dengan kisaran suhu minimum, optimum, dan maksimum. Berdasarkan suhu tumbuhnya, mikroba dikelompokkan menjadi psikrofil, mesofil, termofil, dan hipertermofil.

2) Kelembapan (Kadar Air)

Mikroba umumnya memerlukan kadar air yang tinggi karena sebagian besar komponen selnya tersusun atas air. Kelembapan memengaruhi kemampuan mikroba untuk hidup dan berkembang biak.

3) Cahaya

Intensitas dan lama paparan cahaya memengaruhi ketahanan mikroba. Mikroba fotosintetik memerlukan cahaya untuk fotosintesis, sedangkan sinar ultraviolet dapat merusak sel mikroba dan dimanfaatkan dalam proses sterilisasi.

4) Tekanan Hidrostatik

Tekanan memengaruhi kehidupan mikroba di lingkungan perairan, terutama di laut dalam. Mikroba yang mampu hidup pada tekanan tinggi dikenal sebagai mikroba barofilik.

5) Kekeruhan

Tingkat kekeruhan air memengaruhi jumlah dan aktivitas mikroba karena zat tersuspensi dapat menjadi sumber nutrisi dan memengaruhi kadar oksigen terlarut.

6) pH Lingkungan

Mikroba umumnya tumbuh pada pH 4–9, namun beberapa mikroba ekstrem mampu hidup pada pH sangat rendah atau tinggi. Aktivitas metabolisme mikroba juga dapat mengubah pH lingkungan.

7) Salinitas (Kadar Garam)

Konsentrasi garam memengaruhi jenis mikroba yang dapat hidup, seperti mikroba halofilik di laut dan mikroba air tawar yang hidup pada kadar garam rendah.

8) Oksigen

Berdasarkan kebutuhan oksigen, mikroba dibedakan menjadi aerob obligat, mikroaerofilik, aerob/anaerob fakultatif, dan anaerob obligat.

9) Nutrisi

Ketersediaan dan jenis nutrisi menentukan dominasi kelompok mikroba tertentu serta memengaruhi laju pertumbuhan mikroba. Kelebihan nutrisi dapat menyebabkan ledakan populasi mikroba seperti blooming fitoplankton. Keberadaan dan aktivitas mikroba di lingkungan tanah mencerminkan interaksi kompleks antara faktor lingkungan dan kemampuan adaptif mikroorganisme.

b. Jenis-Jenis Mikroorganisme Lingkungan

- 1) Bakteri**, berperan dalam dekomposisi bahan organik dan transformasi senyawa anorganik. Beberapa spesies bakteri yang termasuk dalam genus *Flavobacterium*, *Arthrobacter*, *Azotobacter*, *Burkholderia*, dan *Pseudomonas* mampu mendegradasi pestisida. Berbagai genus bakteri dapat mendetoksifikasi logam berat, dan merupakan mikroorganisme yang paling cocok untuk menghilangkan logam berat dari berbagai media karena ukurannya yang kecil, laju pertumbuhan yang cepat, dan kemudahan budidayanya. Mekanisme utama bakteri ini dalam menghilangkan logam berat adalah adsorpsi pada permukaan selnya. Gugus karboksil, amino, fosforil, dan sulfo yang bermuatan negatif pada dinding sel bakteri berfungsi sebagai penampung logam dan tempat pertukaran ion melalui gen resistensi logam berat dalam

genom dan plasmidnya. Berbagai bakteri endofit dan bakteri rizobakteri pemacu pertumbuhan tanaman (PGPR) seperti *Arthrobacter*, *Alcaligenes*, *Acinetobacter*, *Actinobacteria*, *Beijerinckia*, *Bacillins*, *Flavobacterium*, *Mycobacterium*, *Methylosinus*, *Mycococcus*, *Nocardia*, *Nitrosomonas*, *Xanthobacter*, *Pseudomonas*, *Phanerochaete*, *Penicillium*, *Rhizoctonia*, *Amycolatopsis*, *Corynebacterium*, *Rhodococcus*, dan *Streptomyces* berperan dalam bioremediasi logam.

2) Jamur, khususnya kapang dan khamir, berperan penting dalam degradasi lignin dan selulosa dengan enzimnya yang memiliki spesifisitas substrat rendah. Enzim ekstraseluler dan intraseluler seperti lakase, oksidase dan peroksidase digunakan untuk mendegradasi berbagai polutan anorganik dan organik kompleks. Berbagai jenis jamur seperti *Agrocybe semiorbicularis*, *Auricularia auricula*, *Coriolus versicolor*, *Dichomitus squalens*, *Flammulina velupites*, *Hypholoma fasciculare*, *Pleurotus ostreatus*, *Stereum hirsutum*, dan *Avatha discolour*, mampu mendegradasi kelompok pestisida seperti fenilamida, triazin, fenilurea, dikarboksimida, senyawa terklorinasi dan organofosfor dan juga berbagai macam pestisida organofosfor, organoklorin, karbamat dan pestisida piretroid seperti endosulfan, DDT, lindane, dieldrin dan aldri, atrazin. Berbagai genus jamur seperti *Aspergillus*, *Penicillium*, *Cephalosporium*, *Rhizopus*, *Allescheriella*, *Pleurotus*, *Phlebia*, dan *Stachybotrys* memiliki aktivitas bioremediasi logam berat.

3) Mikroalga, efektivitas detoksifikasi pestisida oleh mikroalga dipengaruhi oleh jenis mikroalga dan struktur pestisida. Beberapa mikroalga seperti *Chlorella*, *Chlamydomonas*, *Nannochloris*, dan *Scenedesmus* mampu mendegradasi berbagai pestisida seperti α -endosulfan, atrazin, bifentrin, klorpirifos, diazinon, dimetomorf, lindan, malation, prometrin, dan triklorfon melalui mekanisme bioremediasi berupa bioakumulasi, biosorpsi, dan biodegradasi. Proses ini melibatkan penyerapan pestisida ke dalam sel dan pengikatan pada dinding serta membran sel. Efisiensi proses tersebut dipengaruhi oleh faktor fisik dan kimia seperti pH, suhu, salinitas, nutrien, serta cahaya. Berbagai mikroalga, seperti *Spirogyra*, *Scenedesmus*, dan *Chlorella*, mampu menghilangkan logam berat dari air limbah. Efektivitas bioremediasi logam oleh alga dipengaruhi oleh faktor lingkungan seperti pH, jenis dan konsentrasi logam, serta suhu.

4) Arkea, umumnya ditemukan pada lingkungan ekstrem dan memiliki kemampuan adaptasi metabolik tinggi dan berkontribusi pada siklus biogeokimia, termasuk komponen yang berkaitan dengan metanogenesis atau terkait metana di lingkungan akuatik, berkontribusi pada siklus karbon dan dinamika metana di berbagai habitat (Sheikh et al., 2025).

c. Peran Mikroorganisme dalam Ekosistem

Kajian mikrobiologi lingkungan modern menunjukkan bahwa mikroba tersebar luas di berbagai habitat, termasuk tanah, perairan tawar, ekosistem laut, atmosfer, serta lingkungan tercemar seperti limbah industri

dan domestik. Berikut peran mikroorganisme dalam ekosistem:

1) Penggerak Siklus Biogeokimia dan Pendukung Produktivitas Primer

Mikroorganisme berperan sebagai pengendali utama siklus biogeokimia, termasuk siklus karbon, nitrogen, fosfor, dan sulfur, melalui proses dekomposisi, fiksasi nitrogen, nitrifikasi, denitrifikasi, dan mineralisasi yang menjaga ketersediaan nutrisi dalam ekosistem. Mikroorganisme fotosintetik seperti alga dan sianobakteri berfungsi sebagai produsen primer, khususnya di ekosistem perairan, serta berkontribusi signifikan dalam penyerapan karbon dan pembentukan dasar rantai makanan (Sardi 2025).

2) Dekomposer Bahan Organik

Mikroba menguraikan sisa organisme hidup dan limbah organik menjadi senyawa sederhana (A'yun et al., 2022).

3) Agen Bioremediasi Lingkungan

Mikroorganisme mampu mendegradasi, mentransformasi, atau mengikat polutan seperti logam berat, pestisida, dan hidrokarbon, sehingga berperan penting dalam pemulihan lingkungan tercemar melalui pendekatan biologis yang ramah lingkungan (Chakraborty et al., 2025)

4) Penjaga Kesehatan dan Kesuburan Tanah

Mikroba tanah meningkatkan pembentukan agregat tanah, ketersediaan unsur hara, serta kandungan bahan organik, yang mendukung pertumbuhan tanaman dan ketahanan tanah terhadap degradasi dan pencemaran (Wang et al., 2024).

5) Pengatur Kualitas Air dan Ekosistem Perairan

Mikroorganisme mengendalikan kualitas perairan melalui biodegradasi bahan organik, pengaturan nutrisi, dan keseimbangan oksigen terlarut, baik di ekosistem alami maupun sistem pengolahan air limbah biologis (IPAL) (Wang et al., 2022).

6) Pendukung Ketahanan dan Stabilitas Ekosistem

Keanekaragaman dan interaksi komunitas mikroba meningkatkan resistensi dan resiliensi ekosistem terhadap gangguan lingkungan seperti pencemaran, perubahan iklim, dan perubahan penggunaan lahan (Cavicchioli et al., 2019; Tesema 2025).

7) Pendukung Restorasi dan Reklamasi Lingkungan

Jamur akuatik, mikroalga, bakteri, dan protista membentuk jaringan multisimbiosis yang mampu mendegradasi polimer dan mempercepat sirkulasi bahan organik. Interaksi ini mendukung stabilitas dan produktivitas ekosistem, sehingga berperan penting dalam restorasi dan reklamasi lingkungan melalui pemulihan kualitas perairan, peningkatan daur ulang nutrisi, dan percepatan pemulihan ekosistem yang terdegradasi (Liu & Hang 2025).

8) Dasar Pengembangan Teknologi Lingkungan Berkelanjutan

Pemanfaatan mikroorganisme menjadi dasar pengembangan teknologi ramah lingkungan, seperti pengolahan limbah biologis, biofertilizer, biogas, dan bioteknologi lingkungan yang mendukung pembangunan berkelanjutan (Kitessa et al., 2022).

2. Limbah dan Dampaknya Terhadap Lingkungan

a. Pengertian Limbah

Limbah didefinisikan sebagai bahan atau materi yang dihasilkan dari aktivitas manusia maupun proses industrial yang tidak lagi digunakan, dibuang, atau tidak memiliki nilai guna, dan berpotensi menimbulkan dampak lingkungan negatif jika tidak dikelola dengan tepat. Limbah merupakan konsekuensi dari produktivitas dan konsumsi yang tinggi dalam masyarakat modern, sehingga membutuhkan strategi manajemen yang efektif untuk menjaga kualitas lingkungan dan kesehatan masyarakat (Hariyani et al., 2025).

b. Jenis-Jenis Limbah

Limbah diklasifikasikan berdasarkan beberapa kriteria utama:

1) Berdasarkan Bentuk Fisik

- Limbah padat: Material yang berbentuk padatan seperti sampah rumah tangga, plastik, kertas, logam, dan puing konstruksi.
- Limbah cair: Bahan buangan berbentuk cair, termasuk air limbah domestik dan limbah industri.
- Limbah gas: Emisi gas dari pembakaran atau proses industri.

Klasifikasi ini penting untuk menentukan opsi penanganan limbah yang sesuai dengan karakteristik fisiknya (umum dalam literatur manajemen limbah).

2) Berdasarkan Tingkat Bahaya

- Limbah berbahaya (*hazardous waste*): Limbah yang bersifat toxic, mudah bereaksi, korosif, atau

berbahaya bagi manusia dan lingkungan contohnya baterai, cat, dan limbah kimia. Jenis limbah berbahaya perlu dikelola dengan prosedur khusus untuk mencegah dampak lingkungan dan kesehatan yang serius.

- Limbah tidak berbahaya: Limbah yang tidak mengandung komponen berbahaya seperti kertas, kardus, dan sebagian besar limbah domestik biasa.

3) Berdasarkan Asal atau Sumber

- Limbah domestik: Dihasilkan dari kegiatan rumah tangga atau komunitas.
- Limbah industri: Produk buangan dari aktivitas pabrik atau manufaktur.
- Limbah pertanian: Termasuk sisa tanaman, pupuk, dan pestisida dari kegiatan pertanian.

Klasifikasi menurut asal ini sangat membantu dalam merancang sistem pengumpulan dan pengolahan limbah yang efektif.



Gambar 28. Klasifikasi limbah berdasarkan sumbernya. Aktivitas yang berbeda menghasilkan jenis limbah yang berbeda

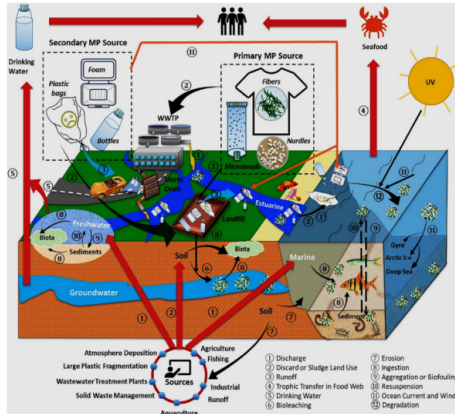
4) Jenis Spesifik

- Limbah elektronik (e-waste): Barang elektronik yang sudah tidak terpakai yang mengandung bahan berbahaya sekaligus logam bernilai tinggi.
 - Limbah medis: Sisa yang dihasilkan oleh fasilitas kesehatan yang berpotensi mengandung agen biologis berbahaya.
- Jenis limbah spesifik ini memerlukan prosedur pengelolaan terpisah karena risiko kontaminasi atau bahaya fisiknya yang tinggi.

c. Dampak Limbah Terhadap Lingkungan

1) Kerusakan Habitat dan Penurunan Keanekaragaman Hayati

Limbah, terutama plastik dan limbah berbahaya, merusak habitat alami dan menurunkan keanekaragaman hayati. Akumulasi plastik mengganggu fungsi ekosistem, membahayakan organisme melalui jeratan fisik, ingestasi, serta degradasi habitat, dan pembentukan mikroplastik memperparah tekanan ekologis pada berbagai tingkat trofik. Limbah berbahaya yang mengandung logam berat dan senyawa toksik juga dapat menyebabkan kematian organisme, perubahan struktur komunitas biotik, serta penurunan stabilitas ekosistem (Ehis-Eriakha & Akemu 2022).



Gambar 29. Penyebab, transportasi, pengendapan mikroplastik dalam ekosistem
(Sumber: Wu et al., 2019)

2) Penurunan Kualitas Udara dan Risiko Kesehatan

Limbah berdampak terhadap kualitas udara melalui pembakaran terbuka dan pengelolaan informal, seperti pada limbah elektronik dan limbah pasar, yang menghasilkan emisi polutan berbahaya, partikel debu, dan bau tidak sedap. Paparan jangka panjang terhadap polutan tersebut dapat menurunkan kualitas udara lingkungan serta meningkatkan risiko gangguan kesehatan bagi pekerja pengelola limbah dan masyarakat sekitar.

3) Gangguan Ekosistem Perairan dan Organisme Akuatik

Limbah cair, termasuk limbah domestik dan limbah farmasi, memberikan tekanan serius terhadap ekosistem perairan. Residu obat-obatan yang masuk ke badan air dapat menyebabkan efek toksik pada

organisme akuatik, mengganggu proses reproduksi, dan mengubah struktur komunitas biota air. Selain itu, akumulasi senyawa farmasi di lingkungan perairan berkontribusi terhadap munculnya bakteri resisten antibiotik, yang menjadi ancaman bagi kesehatan ekosistem dan manusia.

4) Risiko Banjir dan Penurunan Kualitas Ruang Publik

Limbah padat yang tidak terkelola dengan baik, khususnya di kawasan perkotaan dan pasar tradisional, dapat menyumbat sistem drainase dan meningkatkan risiko banjir lokal. Kondisi ini tidak hanya menurunkan kualitas lingkungan fisik, tetapi juga mengganggu aktivitas sosial dan ekonomi masyarakat, serta meningkatkan potensi penyebaran penyakit akibat lingkungan yang tercemar.

3. Peran Mikroorganisme Dalam Pengelolaan Limbah

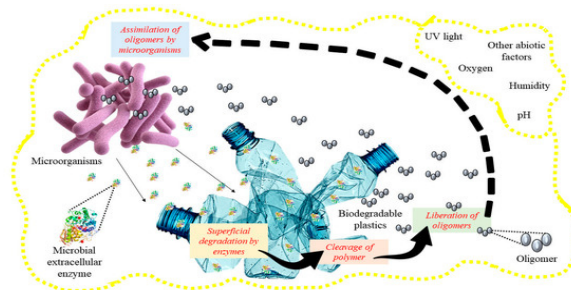
a. Biodegradasi

Istilah “biodegradasi” dapat menimbulkan kesan yang salah, karena semua jenis plastik, termasuk plastik konvensional, pada akhirnya akan mengalami biodegradasi. Namun, lama waktu yang dibutuhkan untuk proses ini menjadi faktor penting, yang bisa berkisar dari beberapa hari hingga ribuan tahun. Definisi IUPAC menjelaskan biodegradasi sebagai “penguraian suatu zat yang dikatalisis oleh enzim, baik secara *in vitro* maupun *in vivo*”. Biodegradasi dapat diklasifikasikan menjadi:

- a. Biodegradasi primer, yaitu perubahan struktur kimia suatu zat yang mengakibatkan hilangnya sifat tertentu;

- b. Biodegradasi yang ramah lingkungan, yaitu biodegradasi hingga sifat-sifat yang tidak diinginkan dari senyawa tersebut dihilangkan. Hal ini sering kali sesuai dengan biodegradasi primer, tetapi tergantung pada kondisi saat produk dilepaskan ke lingkungan;
- c. Biodegradasi akhir (*ultimate*), yaitu penguraian senyawa secara lengkap menjadi molekul sederhana yang sepenuhnya teroksidasi atau tereduksi (seperti karbon dioksida/metana, nitrat/amonium, dan air).

Perlu dicatat bahwa produk hasil biodegradasi kadang dapat lebih berbahaya dibandingkan zat asalnya. Proses ini dapat terjadi baik dengan keberadaan oksigen (aerobik) maupun tanpa oksigen (anaerobik). (Gambar 6.3) memperlihatkan skema umum proses biodegradasi.



Gambar 30. Skema umum proses biodegradasi
(Sumber: Silva et al., 2023)

b. Bioremediasi

Bioremediasi adalah penggunaan organisme hidup, seperti bakteri, alga, atau jamur, untuk mengurangi atau menghilangkan kontaminan dari lingkungan tercemar. Tujuan akhirnya adalah memineralisasi kontaminan menjadi senyawa yang lebih aman, seperti karbon dioksida,

air, dan materi yang dibutuhkan mikroba. Bioremediasi efektif dan ekonomis untuk polutan organik, tetapi terbatas pada jenis organisme tertentu dan memerlukan waktu relatif lama. Pendekatan bioremediasi terbagi menjadi dua (Supratman et al., 2025):

- a. Bioremediasi Eksitu–Kontaminan, dipindahkan dari lokasi tercemar ke fasilitas pengolahan. Proses meliputi:
 - Penggalian dan penyimpanan
 - Pembersihan fisik awal
 - Bioremediasi dengan organisme hidup
 - Keuntungan: kontrol lebih besar terhadap proses dan lingkungan.
 - Kekurangan: biaya transportasi tinggi.
- b. Bioremediasi In situ, dilakukan di lokasi tercemar tanpa pemindahan kontaminan. Metode meliputi:
 - Bioaugmentasi: menambahkan organisme hidup untuk meningkatkan degradasi.
 - Biostimulasi: menambahkan nutrisi atau faktor lain untuk merangsang mikroba yang ada.
 - Fitorremediasi: menggunakan tanaman untuk menyerap kontaminan atau mendukung degradasi.
 - Keuntungan: lebih ekonomis karena tidak ada transportasi. Sedangkan, kekurangan: kontrol lebih sulit dan tergantung kondisi lingkungan.

Selain pendekatan in situ dan eks situ, berbagai teknologi tambahan juga dapat digunakan untuk meningkatkan efektivitas proses bioremediasi, terutama pada limbah cair dan padat yang kompleks. Salah satunya adalah penggunaan bioreaktor, seperti *slurry reactors* atau *aqueous reactors*, yang memungkinkan laju degradasi

kontaminan berlangsung lebih cepat (*rapid degradation kinetic*). Dalam bioreaktor ini, parameter lingkungan dapat dioptimalkan untuk mendukung pertumbuhan mikroba pengurai, perpindahan massa ditingkatkan, dan inokulan maupun surfaktan digunakan secara efektif.

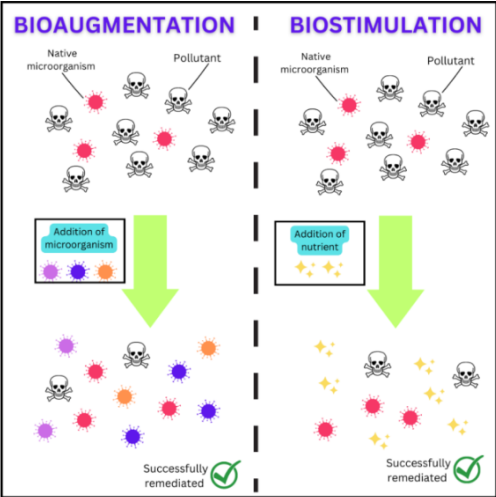
Namun, efektivitas bioaugmentasi dalam sistem ini dapat dipengaruhi oleh toksisitas amandemen atau konsentrasi kontaminan yang tinggi. Selain itu, presipitasi atau flokulasi dapat diterapkan sebagai metode fisik-kimia non-direktif untuk mengikat kontaminan terlarut dengan komponen sel bermuatan, termasuk biomassa mati. Metode ini terbukti efektif dan ekonomis untuk penghilangan logam berat. Untuk pengolahan limbah cair, teknik mikrofiltrasi menggunakan membran dengan tekanan konstan memungkinkan penghilangan padatan terlarut dengan cepat, serta dapat digunakan untuk pemulihan dan penggunaan kembali lebih dari 90% air limbah awal. Sementara itu, elektrodialisis memanfaatkan pasangan membran pertukaran kation dan anion, tahan terhadap suhu tinggi, dapat digunakan kembali, dan efektif untuk menghilangkan padatan terlarut (Sharma 2012).

Dengan menggabungkan berbagai teknik ini, bioremediasi menjadi lebih fleksibel dan dapat disesuaikan dengan jenis limbah serta kondisi lingkungan, baik untuk pengolahan in situ maupun eks situ, sehingga proses pembersihan kontaminan dapat berlangsung lebih cepat, efisien, dan ramah lingkungan.

c. Bioaugmentasi dan Biostimulasi

Bioaugmentasi dan biostimulasi merupakan teknik yang ideal dalam bioremediasi karena efektivitas serta metode penerapannya. Kedua teknik ini memiliki

kesamaan, yaitu sama-sama bertujuan untuk meningkatkan dan memperkuat proses penghilangan polutan melalui penambahan komponen biologis. Secara fundamental, bioaugmentasi adalah metode untuk meningkatkan kemampuan degradasi mikroorganisme yang sudah ada di lingkungan dengan cara memperkenalkan atau menambahkan mikroorganisme eksogen baru. Sementara itu, biostimulasi dilakukan dengan menambahkan nutrisi guna merangsang pertumbuhan dan aktivitas mikroba yang telah ada (Esa dan Him 2024). (Gambar 6.4) menunjukkan secara umum bagaimana bioaugmentasi dan biostimulasi diterapkan dalam proses pembersihan kontaminan.



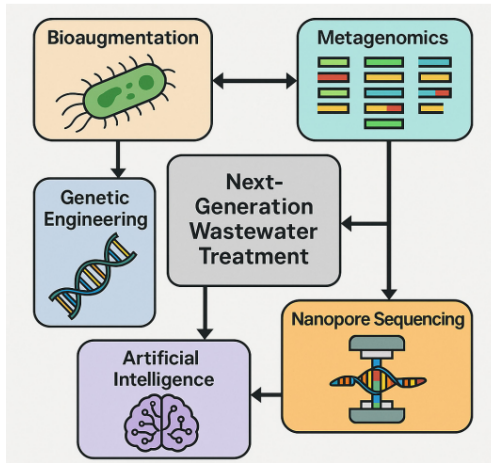
Gambar 31. Kinerja umum bioaugmentasi dan biostimulasi
(Sumber: Esa dan Him ,2024)

4. Teknologi Pengelolaan Limbah Berbasis Mikroorganisme

Untuk mengatasi pencemaran air yang meningkat, berbagai teknik fisik-kimia dan biologis dikembangkan. Pendekatan konvensional, seperti presipitasi kimia, pertukaran ion, oksidasi lanjutan, dan filtrasi membran, efektif namun mahal dan terbatas efisiensinya. Oleh karena itu, bioremediasi mikroba semakin diminati sebagai solusi ramah lingkungan dan hemat biaya, karena mikroorganisme dapat menguraikan, menetralkan, atau mengubah kontaminan berbahaya menjadi zat yang lebih aman.

Remediasi mikroba terus berkembang, termasuk penggunaan bakteri dan archaea di lingkungan ekstrem, serta penerapan rekayasa genetik dan metabolik seperti CRISPR-Cas9 dan biologi sintetis untuk meningkatkan degradasi polutan kompleks. Eksplorasi mikroba ekstremofilik juga memperluas cakupan remediasi pada limbah sulit diakses.

Integrasi teknologi *omics* (genomik, transkriptomik, proteomik, metabolomik) dan konsorsium mikroba sintetis memungkinkan pemahaman metabolisme mikroba yang lebih baik dan meningkatkan efisiensi degradasi.



Gambar 32. Teknologi terkini yang memanfaatkan mikroorganisme untuk mengolah dan memperbaiki kualitas air limbah
(Mishra et al., 2025)

Selain itu, bioreaktor rekayasa seperti *membrane bioreactors* (MBRs) dan sistem *fluidized bed*, serta pendekatan berbasis nanoteknologi, mendukung kondisi optimal bagi mikroba untuk mengolah limbah secara lebih presisi dan efektif.

5. Mikroorganisme Lokal dan Kearifan Lokal

Mikroorganisme lokal merupakan komunitas bakteri, jamur, dan mikroba lain yang secara alami terdapat di lingkungan tertentu dan beradaptasi dengan kondisi abiotik serta biotik setempat. Peran mikroorganisme lokal sangat penting dalam menjaga keseimbangan ekosistem karena mereka secara aktif terlibat dalam proses dekomposisi bahan organik, siklus hara, dan pemeliharaan kesuburan

tanah melalui pemecahan materi kompleks menjadi senyawa yang lebih sederhana yang dapat dimanfaatkan organisme lain di dalam ekosistem tanah (Chen et al., 2024). Dengan populasi yang spesifik terhadap lingkungan asalnya, mikroorganisme lokal mampu bekerja secara efektif dalam penguraian bahan organik dan mendukung pemulihan kualitas tanah tanpa menimbulkan gangguan ekologis yang sering timbul dari introduksi mikroba asing (Kasmawati & Nasution 2024).

Pemanfaatan mikroorganisme lokal dalam pengelolaan lingkungan dapat dikombinasikan dengan kearifan lokal masyarakat. Salah satu contohnya adalah *Eco-Enzyme*, larutan fermentasi sisa buah, sayur, dan gula yang difermentasi minimal 3 bulan (Aýun et al., 2024) . Mikroorganisme lokal, seperti bakteri asam laktat, ragi, dan bakteri anaerob, berperan sebagai bioaktivator untuk menguraikan limbah, mengurangi bau, dan menghasilkan senyawa enzimatik yang bisa digunakan sebagai pembersih alami, pupuk cair, atau biostimulator tanaman. *Eco-Enzyme* menunjukkan sinergi antara pengetahuan tradisional dan sains modern, memanfaatkan bahan organik lokal tanpa bahan kimia sintetis.

Kearifan lokal juga terlihat pada fermentasi makanan tradisional Indonesia, seperti tempe (Aýun et al., 2022), peuyeum, brem, dan oncom, yang memanfaatkan mikroba indigenous untuk mengawetkan dan memperkaya nutrisi pangan. Sinergi ilmu modern dan kearifan lokal ini membuka peluang pengelolaan lingkungan berkelanjutan, misalnya *Eco-Enzyme* sebagai *biofertilizer* alternatif untuk pertanian ramah lingkungan, meningkatkan pertumbuhan tanaman, dan mengurangi ketergantungan pada pupuk kimia. Dengan demikian, integrasi mikroorganisme lokal

dan kearifan lokal, termasuk pemanfaatan *Eco-Enzyme*, meningkatkan efisiensi ekologis dan menguatkan nilai budaya dalam teknologi ramah lingkungan.

BAB 7

MIKROORGANISME DALAM PETERNAKAN DAN KESEHATAN HEWAN

Sektor peternakan memiliki peranan strategis dalam menopang ketahanan pangan dalam hal pemenuhan sumber protein hewani bagi masyarakat. Produk pangan hewani (telur, susu, daging) menjadi salah satu sumber protein yang diperlukan untuk menunjang pertumbuhan, perkembangan, dan kesehatan manusia (Constable et al., 2007). Keberhasilan sektor peternakan dalam memenuhi kebutuhan pangan bersumber protein hewani dapat ditinjau dari tingkat produktivitas hasil ternaknya, yakni kemampuan sistem peternakan dalam memproduksi hasil ternak yang optimal (kuantitas dan kualitas) dengan memanfaatkan sumberdaya yang dimiliki secara lebih efisien (Quinn et al., 2011). Salah satu faktor utama yang menunjang produktivitas ternak adalah kesehatannya. Hal ini selaras juga dengan upaya pengendalian zoonosis atau penyakit yang ditularkan dari hewan ke manusia (*Khan et al., 2023*).

Mikroorganisme merupakan makhluk hidup berukuran mikroskopis yang keberadaannya sangat penting dalam dunia peternakan dan kesehatan hewan. Interaksi mikroba dengan hewan ternak dapat bersifat menguntungkan melalui perannya sebagai mikrobiota yang membantu dalam sistem pencernaan khususnya pada

kelompok hewan ruminansia, fermentasi pakan, ataupun pengurai (Mcvey et al., 2022). Mikroorganisme juga dapat merugikan karena sifat patogennya yang menyebabkan penyakit pada hewan. Kondisi iklim tropis dan beragamnya bentuk sistem peternakan (tradisional hingga modern) di Indonesia sangat mempengaruhi dinamika mikroorganisme (Widianingrum & Septio 2023).

Pemahaman mengenai jenis, sifat, serta dinamika mikroorganisme diperlukan untuk meminimalkan risiko penyakit terutama zoonosis, meningkatkan efisiensi produksi hasil ternak, serta menjamin keamanan pangan produk hewani. Fungsi dan mekanisme kerja mikroorganisme perlu dipahami dengan baik agar manajemen peternakan dan pengendalian penyakit bersumber binatang dapat dilakukan secara lebih tepat dan terarah (Constable et al., 2007).

1. Klasifikasi Mikroorganisme

Mikroorganisme berdasarkan struktur seluler, materi genetik, dan cara replikasinya terdiri dari domain prokariota (bakteria dan archaea) yang dicirikan oleh tidak adanya membran inti sel, dinding sel tersusun oleh peptidoglikan, materi genetiknya berupa DNA sirkuler dalam satu kromosom yang berada di sitoplasma, dan replikasinya melalui pembelahan biner. Domain eukariota (kapang, parasit, yeast atau ragi) memiliki sel yang lebih kompleks dengan sebagian besar kelompoknya memiliki dinding sel yang mengandung selulosa atau/dan kitin, inti sel dan organel bermembran, materi genetiknya linier pada banyak kromosom, bereplikasi sempurna dengan mitosis dan meiosis (Madigan et al., 2019). Kelompok lainnya yakni virus (non-seluler), berupa materi DNA atau RNA yang

diselubungi oleh kapsid, beberapa diantaranya memiliki tambahan selubung lipid, bereplikasi dengan menggunakan sistem replikasi sel inang (Yunilas et al., 2019).

Klasifikasi mikroorganisme berdasarkan cara hidup dan bentuk interaksi atau simbiosisnya terhadap inang dapat dikelompokkan menjadi *free living organisms* (organisme yang mampu hidup bebas), kebutuhan nutrisinya dipenuhi melalui kemampuannya memanfaatkan bahan organik dan anorganik yang ada disekitarnya, lebih adaptif terhadap berbagai perubahan situasi dan kondisi, dan kosmopolit (terdistribusi luas) baik di tanah, air, maupun udara (Constable et al., 2007). Mikroba komensal sangat bergantung dengan lingkungan biologis yang disediakan oleh inangnya, tidak menimbulkan kerugian maupun memberi manfaat langsung bagi inangnya.

Mikroba mutualistik yakni mikroba yang dapat memberi keuntungan bagi inang, begitupula sebaliknya (saling menguntungkan), bersifat stabil dalam jangka waktu yang lama. Kelompok parasit fakultatif mampu hidup bebas pada kondisi yang mendukung kehidupannya, ataupun dapat hidup di dalam inang (tidak bersifat mutlak). Adapula mikroba yang tidak dapat menyelesaikan siklus hidupnya atau bereplikasi jika berada di luar sel atau jaringan inang disebut kelompok parasit obligat. Kelompok terakhir adalah mikroba intraseluler obligat yang hanya dapat hidup di dalam sel inang dikarenakan keterbatasan sistem metabolisme selulernya (Quinn et al., 2011).

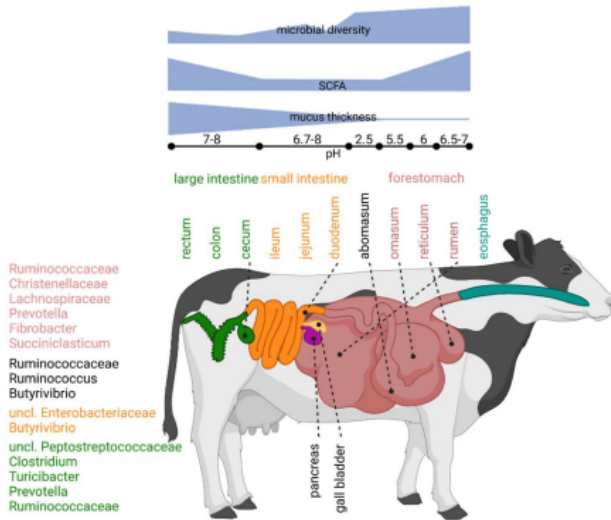
2. Peranan Mikroorganisme

Perkembangan teknologi molekuler seperti *Next Generation Sequencing* (NGS) kini telah membuka

cakrawala baru dalam memahami sejauh mana peran mikroorganisme, baik dalam interaksinya dengan sistem imunitas, pembentukan mikrobiota normal maupun patogenesis penyakit. Mikrobiota adalah komunitas mikroba yang hidup bersama dalam lingkungan tertentu, baik di luar maupun di dalam tubuh organisme seperti hewan. Mikrobiota dalam tubuh hewan akan menentukan kesehatan, fisiologi, perilaku, dan ekologi dari organisme yang berinteraksi dengannya. Diketahui bahwa mikroorganisme telah menjadi bagian penting dari kehidupan di muka bumi ini, bahkan kehadirannya lebih dahulu dari keberadaan manusia maupun hewan.

3. Bakteri

Bakteri merupakan kelompok mikroorganisme prokariota yang memiliki peranan luas dalam bidang kesehatan dan produktivitas hewan, baik sebagai mikrobiota normal maupun agen patogen penyebab penyakit infeksius. Keberadaan bakteri sebagai mikrobiota normal berkontribusi terhadap proses fisiologis inang, seperti menjaga integritas mukosa usus, motilitas pencernaan (peristaltik, segmentasi, dan lainnya) yang mendukung proses metabolisme, dan modulasi sistem imunitas. Mikrobiota normal seringkali dapat menjadi agen patogen (oportunistik) ketika keseimbangan mikrobiota dan mekanisme imunitas inang terganggu, misalkan disebabkan oleh perubahan pakan, imunosupresi, maupun gangguan mukosa (Mcvey et al., 2022).



Gambar 33. Keragaman mikroba dan takson yang dominan (ditandai dengan perbedaan warna) pada saluran pencernaan hewan ruminansia. Keragaman mikroba ditemukan cukup tinggi pada lambung depan, perannya dalam membantu proses fermentasi terlihat dari tingginya asam lemak rantai pendek (SCVA) yang diproduksi, menyebabkan proliferasi sel epitel rumen

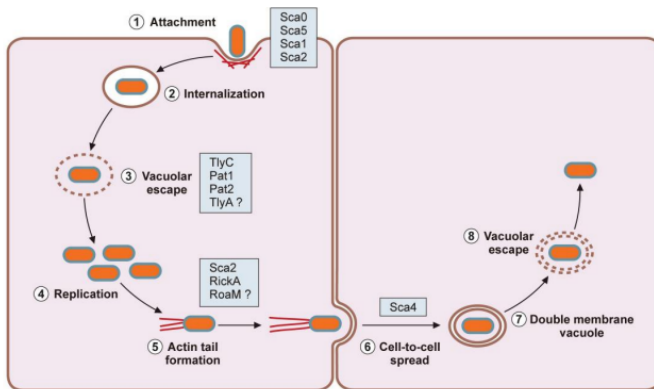
(Sumber : Zachary 2020)

Diketahui bahwa keberadaan mikrobiota tertentu seperti *Prevotella* yang dominan di saluran pencernaan pada hewan ruminansia mempengaruhi imunitas dan produktivitasnya dalam menghasilkan susu (Seifert, 2022). Bakteri sebagai agen patogen pada hewan dipengaruhi oleh kemampuannya beradaptasi, berkolonisasi, dan menginvasi

jaringan inang, terutama jika bakteri tersebut memiliki faktor virulensi. Bakteri akan berproliferasi secara berlebihan, relokasi (pindah ke lokasi steril), kemudian mengekspresikan faktor virulensi yang dimiliki hingga menyebabkan penyakit. Sejumlah bakteri diketahui memiliki kemampuan memproduksi **eksotoksin** (protein yang disekresikan oleh bakteri hidup) contohnya enterotoksin oleh *E. coli* (ETEC), *Vibrio cholera*, atau *Staphylococcus aureus* penyebab diare akibat keracunan pakan, neurotoksin oleh *Clostridium botulinum* dan *Clostridium tetani* penyebab kelumpuhan atau botulisme dan tetanus pada unggas, sapi, dan kuda, leukotoksin oleh *Mannheimia haemolytica* penyebab pneumonia pada sapi (Wang et al., 2025), dan sitotoksin oleh *Clostridium perfringens* penyebab klostridial miositis pada kuda (Kiu & Hall 2018), serta hemolisin oleh *Staphylococcus aureus* penyebab kutaneus pyoderma superfisial pada anjing (Mcvey et al., 2022).

Endotoksin (bagian dari struktur dinding sel bakteri Gram negatif seperti lipolisakarida atau LPS, dilepas saat bakteri lisis), contohnya endotoksemia oleh *E. coli*, *Salmonella* spp, *Pasteurella* sp penyebab syok septis, salmonellosis oleh *Salmonella* spp, mastitis coliform oleh *E. coli* (Quinn et al., 2011).

Terdapat bakteri patogen lainnya yang bersifat obligat intraseluler diantaranya *Rickettsia* sp., *Chlamydia* sp., *Anaplasma* sp., *Bartonella* sp. *Rickettsia* dan *Chlamydia* merupakan kelompok bakteri gram-negatif, parasit obligat intraseluler, keberadaannya tergantung dari keberadaan vektor (kutu, caplak, dan kutu loncat) dan inang reservoir (burung, hewan pengerat, dan ungulata). Berikut ini adalah gambaran mekanisme infeksi oleh *Rickettsia*.



Gambar 34. Siklus hidup dan mekanisme infeksi oleh Rickettsia

(Sumber : Helminiak et al., 2022)

Rickettsia menempel pada sel inang melalui interaksi protein permukaan *Rickettsia* dengan reseptor sel inang; 2. Internalisasi *Rickettsia*; 3. *Rickettsia* lolos dari vakuola endositik karena kemampuannya memproduksi faktor membran lisis; 4. *Rickettsia* berada di dalam sitosol inang dan bereplikasi sambil mengambil nutrisi dari inang; 5. Beberapa spesies *Rickettsia* menunjukkan motilitas sehingga mampu menyebar dari satu sel ke sel lainnya; 8. *Rickettsia* merusak struktur membran ganda vakuola; 9. *Rickettsia* menetap di dalam kompartemen sitosol dan memulai kembali siklus infeksi. Adapun sejumlah *Rickettsia*. Contoh agen infeksiya adalah *Rickettsia rickettsii* penyebab penyakit riketsiosis (demam, vaskulitis yang berpotensi zoonosis); *Rickettsia conorii* penyebab infeksi subklinis (Rymaszewska & Piotrowski 2024).

Chlamydia memiliki siklus hidup yang khas (bifasik) yakni badan elementer (BE) yang bersifat menular dan

tidak membelah, sedangkan badan retikulat (RB) tidak menular dan membelah (Jacquier & Greub 2018).

Adapun siklus hidupnya *Chlamydia* dimulai dengan masuknya EB ke dalam sel inang melalui endositosis atau fagositosis, kemudian EB berada dalam vakuola sebagai badan inklusi dan akhirnya diubah menjadi RB. Badan retikulat akan berdiferensiasi menjadi EB yang dikeluarkan melalui eksositosis atau lisis sel untuk memulai siklus hidup baru (Greub 2018). Contohnya *Chlamydia abortus* yang menyebabkan aborsi enzootik atau kelahiran mati (Burgener et al., 2022); *Chlamydia psittaci* penyebab klamidiosis (gangguan respirasi, zoonosis) pada unggas; *Chlamydia pecorum* penyebab polyarthrititis, konjungtivitis, enteritis; *Chlamydia suis* penyebab enteritis, gangguan reproduksi (Cox & Vanrompay 2015); *Anaplasma marginale* penyebab Anaplasmosis (anemia hemolitik, penurunan produksi) (Ierardi 2025).

4. Jamur (Fungi)

Jamur termasuk dalam domain eukariota, berdasarkan ukuran dan struktur selnya dikelompokkan menjadi jamur makroskopis dan mikroskopis (kapang dan khamir/yeast). Kapang merupakan mikroorganisme multiseluler dengan struktur membentuk sel yang membentuk hifa (contohnya *Aspergillus*, *Fusarium*, *Penicillium*) sedangkan khamir atau yeast merupakan mikroorganisme uniseluler, namun dapat membentuk pseudohifa pada kondisi tertentu (contohnya *Candida*, *Saccaromyces*). Kapang maupun khamir terdistribusi luas di lingkungan, beberapa diantaranya ditemukan sebagai mikroflora mukosa (Quinn et al., 2011).

Reproduksi jamur melalui pembentukan spora (seksual atau aseksual). Dinding sel hifa bersifat kaku dan sangat stabil terhadap tekanan osmotik, tersusun atas komponen karbohidrat termasuk kitin dengan ikatan selulosa. Kompleks protein dengan polisakarida, dan berbagai senyawa lipid ditemukan pada dinding sel khamir. Membran sel jamur berlapis ganda, sterol yang dominan adalah ergosterol (Madigan et al., 2019).

Peranan jamur dapat bersifat menguntungkan ataupun merugikan. Sejumlah enzim ekstraseluler, seperti amilase, selulase, protease, hemiselulase, fitase, dan asam organik, serta metabolit bioaktif yang bermanfaat dalam proses fermentasi pakan ternak (jerami, dedak, dan limbah pertanian lainnya) dihasilkan oleh kapang. Enzim-enzim tersebut akan menguraikan senyawa kompleks menjadi senyawa yang lebih sederhana, menonaktifkan zat antinutrisi (fitat dan tanin) sehingga dapat diserap oleh dinding sel hewan, dan meningkatkan bioavailabilitas mineral dan energi (Mcvey et al., 2022).

Aktivitas metabolik kapang selama proses fermentasi pakan juga akan meningkatkan protein kasar yakni estimasi total kandungan protein yang dihitung berdasarkan kandungan nitrogen total melalui biomassa kapang disebut juga sebagai fenomena *single cell protein* (SCP). Kandungan nitrogen yang dimaksud dapat berasal dari senyawa berbagai asam amino maupun senyawa lain seperti urea, amonia, atau peptida kecil. Protein kasar menjadi salah satu indikator kecukupan protein dalam pakan ternak, meskipun belum mencerminkan mutu pakan (Yunilas et al., 2019).

Kapang dapat menjadi agen patogen dikarenakan kemampuannya menghasilkan mikotoksin (aflatoksin,

zearalenon, fumonisin, ochratoxin, Deoxynivalenol atau DON) yang merupakan zat cemaran dalam pakan maupun kemampuannya menginvasi jaringan (Adebiyi & Oluwayelu 2019). Mikotoksin dihasilkan di lingkungan sebagai cemaran di udara, air, tanah, maupun pakan. Cemaran tersebut masuk ke tubuh *host* melalui ingesti, inhalasi, ataupun kontak. Cemaran tersebut jika tidak di metabolisme secara sempurna akan terakumulasi hingga mengganggu fungsi hati, karena mikotoksin umumnya bersifat hepatotoksin (Seyedmousavi et al., 2018).

Toksin yang dihasilkan akan menghambat kerja enzim, merusak mitokondria sehingga menurunkan produksi ATP yang menyebabkan stres oksidatif. Gangguan tersebut akan berdampak pada proses metabolisme, penurunan nafsu makan dan efisiensi pemanfaatan pakan (Abo et al., 2025). Mikotoksin (aflatoksin dan DON) yang bersifat imunotoksin akan menghambat sintesis protein imun seperti antibodi dan sitokin yang berakibat kerusakan jaringan limfoid (Alharbi et al., 2017).

Zearalenon merupakan mikotoksin lainnya yang bersifat *endocrine disruptor*, toksin ini memiliki struktur kimia menyerupai estrogen (xenoestrogen) yang kemudian akan berikatan dengan reseptor estrogen yakni ER α dan ER β yang mengakibatkan ketidaknormalan ekspresi gen reproduksi (Reddy et al., 2022). Akibatnya pada hewan ternak betina terjadi pembengkakan vulva dan uterus, gangguan siklus estrus, pseudobunting, hingga abortus, sedangkan pada hewan jantan akan mengalami penurunan kualitas sperma, atrofi testis, sehingga menurunkan libido.

Mekanisme infeksi oleh jamur melalui kemampuannya menginvasi jaringan diawali dari paparan

terhadap spora pada jalan masuk (inhalasi, mukosa, atau luka), kemudian terjadi adhesi atau penempelan ke epitel, produksi enzim (protease dan fosfolipase), terjadi kolonisasi dan invasi jaringan oleh hifa (mikosis) yang menginduksi respon imun menyebabkan inflamasi, granuloma, nekrosis, hingga fungemia (Bn et al., 2019).

Penyakit yang disebabkan oleh jamur dikategorikan berdasarkan lokasi terjadinya lesi (Quinn et al., 2011), diantaranya adalah:

1. Mikosis superfisial yang disebabkan invasi jamur pada bagian epidermidis, membran mukosa maupun struktur keratin lainnya, contoh agen infeksiya: *Microsporum canis* (ditemukan pada kucing, anjing, kuda); *M. gallinae* pada ayam; *M. gypseum* pada kuda, anjing, dan rodensia; *Trichophyton equinum* pada kuda; *T. Simii* pada kera, unggas, anjing; dan *T. verrucosum* pada ternak; *Candida albican* penyebab kandidiasis pada anjing, kucing, unggas, kuda dan penyebab mastitis pada sapi.
2. Mikosis subkutan merupakan infeksi jamur yang terjadi pada jaringan di bawah kulit (dermis-sub kutan). Contoh agen infeksiya: *Sporothrix schenckii* penyebab sporotrikosis pada kucing, anjing, sapi. *Madurella* penyebab misetoma pada hewan ternak, *Exophiala* penyebab feohifomikosis pada anjing, kucing, dan kuda.
3. Mikosis sistemik terjadi setelah menghirup spora atau trauma jaringan, contoh agen infeksiya adalah *Aspergillus fumigatus* penyebab pneomonía pada burung, granuloma hidung pada kuda, aborsi maupun mastitis pada ternak, otitis eksterna pada anjing, aspergilosis pada kucing; *Blastomyces dermatitidis* penyebab blastomikosis pada anjing; *Histoplasma capsulatum* penyebab histoplasmosis pada anjing,

kucing; *Coccidioides immitis* penyebab koksidomikosis pada anjing, kucing.

5. Parasit

Parasit dapat dikelompokkan menjadi endoparasit (di dalam tubuh inang) dan ektoparasit (di luar tubuh inang) berdasarkan lokasi tempat menetapnya pada inang. Cacing dan sebagian protozoa (*Trypanosoma*, *Toxoplasma*, *Giardia*, *Cryptosporidium*, *Plasmodium*) merupakan contoh dari endoparasit, sedangkan sebagian protozoa lainnya (*Tricodina*, *Chilodonella*, *Costia*) bersifat ektoparasit. Mekanisme infeksi yang disebabkan oleh parasit meliputi tahapan sebagai berikut (Quinn et al., 2011):

1. Paparan dengan lingkungan yang terkontaminasi oleh telur, larva, atau kista parasit seperti ookista *Cryptosporidium parvum* penyebab kriptosporidiosis yang dikeluarkan melalui feses dari hewan yang terinfeksi, termasuk dengan inang perantara seperti siput, serangga atau vektor, ataupun kontak langsung seperti pada ektoparasit.
2. Masuknya agen infeksi melalui rute oral (tertelan bersama pakan atau air minum yang terkontaminasi) seperti *Giardia* penyebab giardiasis, *Eimeria* penyebab koksidiosis (diare akibat enterik nekrosis hingga penurunan produksi pada ayam), *Ascaris suum* dan *Fasciola* yang menyebabkan gangguan pertumbuhan, penetrasi melalui kulit atau luka terbuka oleh larva *Strongyloides*; gigitan vektor seperti *Babesia* penyebab Babesiosis (anemia, hemoglobinuria) yang dibawa oleh caplak.
3. Parasit kemudian akan beradaptasi dengan lingkungan di dalam tubuh host (suhu, pH, dan nutrisi), lalu

bermigrasi ke organ target seperti saluran pencernaan oleh *Haemonchus contortus* penyebab anemia berat hingga mortalitas dan *Eimeria*; peredaran darah oleh *Babesia* dan *Trypanosoma evansi* penyebab penyakit surra; hati atau saluran empedu oleh *Fasciola gigantica*, kemudian berkoloni. Parasit memiliki kemampuan bersembunyi maupun menekan sistem imun host, selain variasi antigen yang tinggi.

4. Kolonisasi atau memperbanyak diri seringkali menyebabkan kerusakan jaringan mukosa, sumbatan organ, penyerapan nutrisi secara besar-besaran dalam darah yang berakibat pada malnutrisi dan penurunan berat badan hingga anemia. Sebagian besar parasit juga memiliki kemampuan menghasilkan toksin atau enzim ekstraseluler yang menyebabkan gangguan fungsi organ, modulasi respon imun sehingga terjadi reaksi inflamasi yang mengakibatkan peradangan kronis maupun fibrosis jaringan.

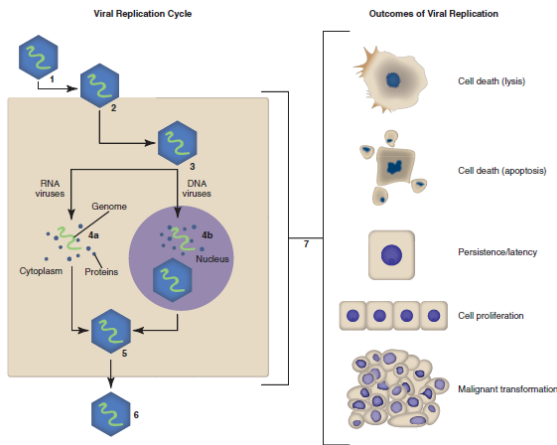
6. Virus

Virus bersifat parasit obligat intraseluler, tersusun atas materi genetik (DNA atau RNA) yang diselubungi oleh kapsid protein atau lipid, bereplikasi dalam sel hidup (Madigan et al., 2019). Interaksi virus dengan inang dipengaruhi oleh karakteristik genom, tropisme jaringan (kecenderungan menginfeksi sel atau jaringan tertentu), dan respons imun inang. Virus diketahui bermutasi sangat cepat dengan kemampuan adaptasi yang tinggi sehingga seringkali menyebabkan wabah pada populasi ternak (Quinn et al., 2011).

Sifat tropisme menentukan manifestasi klinis penyakit, bagaimana rute transmisi, yang kemudian

berdampak terhadap produktivitas ternak. Tingkat keparahan akan semakin tinggi, intensitas ekskresi virus menjadi semakin lama, hingga dapat menyebabkan infeksi menjadi persisten atau laten terutama ketika imunitas menurun. Virus juga memiliki kemampuan immunosupresi sehingga dapat bertahan lama dalam populasi ternak (D. Constable et al., 2007).

Penyakit oleh virus dapat disebabkan oleh kerusakan langsung sel inang maupun respon imun inang yang berlebih atau tidak terkontrol. Patogenitas virus sangat bergantung pada interaksinya dengan sel inang, berbeda dengan bakteri yang umumnya dapat menghasilkan toksin. Adapun tahapan dan dampak patogenitas virus dijelaskan oleh gambar berikut ini.



Gambar 35. Replikasi virus dalam sel makhluk hidup
(Sumber : Zachary,2020)

Virus menggunakan organel dan proses biokimia sel target untuk menghasilkan salinan genom dan protein serta

merakitnya menjadi partikel virus keturunannya. Pengenalan sel target kemudian, 2. Penempelan (*attachment*) melalui interaksi antara ligan (selubung protein atau kapsid virus) dengan reseptor (protein membran sel target), lalu masuk (*penetration*) melalui proses endositosis atau fagositosis, kemudian melepas selubung dan materi genetik (RNA/DNA/protein) berpindah ke lokasi spesifik di dalam sel, hingga terjadi replikasi dengan mengambil alih fungsi sel dalam mensintesis salinan materi genetik baru beserta komponen penyusun partikel virus lainnya. Virus RNA umumnya bereplikasi di sitoplasma, sedangkan virus DNA di nukleus dan diangkut melalui sistem sitokaviter dan akhirnya partikel virus baru dilepas ke luar sel melalui berbagai proses lisis sel (mis. parvovirus-anjing, parvovirus enteritis), kematian sel atau apoptosis (mis. Morbilivirus pada anjing), infeksi yang persisten (mis. Lentivirus penyebab pneumonia pada domba), infeksi laten (mis. Herpesvirus penyebab rhinotracheitis pada sapi), proliferasi sel (mis. Papilomavirus), transformasi ganas pada kulit dan kuku (misalnya Leukemia retrovirus).

Virus tanpa selubung akan dilepaskan ke luar sel ketika terjadi lisis, sebaliknya pada sel berselubung akan dilepaskan melalui membran sel (membran plasma, membran kompleks golgi, atau retikulum endoplasma kasar, atau membran inti) tanpa melalui proses lisis sel kecuali flavivirus, corona virus, arteri virus, herpervirus.

Faktor virulensi mengontrol proses replikasi, menyebar, dan memodulasi dan menekan respon imun bawaan maupun adaptif pelindung diri dari hewan yg belum terpapar (Mcvey et al., 2022).

Enterosit yang terinfeksi rotavirus akan mengeluarkan toksin (NSP4) ke dalam lumen usus sebagai respon imun terhadap virus. Enterosit di sekitar yang tidak terinfeksi akan menyerap toksin yang menginduksi terjadinya diare. Diare terjadi sebelum enterosit yang terinfeksi virus mengalami lisis. Jumlah faktor virulensi virus lebih kecil dibandingkan bakteri, hal tersebut dipengaruhi oleh jumlah gen. Jumlah gen pada virus berkisar 10 hingga 10^2 , pada bakteri 10^3 - 10^4 . Namun demikian, perubahan genomik dapat menyebabkan hilangnya perlindungan yang diberikan dari vaksinasi dan munculnya strain virus baru seperti pada infeksi oleh parvovirus (Zachary 2020).

Sejumlah faktor tersebut akan menentukan bagaimana pola penyebaran penyakit, dinamika wabah, dan keberhasilan program pengendalian penyakit melalui vaksinasi pada hewan ternak. Contoh penyakit yang disebabkan oleh virus diantaranya adalah *foot-and-mouth disease* (FMDV) pada kerbau, babi, dan domba, serta hewan ternak lainnya (Rahman et al., 2025); *porcine reproductive and respiratory syndrome* (PRRS) pada babi (Lunney et al., 2015) ; *bovine rhinotracheitis* (IBR) pada hewan ternak (Barrett et al., 2024); *new castle disease* pada unggas (Yang et al., 2024).

7. Pengendalian Mikroorganisme Dalam Peternakan

Upaya pengendalian mikroorganisme dapat dilakukan untuk memutuskan rantai penularan, menurunkan populasi mikroorganisme, dan meningkatkan ketahanan inang (Sharma et al., 2025). Pengendalian meliputi pembatasan akses lalu lintas hewan, manusia, dan

alat, disinfeksi rutin, pengendalian vektor dan reservoir, perbaikan sanitasi dan higiene lingkungan (kebersihan kandang, pengelolaan limbah dan kotoran ternak, kualitas pakan dan minum), begitupula vaksinasi atau penggunaan antibiotik yang tepat serta isolasi terhadap hewan yang terinfeksi (Van et al., 2023). Hal yang tidak kalah penting adalah meningkatkan imunitas hewan ternak dengan memperhatikan kebutuhan nutrisi ternak dengan pemberian probiotik, prebiotik, maupun imunomodulator (Afikasari et al., 2020).

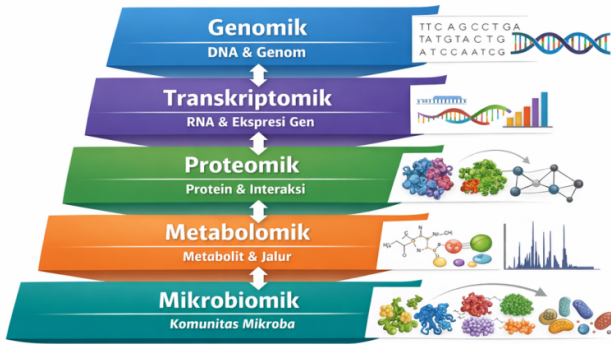
BAB 8

BIOINFORMATIKA DAN REVOLUSI OMICS DALAM STUDI MIKROORGANISME

Perkembangan biologi molekuler telah membuka peluang baru dalam studi mikroorganisme melalui pendekatan berbasis analisis biomolekul, khususnya DNA, RNA, protein, dan metabolit. Namun, kemajuan teknologi sekuensing dan analisis molekuler menghasilkan volume data yang sangat besar dan kompleks, yang tidak dapat diinterpretasikan secara efektif tanpa dukungan metode komputasi yang memadai. Dalam konteks inilah bioinformatika muncul sebagai disiplin kunci yang menjembatani data biologis dan pemahaman ilmiah, memungkinkan pengolahan, analisis, dan interpretasi data mikrobiologi dalam skala besar dan dengan resolusi tinggi.

Seiring dengan berkembangnya teknologi *high-throughput*, pendekatan *omics* menjadi pusat perhatian dalam riset mikrobiologi modern. Genomik, transkriptomik, proteomik, metabolomik, dan mikrobiomik menyediakan kerangka kerja untuk mempelajari mikroorganisme secara komprehensif pada berbagai tingkat organisasi biologis. Pendekatan ini memungkinkan eksplorasi potensi genetik, regulasi ekspresi gen, fungsi protein, dinamika metabolik, serta interaksi komunitas mikroba dalam suatu ekosistem. Namun demikian, setiap lapisan *omics* hanya memberikan

gambaran parsial, sehingga diperlukan integrasi lintas data untuk memahami sistem biologis secara menyeluruh.



Gambar 36. Landscape Omics dalam Mikrobiologi

Integrasi berbagai pendekatan *omics* tidak dapat dipisahkan dari peran bioinformatika sebagai tulang punggung analisis data. Bioinformatika menyediakan algoritma, basis data, dan kerangka analitik yang memungkinkan penggabungan data heterogen serta pemodelan sistem biologis yang kompleks. Melalui pendekatan biologi sistem dan analisis *multi-omics*, peneliti dapat mengungkap hubungan sebab-akibat antara perubahan molekuler dan fenotipe mikroba, serta memahami interaksi mikroorganisme dengan lingkungan dan organisme inang secara lebih mendalam.

1. Evolusi Konsep Bioinformatika

Bioinformatika merupakan bidang interdisipliner yang berkembang sebagai respons terhadap meningkatnya kompleksitas dan volume data biologis, khususnya sejak kemajuan pesat biologi molekuler dan teknologi *high-throughput*. Secara umum, bioinformatika dapat

didefinisikan sebagai penerapan metode komputasi, matematika, dan statistik untuk mengumpulkan, menyimpan, mengelola, menganalisis, dan menginterpretasikan data biologis. Pada awal perkembangannya, bioinformatika berfokus pada pengelolaan dan analisis sekuens biomolekul, seperti DNA dan protein. Namun, seiring dengan meningkatnya skala dan keragaman data biologis, ruang lingkup bioinformatika meluas mencakup analisis struktural, fungsional, dan sistemik dari berbagai tingkat organisasi biologis (Bayat 2002; Mitra et al., 2022).

Sejarah bioinformatika tidak dapat dipisahkan dari penemuan struktur DNA dan berkembangnya teknik sekuensing. Pada tahun 1960–1970-an, upaya awal bioinformatika ditandai dengan penyusunan basis data sekuens protein dan nukleotida secara manual. Perkembangan ini menjadi semakin signifikan setelah diperkenalkannya metode sekuensing DNA yang lebih efisien dan terstandarisasi, yang mendorong kebutuhan akan sistem komputasi untuk menyimpan dan membandingkan data sekuens dalam jumlah besar. Tonggak penting lainnya adalah pengembangan algoritma perbandingan sekuens, seperti *sequence alignment*, yang memungkinkan analisis homologi dan inferensi evolusioner secara sistematis (Mitra et al., 2022).

Sebagai bidang interdisipliner, bioinformatika merupakan hasil integrasi erat antara biologi, matematika, dan ilmu komputer. Biologi menyediakan konteks dan permasalahan ilmiah, seperti identifikasi gen, prediksi fungsi protein, dan pemahaman jalur metabolik. Matematika dan statistika berperan dalam pemodelan data biologis, analisis probabilitas, serta pengujian hipotesis

berbasis data besar. Sementara itu, ilmu komputer menyediakan kerangka algoritmik, struktur data, serta infrastruktur perangkat lunak dan perangkat keras yang memungkinkan pemrosesan data biologis dalam skala besar. Integrasi ketiga disiplin ini menjadikan bioinformatika sebagai fondasi utama dalam penelitian biologi modern, termasuk mikrobiologi, genomik, dan biologi system (Gareev et al., 2024; Oulas et al., 2017).

Perkembangan bioinformatika juga ditandai oleh munculnya berbagai perangkat lunak dan basis data biologis yang terstandarisasi dan dapat diakses secara global. Basis data seperti *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) dan *European Molecular Biology Laboratory* (EMBL) berperan penting dalam penyimpanan dan distribusi data sekuens nukleotida dan protein. Sementara itu, *UniProt* menyediakan informasi terkurasi mengenai sekuens dan fungsi protein, dan *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes* (KEGG) menjadi sumber utama untuk pemetaan jalur metabolik dan jaringan molekuler. Keberadaan basis data ini tidak hanya memfasilitasi penelitian individual, tetapi juga memungkinkan analisis komparatif dan integratif lintas spesies serta lintas tingkat *omics* (Clark et al., 2024; Grigson et al., 2025; Vello et al., 2024; Zhu et al., 2021).

Dalam beberapa tahun terakhir, konsep bioinformatika mengalami evolusi lebih lanjut melalui integrasi kecerdasan buatan (*artificial intelligence*, AI) dan *machine learning*. Pendekatan ini memungkinkan analisis pola kompleks dalam data biologis yang sulit ditangkap oleh metode konvensional. Algoritma *machine learning* telah banyak digunakan untuk prediksi struktur protein, anotasi gen, klasifikasi mikroorganisme, serta identifikasi

biomarker berbasis data *multi-omics*. Dalam mikrobiologi, AI berperan penting dalam analisis metagenomik, prediksi fungsi komunitas mikroba, dan pemodelan interaksi mikroba-inang. Dengan demikian, bioinformatika modern tidak lagi hanya berfungsi sebagai alat bantu analisis data, tetapi telah berkembang menjadi pendekatan prediktif dan eksploratif yang mendorong lahirnya pengetahuan biologis baru.

2. Revolusi Omics Dalam Biologi Molekuler

Perkembangan biologi molekuler dalam dua dekade terakhir mengalami transformasi fundamental melalui munculnya pendekatan *omics*, yang memungkinkan analisis komprehensif terhadap komponen biologis pada berbagai tingkat organisasi seluler dan molekuler. Istilah *omics* merujuk pada pendekatan berskala besar (*large-scale analysis*) yang bertujuan untuk mengkarakterisasi secara menyeluruh seluruh komponen dalam suatu sistem biologis, baik berupa gen, RNA, protein, metabolit, maupun komunitas mikroorganisme. Pendekatan ini menandai pergeseran paradigma dari studi berbasis satu gen atau satu molekul menuju pemahaman holistik tentang sistem biologis yang kompleks, termasuk pada organisme mikroba dan interaksinya dengan lingkungan atau inang (Bayat 2002; Mitra et al., 2022).

Genomik merupakan fondasi utama dalam revolusi *omics*, yang berfokus pada analisis keseluruhan materi genetik suatu organisme. Dalam mikrobiologi, genomik memungkinkan identifikasi gen virulensi, gen resistensi antibiotik, serta potensi metabolik mikroorganisme yang sebelumnya sulit dipelajari melalui metode kultur konvensional. Perkembangan *whole genome sequencing*

(WGS) telah mempercepat pemetaan genom bakteri, archaea, dan virus, sekaligus membuka peluang untuk studi evolusi mikroba, filogenomik, serta pelacakan wabah penyakit berbasis genom. Namun, informasi genomik bersifat relatif statis dan tidak sepenuhnya mencerminkan aktivitas biologis yang terjadi dalam kondisi tertentu (Clark et al., 2024).

Untuk menjembatani kesenjangan tersebut, transkriptomik berkembang sebagai pendekatan *omics* yang mempelajari keseluruhan transkrip RNA yang diekspresikan oleh sel pada waktu dan kondisi tertentu. Analisis transkriptom memberikan gambaran dinamis mengenai regulasi gen, respons stres, adaptasi lingkungan, serta interaksi mikroba dengan inang. Dalam konteks mikrobiologi, transkriptomik sangat penting untuk memahami bagaimana mikroorganisme merespons perubahan nutrisi, paparan antibiotik, atau tekanan lingkungan lainnya. Dengan demikian, transkriptomik melengkapi genomik dengan informasi fungsional yang lebih kontekstual (Grigson et al., 2025).

Pada tingkat yang lebih dekat dengan fenotipe, proteomik berfokus pada karakterisasi keseluruhan protein yang dihasilkan oleh suatu organisme, termasuk modifikasi pascatranslasi dan interaksi antarprotein. Proteomik sangat relevan dalam mikrobiologi karena protein merupakan pelaksana utama fungsi biologis, seperti enzim metabolik, faktor virulensi, dan protein struktural. Perbedaan antara tingkat ekspresi RNA dan protein yang sering dijumpai dalam sistem biologis menunjukkan bahwa regulasi pascatranskripsi memainkan peran penting, sehingga analisis proteomik menjadi komponen esensial dalam memahami fungsi seluler secara utuh (Zhu et al., 2021).

Selanjutnya, metabolomik mempelajari keseluruhan metabolit kecil yang dihasilkan dalam proses metabolisme sel. Metabolit mencerminkan hasil akhir dari aktivitas genom, transkriptom, dan proteom, sehingga metabolomik sering dianggap sebagai representasi paling dekat dengan fenotipe aktual suatu organisme. Dalam mikrobiologi, pendekatan metabolomik memungkinkan identifikasi jalur metabolik aktif, interaksi metabolik antar mikroba, serta respons metabolik terhadap lingkungan atau inang. Analisis metabolom juga berperan penting dalam studi bioteknologi mikroba, fermentasi, dan penemuan senyawa bioaktif (Qiu et al., 2023).

Selain analisis pada organisme tunggal, mikrobiomik muncul sebagai cabang *omics* yang berfokus pada komunitas mikroorganisme beserta fungsi kolektifnya dalam suatu ekosistem tertentu. Mikrobiomik tidak hanya mencakup identifikasi komposisi taksonomi mikroba, tetapi juga potensi genetik dan aktivitas metaboliknya. Dalam bidang mikrobiologi dan kesehatan, studi mikrobiom telah mengungkap peran penting komunitas mikroba dalam homeostasis, patogenesis, serta modulasi sistem imun inang. Pendekatan ini semakin menegaskan bahwa mikroorganisme tidak dapat dipahami secara terisolasi, melainkan sebagai bagian dari jaringan interaksi biologis yang kompleks (Berg et al., 2020; Jung 2025; Ma et al., 2024; Yilmaz et al., 2025).

Revolusi *omics* tidak terlepas dari kemajuan pesat teknologi *high-throughput*. Teknologi *next-generation sequencing* (NGS) telah menggantikan metode sekuensing konvensional dengan kecepatan, resolusi, dan efisiensi biaya yang jauh lebih tinggi, sehingga memungkinkan analisis genom, transkriptom, dan mikrobiom dalam skala

besar. Di sisi lain, perkembangan spektrometri massa beresolusi tinggi menjadi tulang punggung analisis proteomik dan metabolomik, memungkinkan deteksi ribuan molekul secara simultan. Kombinasi teknologi ini menghasilkan volume data biologis yang sangat besar (*big biological data*), yang menuntut pendekatan komputasi dan bioinformatika yang canggih untuk pengolahan dan interpretasinya (Pal et al., 2020).

Setiap lapisan *omics* merepresentasikan tingkat organisasi biologis yang saling berhubungan dan membentuk suatu alur informasi dari genotipe menuju fenotipe. Genom menyediakan cetak biru genetik, transkriptom mencerminkan regulasi ekspresi gen, proteom menggambarkan pelaksanaan fungsi biologis, dan metabolom menunjukkan hasil akhir aktivitas seluler. Dalam sistem mikrobiologi, hubungan antarlevel ini sangat dinamis dan dipengaruhi oleh faktor lingkungan, interaksi antarorganisme, serta tekanan seleksi. Oleh karena itu, analisis satu lapisan *omics* saja sering kali tidak cukup untuk menjelaskan kompleksitas sistem biologis secara menyeluruh.

Kesadaran akan keterbatasan pendekatan tunggal mendorong berkembangnya konsep *systems biology*, yaitu pendekatan integratif yang mempelajari sistem biologis sebagai suatu jaringan interaksi yang saling terhubung. *Systems biology* bertujuan untuk memahami bagaimana komponen biologis berinteraksi dan menghasilkan perilaku sistem secara keseluruhan, bukan hanya sifat masing-masing komponen. Dalam konteks ini, integrasi *multi-omics* menjadi strategi kunci untuk menghubungkan informasi dari berbagai tingkat molekuler dan menghasilkan model

biologis yang lebih komprehensif dan prediktif (Pandita et al., 2022).

Integrasi *multi-omics* dalam mikrobiologi memungkinkan pemetaan jalur molekuler secara utuh, identifikasi biomarker fungsional, serta pemahaman mekanisme adaptasi dan patogenisitas mikroorganisme secara lebih mendalam. Melalui pendekatan ini, bioinformatika berperan sebagai penghubung utama antara data eksperimental dan interpretasi biologis, menyediakan metode komputasi untuk integrasi data, analisis jaringan, dan pemodelan sistem. Dengan demikian, revolusi *omics* tidak hanya mengubah cara data biologis dihasilkan, tetapi juga cara ilmuwan memahami kompleksitas kehidupan pada tingkat molekuler dan sistemik.

3. Genomik dan Aplikasinya Dalam Studi Mikroorganisme

Genomik merupakan salah satu pilar utama dalam biologi molekuler modern yang berfokus pada analisis keseluruhan materi genetik suatu organisme. Dalam studi mikroorganisme, pendekatan genomik memberikan pemahaman yang mendalam mengenai potensi biologis mikroba, termasuk kemampuan metabolik, mekanisme patogenisitas, dan adaptasi terhadap lingkungan. Kemajuan teknologi sekuensing genom telah mengubah secara drastis cara mikroorganisme dipelajari, dari pendekatan berbasis fenotipe dan kultur menjadi analisis berbasis informasi genetik yang komprehensif dan presisi.

Teknik sekuensing genom, khususnya *whole genome sequencing* (WGS), memungkinkan penentuan urutan nukleotida secara lengkap dari genom mikroorganisme dalam waktu yang relatif singkat dan biaya yang semakin

terjangkau. WGS telah menjadi standar dalam penelitian mikrobiologi untuk karakterisasi strain, identifikasi variasi genetik, serta pelacakan sumber dan penyebaran patogen. Selain itu, pendekatan metagenomik berkembang sebagai metode yang memungkinkan analisis langsung materi genetik dari sampel lingkungan tanpa memerlukan proses kultur. Metagenomik membuka peluang untuk mempelajari mikroorganisme yang tidak dapat dikultur, serta memahami struktur dan fungsi komunitas mikroba dalam berbagai ekosistem, termasuk tanah, air, dan tubuh manusia (Brlek et al., 2024; Dong et al., 2025; Satam et al., 2023).

Setelah data sekuensing diperoleh, tahap krusial berikutnya adalah identifikasi gen dan anotasi genom. Proses ini melibatkan penentuan lokasi gen pengode protein maupun RNA non-koding, serta penugasan fungsi biologis berdasarkan kesamaan sekuens dengan basis data referensi. Anotasi genom memungkinkan prediksi fungsi gen, rekonstruksi jalur metabolik, dan identifikasi gen yang berperan dalam virulensi, resistensi antibiotik, atau produksi metabolit sekunder. Dalam konteks mikrobiologi, anotasi genom yang akurat menjadi fondasi untuk memahami perilaku biologis mikroorganisme dan potensinya dalam aplikasi medis, industri, maupun lingkungan (Ejigu et al., 2020).

Genomik juga memainkan peran penting dalam studi evolusi mikroba melalui pendekatan *comparative genomics*. Dengan membandingkan genom antar strain atau spesies, peneliti dapat mengidentifikasi gen yang bersifat konservatif maupun gen spesifik yang berkaitan dengan adaptasi tertentu. Analisis genom komparatif memungkinkan penelusuran peristiwa evolusioner seperti

duplikasi gen, transfer gen horizontal, dan kehilangan gen, yang sangat umum terjadi pada mikroorganisme. Pendekatan ini memberikan wawasan mengenai dinamika evolusi mikroba serta hubungan filogenetik yang lebih akurat dibandingkan metode berbasis penanda Tunggal (Kasmanas et al., 2025).

Penerapan genomik dalam studi mikroorganisme memiliki implikasi yang luas dalam bidang kesehatan dan bioteknologi. Dalam deteksi patogen, analisis genom memungkinkan identifikasi mikroorganisme secara cepat dan spesifik, termasuk penentuan strain dan sub tipe yang berpotensi menyebabkan wabah. Genomik juga berperan penting dalam pemantauan dan prediksi resistensi antibiotik melalui identifikasi gen resistensi dan mekanisme molekuler yang mendasarinya. Selain itu, informasi genom menjadi dasar bagi rekayasa genetika mikroorganisme, baik untuk tujuan produksi enzim, senyawa bioaktif, maupun pengembangan strain mikroba dengan karakteristik tertentu. Dengan demikian, genomik tidak hanya memperkaya pemahaman dasar tentang mikroorganisme, tetapi juga menjadi alat strategis dalam pengembangan solusi inovatif di bidang kesehatan, industri, dan lingkungan (Bianconi et al., 2023; Burton et al., 2014; Yang 2025).

4. Transkriptomik dan Regulasi Ekspresi Gen

Transkriptomik merupakan cabang *omics* yang berfokus pada analisis keseluruhan molekul RNA yang diekspresikan oleh suatu sel atau organisme pada kondisi tertentu. Berbeda dengan genom yang bersifat relatif statis, transkriptom bersifat dinamis dan sangat dipengaruhi oleh faktor lingkungan, tahap pertumbuhan, serta interaksi

biologis. Dalam studi mikroorganisme, transkriptomik memberikan gambaran langsung mengenai bagaimana informasi genetik diaktifkan dan diatur untuk menghasilkan respons biologis yang spesifik. Pendekatan ini menjadi kunci dalam memahami mekanisme regulasi gen dan adaptasi mikroba terhadap perubahan lingkungan atau tekanan eksternal (Lowe et al., 2017).

Prinsip utama transkriptomik modern didasarkan pada teknologi RNA *sequencing* (RNA-seq), yang memungkinkan kuantifikasi ekspresi gen secara global dengan resolusi tinggi. RNA-seq melibatkan isolasi RNA total atau mRNA, konversi menjadi cDNA, dan sekuensing menggunakan platform *next-generation sequencing*. Data yang dihasilkan kemudian dianalisis melalui tahapan bioinformatika, meliputi pemetaan sekuens ke genom referensi, kuantifikasi tingkat ekspresi gen, serta analisis diferensial untuk mengidentifikasi gen yang mengalami perubahan ekspresi antar kondisi. Pendekatan ini memberikan keunggulan dibandingkan metode sebelumnya, seperti *mikroarray*, karena mampu mendeteksi transkrip baru, RNA non-koding, dan variasi transkripsi dengan akurasi yang lebih tinggi (Antoszewski et al., 2025; Tzec-Interián et al., 2025).

Salah satu aplikasi utama transkriptomik dalam mikrobiologi adalah identifikasi gen-gen yang aktif atau terinduksi pada kondisi tertentu, seperti stres lingkungan, keterbatasan nutrisi, perubahan pH, atau paparan suhu ekstrem. Analisis ekspresi gen diferensial memungkinkan peneliti untuk mengungkap jalur molekuler yang terlibat dalam mekanisme adaptasi dan kelangsungan hidup mikroorganisme. Misalnya, gen yang berperan dalam sistem pertahanan oksidatif, perbaikan DNA, atau

metabolisme alternatif sering kali menunjukkan pola ekspresi yang khas sebagai respons terhadap stres lingkungan. Informasi ini sangat penting untuk memahami fleksibilitas metabolik dan strategi adaptasi mikroba (Poetsch 2020).

Transkriptomik juga berperan penting dalam studi respons mikroorganisme terhadap inang atau agen antimikroba. Dalam konteks patogenesis, analisis transkriptom memungkinkan identifikasi gen virulensi yang diaktifkan selama infeksi, serta mekanisme molekuler yang digunakan mikroba untuk menghindari respons imun inang. Sementara itu, dalam studi resistensi antibiotik, transkriptomik digunakan untuk mengungkap perubahan ekspresi gen yang terkait dengan mekanisme resistensi, seperti peningkatan ekspresi pompa efluks, modifikasi target antibiotik, atau aktivasi jalur stres seluler. Pendekatan ini memberikan wawasan yang lebih mendalam dibandingkan analisis genomik semata, karena tidak semua gen resistensi diekspresikan secara konstitutif (Kirchner et al., 2024; McCarlie et al., 2024).

Integrasi data transkriptomik dan genomik menjadi langkah penting dalam memahami sistem regulasi mikroba secara komprehensif. Genom menyediakan informasi mengenai potensi genetik dan elemen regulatori, seperti promotor dan faktor transkripsi, sedangkan transkriptom mengungkap bagaimana potensi tersebut diwujudkan dalam kondisi tertentu. Dengan menggabungkan kedua pendekatan ini, peneliti dapat membangun model jaringan regulasi gen yang menggambarkan hubungan antara gen, regulator, dan sinyal lingkungan. Dalam kerangka biologi sistem, integrasi genomik dan transkriptomik memungkinkan pemahaman yang lebih holistik tentang

regulasi ekspresi gen, adaptasi mikroba, serta dinamika respons seluler terhadap berbagai tekanan biologis dan lingkungan.

5. Proteomik dan Fungsi Protein Mikroba

Proteomik merupakan pendekatan *omics* yang berfokus pada analisis keseluruhan protein yang diekspresikan oleh suatu sel atau organisme pada kondisi tertentu. Dalam mikrobiologi, proteomik memiliki peran penting karena protein merupakan pelaksana utama fungsi biologis, termasuk katalisis enzimatis, regulasi metabolisme, struktur sel, dan interaksi dengan lingkungan maupun inang. Berbeda dengan genom dan transkriptom, proteom bersifat sangat dinamis dan dipengaruhi oleh regulasi pascatranskripsi, degradasi protein, serta modifikasi pascatranslasi. Oleh karena itu, analisis proteomik memberikan informasi fungsional yang lebih dekat dengan fenotipe aktual mikroorganisme (Gobena et al., 2024; Jitumnong et al., 2025).

Berbagai metode telah dikembangkan untuk analisis proteomik, dengan pendekatan awal yang banyak digunakan adalah *two-dimensional gel electrophoresis* (2D-*gel electrophoresis*). Teknik ini memisahkan protein berdasarkan titik isoelektrik dan berat molekul, sehingga memungkinkan visualisasi dan perbandingan profil protein antar kondisi. Namun, keterbatasan dalam sensitivitas dan cakupan mendorong berkembangnya metode berbasis spektrometri massa, seperti *liquid chromatography-tandem mass spectrometry* (LC-MS/MS). Pendekatan *shotgun proteomics*, yang menggabungkan pemisahan peptida secara kromatografi dengan analisis spektrometri massa, kini menjadi standar dalam studi proteomik karena mampu

mengidentifikasi ribuan protein secara simultan dengan sensitivitas dan resolusi yang tinggi (Marcus et al., 2020; Ranapangu et al., 2025).

Salah satu tujuan utama proteomik adalah identifikasi protein fungsional beserta modifikasi pasca translasi (*post-translational modifications*, PTMs) yang memengaruhi aktivitas, stabilitas, dan interaksi protein. Modifikasi seperti fosforilasi, asetilasi, metilasi, dan glikosilasi berperan penting dalam regulasi fungsi protein mikroba, termasuk pengaturan jalur sinyal dan respons stres. Analisis PTMs memungkinkan pemahaman yang lebih mendalam mengenai mekanisme regulasi yang tidak dapat dijelaskan hanya melalui data genomik atau transkriptomik, serta mengungkap lapisan kontrol tambahan dalam sistem biologis mikroba (Bugyi et al., 2021; Lee et al., 2023).

Proteomik juga berperan penting dalam analisis jalur metabolik dan interaksi antar protein. Dengan memetakan protein yang terlibat dalam suatu jalur metabolisme, peneliti dapat mengidentifikasi jalur yang aktif pada kondisi tertentu serta memahami alur metabolik secara fungsional. Selain itu, analisis interaksi protein-protein memungkinkan penyusunan jaringan molekuler yang menggambarkan koordinasi fungsi biologis dalam sel mikroba. Informasi ini sangat penting dalam konteks biologi sistem, karena interaksi antar protein sering kali menentukan respons seluler terhadap perubahan lingkungan dan tekanan biologis (Al-Amrani et al., 2021; Gobena et al., 2024).

Aplikasi proteomik dalam mikrobiologi sangat luas, terutama dalam penemuan enzim industri dan pengembangan vaksin. Analisis proteomik memungkinkan identifikasi enzim dengan aktivitas spesifik yang berpotensi

dimanfaatkan dalam industri pangan, farmasi, dan bioteknologi, termasuk enzim yang stabil pada kondisi ekstrem. Dalam bidang kesehatan, proteomik digunakan untuk mengidentifikasi protein permukaan atau antigenik mikroorganisme yang berpotensi menjadi kandidat vaksin. Dengan demikian, proteomik tidak hanya berkontribusi pada pemahaman dasar mengenai fungsi protein mikroba, tetapi juga menjadi alat strategis dalam pengembangan aplikasi bioteknologi dan kesehatan berbasis mikroorganisme (Kumar et al., 2025; Zaman et al., 2024).

6. Metabolomik dan Profil Kimiawi Mikroba

Metabolomik merupakan cabang *omics* yang berfokus pada analisis keseluruhan metabolit kecil yang dihasilkan atau digunakan oleh suatu organisme dalam kondisi fisiologis tertentu. Metabolit mencerminkan hasil akhir dari aktivitas genom, transkriptom, dan proteom, sehingga metabolomik sering dianggap sebagai pendekatan yang paling dekat dengan fenotipe aktual suatu sistem biologis. Dalam studi mikroorganisme, analisis metabolomik memungkinkan pemahaman yang lebih mendalam mengenai aktivitas metabolik, respons terhadap lingkungan, serta interaksi mikroba dengan mikroba lain maupun dengan inangnya (Kellogg & Kang 2020).

Berbagai teknik analisis telah dikembangkan untuk mempelajari metabolom, dengan metode yang paling umum meliputi *nuclear magnetic resonance* (NMR), *gas chromatography-mass spectrometry* (GC-MS), dan *liquid chromatography-mass spectrometry* (LC-MS). NMR menawarkan keunggulan dalam reproduktibilitas dan kuantifikasi absolut tanpa memerlukan pemisahan yang kompleks, meskipun sensitivitasnya relatif lebih rendah.

GC-MS banyak digunakan untuk analisis metabolit volatil atau semi-volatil setelah proses derivatisasi, sedangkan LC-MS menjadi metode yang paling fleksibel dan sensitif untuk mendeteksi berbagai kelas metabolit polar maupun non-polar. Kombinasi teknik-teknik ini memungkinkan pemetaan profil kimiawi mikroba secara komprehensif (Hajnajafi & Iqbal 2025).

Hubungan antara metabolit dan aktivitas fisiologis mikroorganisme menjadi fokus utama dalam studi metabolomik. Perubahan komposisi dan konsentrasi metabolit mencerminkan adaptasi mikroba terhadap kondisi lingkungan, seperti ketersediaan nutrisi, stres oksidatif, atau interaksi dengan inang. Metabolit tidak hanya berfungsi sebagai produk akhir metabolisme, tetapi juga sebagai molekul sinyal yang mengatur komunikasi antar sel dan antar spesies. Oleh karena itu, analisis metabolomik memberikan wawasan penting mengenai mekanisme regulasi metabolik dan fungsi fisiologis mikroorganisme dalam berbagai konteks biologis (Chen et al., 2022).

Dalam aplikasi praktis, metabolomik banyak digunakan dalam studi probiotik, mikrobiota, dan bioteknologi pangan. Analisis metabolit yang dihasilkan oleh mikroorganisme probiotik membantu mengidentifikasi senyawa bioaktif yang berkontribusi terhadap kesehatan inang, seperti asam lemak rantai pendek dan metabolit turunan asam amino. Pada studi mikrobiota, metabolomik berperan dalam mengungkap hubungan fungsional antara komposisi komunitas mikroba dan profil metabolit yang dihasilkan dalam suatu ekosistem. Sementara itu, dalam bioteknologi pangan, metabolomik digunakan untuk memantau kualitas produk fermentasi,

mengoptimalkan proses produksi, serta mengidentifikasi senyawa yang memengaruhi karakteristik sensori dan keamanan pangan (O'Connell 2020; Wu et al., 2022).

Pendekatan lanjutan dalam metabolomik mencakup konsep *metabolic fingerprinting* dan *fluxomics* yang bertujuan untuk membandingkan pola metabolit secara global antar kondisi/strain tanpa harus mengidentifikasi seluruh metabolit secara individual, sehingga berguna untuk klasifikasi dan penilaian cepat perubahan metabolik. Di sisi lain, *fluxomics* berfokus pada pengukuran laju aliran metabolit melalui jalur metabolik, yang memberikan informasi dinamis mengenai distribusi dan regulasi fluks metabolik. Integrasi metabolomik, *metabolic fingerprinting*, dan *fluxomics* memungkinkan pemahaman yang lebih komprehensif tentang dinamika metabolisme mikroba dan potensinya untuk dimanfaatkan dalam aplikasi kesehatan, pangan, dan bioteknologi (Kosmides et al., 2013; Wojtowicz & Mlynarz 2016).

7. Mikrobiomik dan Interaksi Ekologis

Mikrobiomik merupakan pendekatan *omics* yang berfokus pada studi komunitas mikroorganisme beserta interaksi dan fungsi kolektifnya dalam suatu ekosistem tertentu. Istilah *microbiome* merujuk pada keseluruhan komunitas mikroba yang hidup pada suatu habitat, termasuk bakteri, archaea, fungi, virus, dan protista, beserta lingkungan dan aktivitas biologisnya. Sementara itu, *metagenome* mengacu pada kumpulan seluruh materi genetik yang berasal dari komunitas mikroba tersebut. Dalam konteks mikrobiologi modern, mikrobiomik menekankan bahwa mikroorganisme tidak berfungsi secara terisolasi, melainkan membentuk jaringan interaksi

ekologis yang kompleks dan dinamis dengan lingkungan maupun organisme inang (Berg et al., 2020; Kumar 2021).

Analisis komunitas mikroba dalam studi mikrobiomik umumnya dilakukan melalui pendekatan sekuensing berbasis gen penanda maupun analisis genom komunitas secara menyeluruh. Teknik sekuensing gen 16S rRNA banyak digunakan untuk karakterisasi komunitas bakteri dan archaea, sedangkan penanda *internal transcribed spacer* (ITS) digunakan untuk analisis komunitas fungi. Pendekatan ini memungkinkan identifikasi dan estimasi kelimpahan relatif takson mikroba dalam suatu sampel. Di sisi lain, *shotgun metagenomics* menawarkan resolusi yang lebih tinggi dengan menganalisis seluruh fragmen DNA dalam sampel, sehingga tidak hanya memberikan informasi taksonomi, tetapi juga potensi fungsional komunitas mikroba. Pendekatan ini semakin banyak digunakan untuk mengungkap kompleksitas struktur dan fungsi ekosistem mikroba (González et al., 2025; Przymus et al., 2025).

Kompleksitas data yang dihasilkan dari studi mikrobiomik menuntut peran bioinformatika yang sangat penting. Bioinformatika digunakan untuk pemrosesan data sekuensing, termasuk penyaringan kualitas, perakitan sekuens, anotasi taksonomi, serta analisis keanekaragaman alfa dan beta. Selain itu, pendekatan komputasi memungkinkan pemodelan interaksi antar mikroba dan hubungan antara komunitas mikroba dengan faktor lingkungan atau inang. Melalui analisis jaringan dan integrasi data *multi-omics*, bioinformatika membantu mengungkap pola ekologis dan fungsi kolektif mikrobiota yang tidak dapat diamati secara langsung melalui metode konvensional (Gao et al., 2021; Pérez-Cobas et al., 2020; Santos et al., 2025).

Dampak studi mikrobiomik terhadap pemahaman kesehatan manusia, lingkungan, dan pertanian sangat signifikan. Dalam bidang kesehatan, analisis mikrobiota manusia telah mengungkap peran penting komunitas mikroba dalam pencernaan, regulasi sistem imun, serta patogenesis berbagai penyakit. Ketidakseimbangan mikrobiota atau disbiosis sering dikaitkan dengan gangguan metabolik, inflamasi, dan infeksi. Dalam konteks lingkungan, mikrobiomik berkontribusi pada pemahaman siklus biogeokimia, degradasi polutan, dan stabilitas ekosistem. Sementara itu, dalam bidang pertanian, studi mikrobiom tanah dan tanaman membantu mengidentifikasi mikroba yang berperan dalam kesuburan tanah, pertumbuhan tanaman, dan ketahanan terhadap penyakit. Dengan demikian, mikrobiomik tidak hanya memperluas wawasan tentang interaksi ekologis mikroorganisme, tetapi juga menyediakan dasar ilmiah bagi pengembangan strategi berkelanjutan di bidang kesehatan, lingkungan, dan pertanian (Ma et al., 2023; Ogunrinola et al., 2020; Panthee et al., 2022).

8. Integrasi *Multi-Omics* dan Pendekatan Sistemik

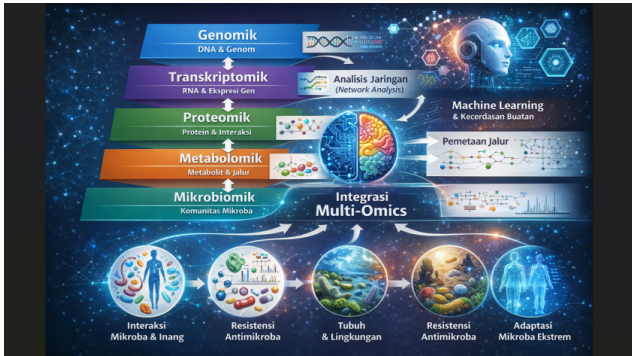
Integrasi *multi-omics* merupakan pendekatan kunci dalam biologi sistem yang bertujuan untuk menggabungkan informasi dari berbagai tingkat molekuler, seperti genomik, transkriptomik, proteomik, metabolomik, dan mikrobiomik, guna memperoleh pemahaman yang komprehensif terhadap sistem biologis. Meskipun menawarkan potensi analitis yang besar, integrasi data *omics* menghadapi berbagai tantangan, termasuk perbedaan skala dan format data, kebutuhan akan normalisasi yang tepat, serta keterbatasan interoperabilitas

antar platform dan basis data. Kompleksitas ini menuntut pengembangan metode komputasi dan bioinformatika yang mampu menyelaraskan data heterogen secara akurat dan bermakna secara biologis (Luo et al., 2024; Pinu et al., 2019).

Berbagai strategi integratif telah dikembangkan untuk mengatasi tantangan tersebut, di antaranya analisis jaringan (*network analysis*), pemetaan jalur biologis (*pathway mapping*), dan penerapan *machine learning*. Analisis jaringan memungkinkan visualisasi dan identifikasi hubungan antar komponen molekuler dalam suatu sistem, sedangkan pemetaan jalur biologis membantu mengaitkan perubahan molekuler dengan fungsi seluler tertentu. Pendekatan *machine learning* semakin banyak digunakan untuk mengekstraksi pola kompleks dari data *multi-omics* dan membangun model prediktif yang mendukung eksplorasi mekanisme biologis yang sulit diidentifikasi secara konvensional (Picard et al., 2021; Pinu et al., 2019).

Penerapan integrasi *multi-omics* telah memberikan wawasan baru dalam berbagai studi kasus mikrobiologi, seperti interaksi antara mikroba dan inang, adaptasi mikroorganisme ekstrem terhadap lingkungan yang keras, serta mekanisme resistensi antimikroba. Dengan menggabungkan data dari berbagai lapisan *omics*, peneliti dapat mengungkap hubungan sebab-akibat yang lebih mendalam antara perubahan genetik, regulasi ekspresi, aktivitas protein, dan dinamika metabolik. Lebih lanjut, pendekatan ini membuka peluang bagi pengembangan personalisasi terapi berbasis mikrobiota, di mana intervensi dapat disesuaikan dengan profil molekuler individu atau komunitas mikroba tertentu. Dengan demikian, integrasi *multi-omics* menjadi fondasi penting

bagi pengembangan strategi diagnostik dan terapeutik yang lebih presisi di masa depan (Baião et al., 2025; Fan et al., 2025; Sanches et al., 2024).



Gambar 37. Integrasi Multi-Omics & Sistem Biologi

9. Prospek dan Tantangan Masa Depan

Perkembangan pesat kecerdasan buatan, *deep learning*, dan teknologi big data diperkirakan akan semakin memperkuat peran bioinformatika dalam analisis mikroorganisme. Algoritma pembelajaran mendalam memungkinkan pemodelan pola biologis yang kompleks dari data *multi-omics* dan mikrobiomik dalam skala besar, termasuk prediksi fungsi gen, interaksi mikroba, dan dinamika ekosistem mikroba. Dalam konteks mikrobiologi, pendekatan berbasis AI berpotensi meningkatkan akurasi analisis metagenomik, mempercepat penemuan biomarker mikroba, serta mendukung pengambilan keputusan berbasis data dalam bidang kesehatan, lingkungan, dan industri.

Bioinformatika prediktif juga menjadi fondasi penting dalam pengembangan *synthetic biology*, khususnya untuk desain dan optimasi mikroba sintesis dengan fungsi yang

terkontrol. Melalui pemodelan komputasional dan simulasi sistem biologis, peneliti dapat merancang jalur metabolik baru, memodifikasi regulasi gen, serta memprediksi stabilitas dan kinerja mikroba sebelum eksperimen dilakukan. Pendekatan ini tidak hanya meningkatkan efisiensi penelitian, tetapi juga mengurangi biaya dan risiko dalam pengembangan aplikasi mikroba untuk produksi bioenergi, farmasi, dan bioteknologi berkelanjutan.

Di sisi lain, kemajuan bioinformatika menghadirkan tantangan signifikan, terutama terkait etika, keamanan data, dan kesenjangan infrastruktur. Data genom dan mikrobiom, khususnya yang berkaitan dengan manusia dan lingkungan, menimbulkan isu privasi dan kepemilikan data yang perlu dikelola secara hati-hati. Negara berkembang juga menghadapi keterbatasan dalam akses infrastruktur komputasi, sumber daya manusia terlatih, dan konektivitas data, yang dapat menghambat partisipasi dalam riset bioinformatika global. Oleh karena itu, pengembangan kebijakan, kapasitas, dan kolaborasi internasional menjadi aspek krusial dalam memastikan pemanfaatan bioinformatika yang adil dan berkelanjutan.

Arah pengembangan bioinformatika dalam mikrobiologi diproyeksikan menuju konsep *precision microbiomics*, *eco-informatics*, dan *digital twin biology* di masa depan. *Precision microbiomics* menekankan pemanfaatan profil mikrobiota secara individual atau spesifik ekosistem untuk intervensi yang lebih tepat sasaran, sementara *eco-informatics* mengintegrasikan data biologis dan lingkungan untuk memahami dinamika ekosistem secara holistik. Konsep *digital twin biology* membuka kemungkinan penciptaan model virtual sistem biologis yang merepresentasikan kondisi nyata, sehingga

memungkinkan simulasi dan prediksi respons mikroba terhadap berbagai skenario. Dengan demikian, masa depan bioinformatika menjanjikan pendekatan yang semakin presisi, prediktif, dan terintegrasi dalam memahami serta memanfaatkan mikroorganisme.

Bioinformatika dan pendekatan *omics* telah merevolusi cara dunia mikroba dipahami, dari analisis komponen molekuler secara terpisah menuju pemahaman sistem biologis yang utuh dan dinamis. Integrasi genomik, transkriptomik, proteomik, metabolomik, dan mikrobiomik memungkinkan eksplorasi potensi genetik, regulasi fungsi, interaksi ekologis, serta implikasi mikroorganisme dalam kesehatan, lingkungan, dan bioteknologi secara lebih komprehensif dan presisi. Keberhasilan pendekatan ini sangat bergantung pada kolaborasi lintas disiplin antara mikrobiologi, bioinformatika, ilmu komputer, matematika, dan ilmu data, yang secara kolektif mendorong inovasi metodologis dan interpretasi biologis yang lebih mendalam. Dengan sinergi multidisipliner yang berkelanjutan, bioinformatika dan *omics* akan terus menjadi pondasi utama dalam pengembangan riset mikrobiologi modern dan aplikatif di masa depan.

BAB 9

ARAH MASA DEPAN: INTEGRASI BIOTEKNOLOGI MIKROORGANISME UNTUK KEHIDUPAN BERKELANJUTAN

Peradaban manusia kini memasuki sebuah era di mana prinsip keberlanjutan tidak lagi sekadar opsi, melainkan sudah menjadi kebutuhan mendasar. Berbagai tantangan global yang semakin kompleks mulai dari perubahan iklim dan degradasi lingkungan, ketidakpastian ketahanan pangan, ketimpangan sosial-ekonomi, krisis energi, hingga konflik geopolitik, kemanusiaan, dan ancaman kesehatan dunia menuntut hadirnya solusi ilmiah yang inovatif. Dalam konteks inilah bioteknologi berbasis mikroorganisme muncul sebagai pendekatan yang memiliki potensi besar untuk menjawab beragam persoalan tersebut. Mikroorganisme, sebagai organisme yang memiliki peran vital dan kehidupan di bumi, memiliki potensi besar untuk menjadi fondasi teknologi masa depan. Mereka berperan dalam siklus karbon, nitrogen, sulfur, serta proses biodegradasi alami. Mikroorganisme dengan kemampuan metabolik yang luar biasa, keragaman biologis yang tinggi, serta fleksibilitas dalam rekayasa molekuler menjadikan mereka aktor utama dalam inovasi bioteknologi masa depan. Dengan rekayasa bioteknologi, potensi tersebut

dapat ditingkatkan menjadi aplikasi industri, lingkungan, dan medis yang lebih efektif serta ramah lingkungan.



Gambar 38. Gambar 9.1 Lima sub-kelompok tujuan pembangunan berkelanjutan
(Sumber: Akinsemolu, 2018)

Peran penting mikroorganisme dalam pembangunan berkelanjutan menyoroti kapasitas mereka dalam upaya mitigasi perubahan iklim, pengembangan teknologi produksi yang ramah lingkungan, peningkatan hasil pertanian, serta penyediaan peluang ekonomi baru. Pemanfaatan teknologi berbasis mikroorganisme yang berorientasi pada keberlanjutan masih dapat terus dioptimalkan. Pemanfaatan tersebut membawa keuntungan seperti metode produksi yang lebih bersih, pemanfaatan sumber daya terbarukan, dan berkontribusi di bidang kesehatan. Dengan langkah yang tepat, tujuan untuk mewujudkan proses produksi yang lebih bersih dan

pembangunan berkelanjutan melalui pendekatan bioteknologi hijau masih sangat mungkin dicapai.

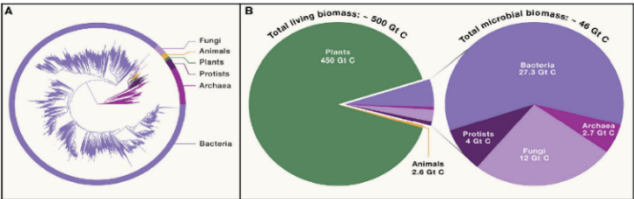
Meskipun pendekatan berbasis mikroorganisme menunjukkan hasil yang sangat menjanjikan, biaya implementasi pada skala industri serta kompleksitas metodologi produksinya masih menjadi kendala utama dalam penerapan teknologi tersebut. Inovasi dalam pengembangan teknologi yang lebih efisien dan berbiaya rendah untuk mendukung proses produksi mikroorganisme berpotensi menjadi terobosan besar, sekaligus membuka jalan menuju sebuah “revolusi mikroba” yang mampu mengurangi berbagai permasalahan lingkungan. Namun, pencapaian ini tidak akan terwujud tanpa penyelesaian hambatan di tingkat nasional, terutama terkait peningkatan infrastruktur dan penguatan kebijakan pendukung. Diperlukan upaya yang lebih intensif serta kolaborasi luas pada skala internasional. Langkah-langkah kolektif ini diyakini akan menghasilkan teknologi produksi yang lebih bersih, solusi yang berkelanjutan, dan terciptanya ekosistem yang lebih seimbang dan lestari.

1. Mengapa Mikroorganisme Penting?

Mikroorganisme adalah kelompok organisme yang berukuran sangat kecil sehingga mayoritas dari mereka hanya bisa dilihat dengan menggunakan mikroskop. Mikroorganisme merupakan kelompok yang beragam, meliputi bakteri, fungi, dan protista, serta dapat ditemukan hampir di seluruh lingkungan di bumi, bahkan di tempat yang ekstrem sekalipun. Luasnya habitat mikroorganisme menjadikan keberadaannya sangat berperan dalam mempertahankan kehidupan makhluk hidup. Mikroorganisme berfungsi sebagai fondasi utama yang

menopang ekosistem, berkontribusi dalam berbagai siklus biogeokimia, serta menjadi elemen penting dalam perkembangan bioteknologi modern. Tanpa mikroorganisme, bentuk kehidupan sebagaimana yang kita kenal saat ini tidak mungkin dapat bertahan.

Kemunculan mikroorganisme lebih dari tiga miliar tahun lalu telah menjadi fondasi utama bagi terbentuknya planet ini dan memungkinkan munculnya seluruh bentuk kehidupan lainnya. Hingga kini, mikroorganisme dikenal sebagai kelompok organisme paling beragam di Bumi, diperkirakan mencakup lebih dari 99% total spesies yang ada. Mereka dapat ditemukan di hampir semua jenis habitat, mulai dari dasar palung laut terdalam hingga saluran pencernaan manusia. Keunikan kemampuan katalitik yang dimiliki mikroorganisme menjadikan mereka penggerak utama dalam berbagai siklus unsur penting seperti hidrogen, karbon, nitrogen, fosfor, oksigen, dan sulfur yang menopang keberlangsungan kehidupan di planet ini. Sebagaimana mikrobioma manusia berperan vital dalam menjaga fungsi tubuh individu, mikrobioma global menjadi kunci dalam mempertahankan fungsi sistem planet secara keseluruhan.



Gambar 39. Kontribusi mikroorganisme terhadap pohon kehidupan dan biomassa kehidupan global

(Sumber : Crowther *et al*, 2024)

Dalam bidang lingkungan, mikroorganisme menjadi pemain utama dalam proses dekomposisi dan daur ulang nutrisi. Mikroorganisme mampu menguraikan bahan organik, mendaur ulang unsur hara seperti nitrogen dan karbon kembali ke tanah, sehingga sangat penting untuk pertumbuhan tanaman dan kesehatan ekosistem di sekitarnya. Mikroorganisme fotosintetik, seperti *cyanobacteria* dan fitoplankton, merupakan pemasok awal oksigen dalam jumlah yang signifikan dan menjadi dasar bagi kehidupan organisme aerobik di bumi.

Mikroorganisme juga berperan sebagai agen bioremediasi dan pengolahan limbah, membersihkan lingkungan yang terkontaminasi oleh polutan tertentu serta memecah limbah dan menjadikannya menjadi komponen yang lebih sederhana dan tidak berbahaya. Di bidang pangan, mikroorganisme telah terbukti banyak berperan menghasilkan makanan dan minuman melalui proses fermentasi seperti keju, yogurt, roti, anggur, dan bir, sekaligus mampu meningkatkan kualitas rasa, nutrisi, dan masa simpannya. Produk enzim dari mikroorganisme juga banyak di aplikasikan dalam industri pangan sebagai sumber probiotik yang bermanfaat bagi kesehatan manusia. Di bidang kesehatan, tidak dapat dipungkiri bahwa mikroorganisme telah banyak digunakan untuk produksi obat-obatan seperti antibiotik dan vaksin. Selain itu, mikroorganisme yang hidup secara alami di tubuh kita juga berperan sangat penting dalam sistem pencernaan, produksi vitamin, dan menjaga sistem kekebalan tubuh. Kemampuan mikroorganisme dalam menghasilkan senyawa bioaktif juga menjadikannya banyak di aplikasikan di bidang pertanian dan industri. Di bidang pertanian, mikroorganisme digunakan sebagai agen pengendali hayati

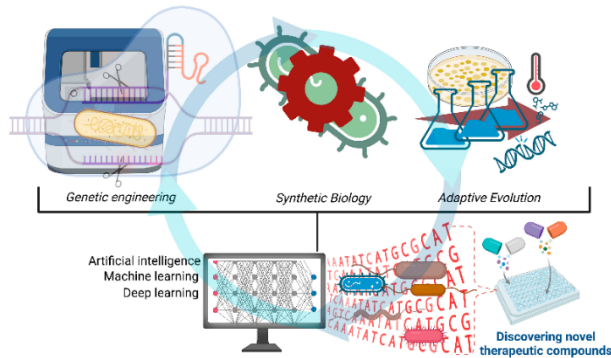
untuk menekan pertumbuhan bakteri patogen dan meminimalisir penggunaan pestisida kimia. Selain itu, bakteri seperti rhizobium juga sangat penting bagi pertanian karena membantu menyuburkan tanah dengan mengubah nitrogen bebas di atmosfer menjadi bentuk yang dapat diserap oleh tanaman. Di bidang industri, mikroorganisme banyak digunakan dalam produksi enzim, biofuel, biokonversi, energi, serta senyawa bioaktif lainnya yang bermanfaat bagi lingkungan dan kesehatan manusia.

2. Mikroorganisme Sebagai Platform Teknologi Masa Depan

Teknologi mikroorganisme memainkan peran penting di masa depan terutama dalam mendorong pembangunan berkelanjutan di berbagai industri dan aplikasi. Mikrobiologi Hijau (*Green Microbiology*) merupakan pendekatan ilmiah mikrobiologi yang berfokus pada pemanfaatan mikroorganisme untuk mendukung pembangunan berkelanjutan, mengurangi dampak lingkungan, serta menggantikan proses industri yang tidak ramah lingkungan. Konsep ini sejalan dengan prinsip *green technology*, *green chemistry*, dan *sustainable development*.

Mikrobiologi hijau berfokus pada upaya menekan dampak lingkungan dari aktivitas industri melalui pemanfaatan teknologi berbasis mikroorganisme. Pendekatan ini mencakup penerapannya dalam berbagai bidang, seperti produksi pangan, penyediaan energi terbarukan, pengelolaan limbah secara berkelanjutan, serta proses bioremediasi untuk memulihkan ekosistem yang terkontaminasi. Tujuan utamanya adalah mendorong penerapan praktik berkelanjutan melalui pemanfaatan mikroorganisme dalam berbagai industri, sehingga mampu

menyediakan beragam solusi yang lebih ramah lingkungan bagi berbagai sektor.



Gambar 40. Integrasi inovasi teknologi terbaru dalam teknik rekayasa mikroorganisme guna mendukung aplikasi farmasi

(Sumber : Sadanov *et al.*, 2025)

Pemanfaatan sel mikroorganisme sebagai pabrik hayati merupakan pendekatan yang sangat potensial untuk memproduksi berbagai senyawa bernilai tinggi dari bahan baku terbarukan. Meskipun demikian, pengembangan dan rekayasa pabrik sel mikroorganisme masih menghadapi sejumlah tantangan penting. Tantangan tersebut mencakup kebutuhan untuk memahami secara mendalam jalur biosintesis yang dimiliki mikroorganisme, mengenali bagian jalur yang menjadi titik hambatan (*bottleneck*), meningkatkan ketahanan strain terhadap berbagai kondisi stres, serta meminimalkan beban metabolik melalui pemanfaatan konsorsium mikroorganisme sintesis. Dalam proses produksi bahan kimia dan material berbasis hayati, mikroorganisme dimanfaatkan pada kondisi yang aman tanpa keterlibatan pelarut berbahaya maupun katalis

berbasis logam. Pasar global untuk produk kimia berbasis hayati juga diproyeksikan meningkat secara signifikan, sehingga menegaskan pentingnya pengembangan galur mikroorganisme yang mampu menghasilkan produk secara lebih efisien.

Mikroorganisme dapat memainkan peran penting dalam memajukan tujuan pembangunan berkelanjutan yang ditetapkan oleh Perserikatan Bangsa-Bangsa (PBB), yaitu mencakup pertumbuhan lingkungan, sosial, dan ekonomi. Mengintegrasikan teknologi mikroorganisme merupakan salah satu inovasi yang dapat dilakukan untuk mengatasi tantangan global yang signifikan terkait penipisan sumber daya dan keberlanjutan lingkungan, seperti ketahanan pangan, penyediaan layanan kesehatan, peningkatan kesejahteraan, dan pengembangan energi hijau. Pengetahuan masyarakat akan menjadi sangat penting untuk bagaimana dapat memanfaatkan mikroorganisme secara cerdas untuk pembangunan berkelanjutan. Sehingga, teknologi mikroorganisme akan memiliki dampak substansial terhadap pembangunan berkelanjutan di berbagai sektor dan menawarkan potensi besar untuk mengatasi tantangan global terkait penipisan sumber daya dan keberlanjutan lingkungan.

3. Peran Mikroorganisme Dalam Pertanian Berkelanjutan

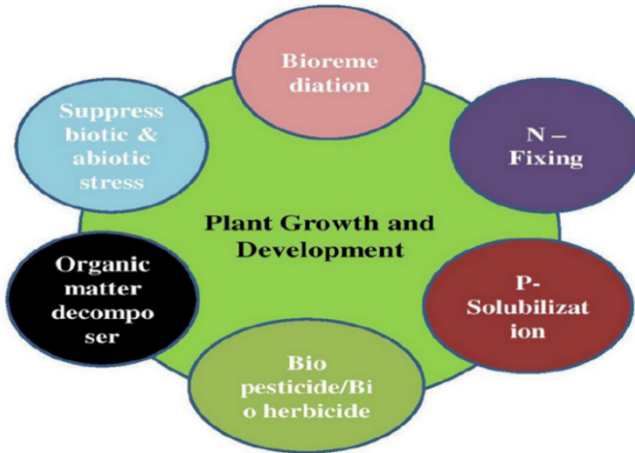
Pertanian berkelanjutan merupakan sistem pertanian yang menerapkan prinsip-prinsip ekologi, studi tentang hubungan antara organisme dengan lingkungan sekitarnya. Sistem ini berfokus pada pemberdayaan petani untuk bisa melestarikan sumber daya alam yang ada seperti tanah dan air, sekaligus mengurangi penggunaan zat kimia dan limbah

yang berbahaya bagi lingkungan. Indonesia sebagai salah satu negara yang memiliki keanekaragaman hayati terbesar di dunia, memiliki peran sentral dalam sektor pertanian dunia. Sektor pertanian ini juga menjadi pilar penting bagi kemajuan perekonomian yang meliputi subsektor perkebunan, peternakan, perikanan, serta tanaman pangan. Saat ini, pertanian berkelanjutan menghadapi tantangan yang saling berkaitan terkait kondisi ekologis, sosial, dan ekonomi.

Degradasi lahan, krisis air, perubahan iklim, ketergantungan pada zat kimia, serangan hama dan penyakit, serta adanya praktik monokultur merupakan beberapa contoh tantangan multidimensi yang dihadapi pertanian berkelanjutan. Tantangan ini semakin berat karena adanya kebijakan yang tidak konsisten dan justru tidak mendukung adanya praktik ramah lingkungan. Pertanian berkelanjutan membutuhkan pendekatan yang lebih integratif terutama menggabungkan inovasi di bidang teknologi, pengelolaan sumber daya alam yang bijak, serta kebijakan yang mendukung praktik alami untuk keberhasilan pertanian di masa depan.

Keberadaan mikroorganisme menjadi sumber daya terbaik dan memegang peranan yang fundamental dalam mewujudkan pertanian berkelanjutan. Mikroorganisme berfungsi sebagai penggerak utama dalam berbagai proses biologis di dalam tanah. Mikroorganisme juga dapat menyediakan data yang berguna untuk mempelajari peristiwa lingkungan, baik terapan maupun dasar. Seiring kemajuan teknologi, berbagai macam perangkat molekuler telah dikembangkan untuk mempelajari keanekaragaman komunitas dan struktur mikroorganisme di alam. Beberapa bukti yang ada menunjukkan bahwa aktivitas antropogenik

seperti sistem tanaman monokultur, pertanian intensif, serta penggunaan agrokimia telah memengaruhi keanekaragaman mikroorganisme dan fungsi ekosistem.



Gambar 41. Peran mikrobioma dalam pertanian berkelanjutan

(Sumber : Suman *et al.*, 2022)

Agroekosistem memiliki sejumlah variabel dinamis yang berperan dalam membentuk pola serta tingkat keanekaragaman mikroorganisme. Karena itu, memahami hubungan antara berbagai faktor ekologis dan dampaknya terhadap ekosistem menjadi sangat penting. Beragam praktik pengelolaan tanah dapat memodifikasi keragaman serta aktivitas mikroorganisme tanah, yang pada akhirnya turut menentukan tingkat produktivitas tanaman. Perubahan dalam pengelolaan tanah, pengelolaan residu, dan praktik rotasi tanaman menyebabkan perubahan besar dalam kekayaan dan keseragaman spesies, termasuk hama dan mikroorganisme bermanfaat. Pemeliharaan komunitas

mikroorganisme yang beragam dan fungsional sangat penting untuk mewujudkan ekosistem dan pertanian berkelanjutan. Hal tersebut dapat dicapai melalui rekayasa tanah, interaksi mikroorganisme dengan tanaman, dan sistem produksi tanaman.

Sistem pertanian tradisional, seperti penggunaan pupuk kimia, fungisida, pestisida, dan herbisida, bermanfaat dalam melindungi tanaman pangan dari patogen dan memastikan hasil panen yang lebih baik. Namun, senyawa kimia yang terdapat dalam bahan kimia pertanian dapat berbahaya bagi lingkungan dan menyebabkan polusi pada tanah, air, dan atmosfer. Senyawa – senyawa tersebut juga menjadi penyebab banyaknya organisme mati dan punah, serta mengancam keanekaragaman hayati bakteri tanah dan komunitas jamur.

Populasi dunia diperkirakan akan mencapai 9,7 miliar pada tahun 2050, dengan peningkatan permintaan terbesar pada pangan dan air. Dalam menghadapi pertumbuhan populasi dunia dan permintaan pangan yang semakin meningkat, penggunaan bioinokulan dapat menjadi salah satu solusi alternatif yang ramah lingkungan. Bioinokulan merupakan agen pupuk hayati yang mengandung mikroorganisme hidup, seperti bakteri atau jamur, yang bermanfaat untuk meningkatkan pertumbuhan tanaman, memperbaiki kesehatan tanah, atau melindungi tanaman dari penyakit.

Bioinokulan dapat menjadi salah satu inovasi pertanian berkelanjutan karena dapat menyuburkan tanaman secara alami dan mengurangi ketergantungan pada pupuk dan pestisida kimia. Inovasi ini mendukung pertanian organik dan mengurangi dampak negatif

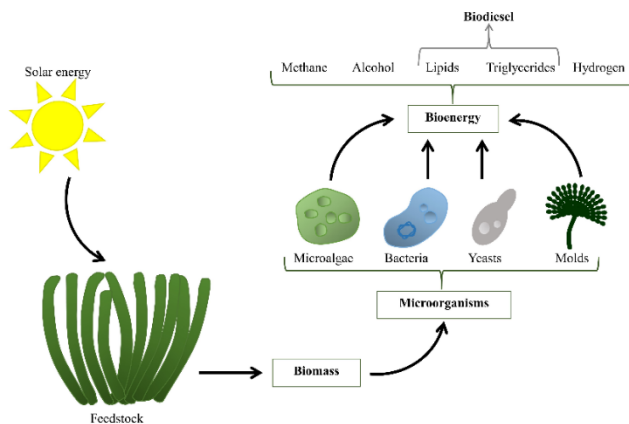
terhadap lingkungan, sehingga menghasilkan sistem pertanian yang lebih ramah lingkungan, efisien, dan produktif untuk jangka panjang.

4. Mikroorganisme Sebagai Sumber Energi Terbarukan

Meningkatnya populasi global dan industrialisasi berimbas kepada meningkatnya permintaan energi yang menarik perhatian besar di seluruh dunia. Dalam skenario saat ini, dunia sedang mengalami krisis energi yang sangat besar sebagai akibat dari terbatasnya ketersediaan sumber daya energi konvensional dan menipisnya bahan bakar fosil tak terbarukan secara cepat. Penggunaan sumber energi fosil berdampak negatif terhadap stabilitas ekonomi dan sosial-politik suatu wilayah dan negara, menyebabkan perubahan lingkungan akibat emisi gas rumah kaca. Selain itu, cadangan energi mineral terbatas, sehingga mendorong permintaan akan jenis dan bentuk energi baru. Oleh karena itu, terdapat kebutuhan mendesak untuk mengeksplorasi bahan bakar terbarukan alternatif yang dapat memenuhi kebutuhan energi populasi yang terus bertambah dan mengatasi masalah lingkungan seperti perubahan iklim, emisi gas rumah kaca, pemanasan global, polusi udara, dan lain sebagainya.

Penggunaan mikroorganisme seperti bakteri telah menarik minat yang signifikan di era terkini dan menjadi salah satu alat yang bisa digunakan untuk mengonversi energi kimia yang tersimpan dalam senyawa organik menjadi energi terbarukan. Fleksibilitas mikroorganisme dalam menghasilkan bahan bakar energi terbarukan dari beragam substrat biologis dan biomassa dapat mengurangi kekhawatiran dan memberikan manfaat yang signifikan.

Sebagai contoh, kemampuan mikroorganisme dalam mengubah karbohidrat menjadi berbagai bentuk produk metabolik seperti alkohol, asam organik, gas, enzim, dan biofuel. Menggunakan mikroorganisme sebagai agen untuk produksi energi terbarukan dapat menjadi teknologi mutakhir berkat keandalannya, efisiensinya yang tinggi, kebersihannya, dan produksinya yang minim toksik atau bahkan tidak toksik.



Gambar 42. Mikroorganisme sebagai sumber energi baru

(Sumber : Talapko et al, 2022)

Mikroorganisme mampu menghasilkan energi dari substrat dan biomassa, yaitu dari zat-zat di lingkungan mikro, untuk mempertahankan metabolisme dan kehidupannya. Biomassa merupakan sumber energi terbarukan dan merupakan alternatif bagi sumber energi fosil. Mikroorganisme juga mampu menghasilkan metabolit tertentu sebagai respon terhadap perubahan yang terjadi pada lingkungan. Mikroorganisme seperti *cyanobacteria*

dapat menguraikan air menjadi oksigen melalui proses fotosintesis oksigenik. Kelompok bakteri *methanobacterium* dikenal karena kemampuannya dalam mendegradasi polutan limbah organik menjadi senyawa energi yang sangat kuat seperti metana. Dengan demikian, sifat genotipik dan fenotipik dari banyak spesies mikroorganisme dapat mengarahkan kepada produksi produk energi ke teknologi yang efisien serta ramah lingkungan.

Teknologi produksi energi saat ini menjadi hambatan besar secara teknik, lingkungan, dan finansial. Secara teknis dan finansial, produksi energi memerlukan investasi yang signifikan mulai dari penelitian awal, adaptasi teknologi baru, hingga tahap produksi energi. Dalam aspek lingkungan, pencemaran dan kerusakan ekosistem menjadi hal yang perlu diperhatikan. Namun, penggunaan polutan alami seperti mikroorganisme ini dalam hal kuantitas dan dampak lingkungan, secara signifikan mengurangi efek negatif yang dihasilkan dari bahan bakar fosil yang sering kali belum dapat terpecahkan. Salah satu teknologi yang dikembangkan yaitu biorefineri menggunakan mikroorganisme untuk mengubah biomassa menjadi energi terbarukan yang bernilai tinggi (bioenergi).

Penelitian tentang bioenergi menarik untuk digali lebih dalam karena merupakan strategi awal untuk menemukan biorefineri yang hemat biaya dan menghasilkan energi bersih, sehingga dapat mengurangi tingkat polusi udara, air, dan juga tanah. Beberapa mikroorganisme dapat memperoleh karakter baru melalui intervensi genetik untuk menghasilkan energi dalam jumlah yang signifikan. Mikroorganisme dapat mengubah paradigma di lingkungan dan membuka banyak peluang

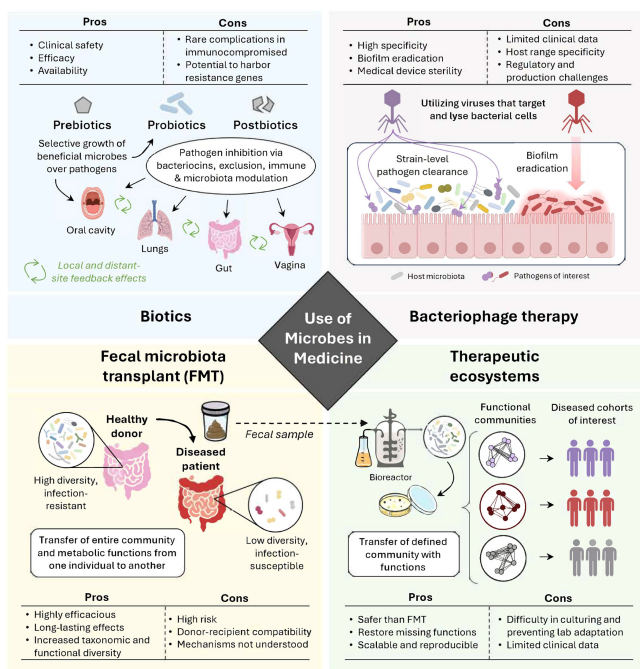
untuk menghasilkan sumber energi baru yang berdampak signifikan terhadap iklim.

5. Peran Mikroorganisme Dalam Kesehatan Dan Kedokteran

Tubuh manusia merupakan habitat alami dari triliunan mikroorganisme yang disebut mikrobiota. Mereka tersebar di berbagai lokasi yang menyediakan kondisi sesuai untuk pertumbuhan, terutama pada usus, kulit, saluran pernapasan, dan alat reproduksi. Meskipun sering kali dikaitkan dengan penyakit, namun sebagian besar mikroorganisme ini bersifat menguntungkan dan sangat penting bagi kesehatan. Mikrobiota pada tubuh memiliki fungsi penting diantaranya mendukung sistem pencernaan dan penyerapan nutrisi, mengatur sistem imun dan melindungi dari patogen, serta berperan dalam metabolisme tubuh. Dalam aspek kesehatan dan kedokteran, mikroorganisme memiliki peran yang sangat penting. Saat ini banyak diantara mereka yang dimanfaatkan untuk memproduksi obat – obatan seperti antibiotik dan vaksin, membantu menjaga kesehatan sistem pencernaan, mendiagnosis penyakit tertentu, dan menghasilkan terapi medis yang menyelamatkan nyawa.

Selama dua dekade terakhir, kemajuan teknologi sekuensing DNA telah membuka pemahaman yang jauh lebih mendalam mengenai keragaman dan dinamika komunitas mikroorganisme dalam tubuh manusia. Wawasan baru ini meningkatkan kekhawatiran tentang bagaimana penggunaan antibiotik dapat mengganggu ekosistem mikroorganisme yang kompleks dalam mikrobiota. Bersamaan dengan meningkatnya ancaman resistensi antibiotik, kondisi ini mendorong perhatian yang

lebih besar untuk meneliti potensi mikroorganisme sebagai dasar terapi baru yang mampu mengobati penyakit atau meningkatkan kesehatan, sehingga dapat menjadi alternatif yang lebih aman dibandingkan pengobatan antibiotik konvensional.



Gambar 43. Ilustrasi skematis yang menampilkan berbagai pendekatan dalam memanfaatkan mikroorganisme sebagai obat
(Sumber : Daisley & Allen-Vercoe 2024)

Perkembangan terapi berbasis mikroorganisme saat ini menunjukkan kemajuan yang sangat pesat. Mulai dari penggunaan probiotik hingga pendekatan rekayasa

ekosistem mikroorganisme yang lebih kompleks, para peneliti terus menggali berbagai strategi inovatif untuk memanfaatkan mikroorganisme dalam praktik medis. Pendekatan-pendekatan ini tidak hanya berfokus pada pemanfaatan mikroorganisme sebagai agen terapi, tetapi juga menelaah bagaimana intervensi tersebut memengaruhi homeostasis mikrobiota dan hasil kesehatan secara keseluruhan melalui sudut pandang ekologi mikroorganisme.

Selain itu, muncul gagasan menarik mengenai “*rewilding*” mikrobiota manusia, yaitu mengembalikan mikroorganisme yang hilang akibat pola hidup modern dengan memperkenalkan kembali mikroorganisme yang umum ditemukan pada populasi non-industri. Upaya ini dilengkapi dengan pengembangan terapi mikrobiota yang disesuaikan dengan komposisi mikroorganisme unik tiap individu manusia. Bersama-sama, konsep ini membuka berbagai peluang baru untuk penelitian dan inovasi di masa mendatang. Kemajuan teknologi sekuensing DNA yang semakin canggih, dikombinasikan dengan berbagai bentuk terapi mikroorganisme modern serta pendekatan medis yang lebih personal, menandai dimulainya era baru dalam pengobatan. Era ini berpotensi besar menjadi solusi terhadap meningkatnya resistensi antibiotik sekaligus meningkatkan kualitas kesehatan melalui pengelolaan mikrobiota yang lebih terarah dan presisi.

6. Mikroorganisme Dalam Pengelolaan Lingkungan

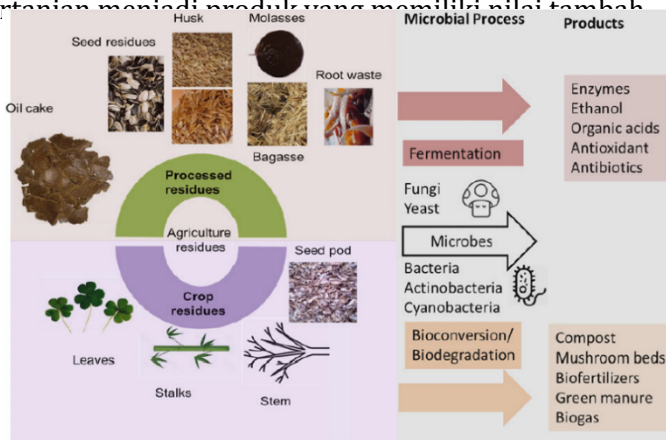
Mikroorganisme adalah makhluk hidup “ubiquitous”, yang berarti mikroorganisme dapat ditemukan hampir di setiap tempat di bumi, dan keberadaan mereka selalu

memengaruhi lingkungan tempat mereka tumbuh. Pengaruh mikroorganisme terhadap lingkungan dapat menguntungkan, merugikan, atau tidak terlihat dalam pengukuran dan pengamatan manusia. Peran mikroorganisme yang paling signifikan di bumi adalah kemampuannya dalam mendaur ulang unsur – unsur utama yang membentuk semua sistem kehidupan, terutama karbon, nitrogen, dan oksigen. Proses fiksasi CO_2 menghasilkan sebagian besar karbon organik yang tersedia untuk sintesis materi sel. Proses ini melibatkan mikroorganisme fotosintetik yang menyerap CO_2 dari atmosfer dan mengubahnya menjadi bahan organik.

Dekomposisi atau biodegradasi oleh mikroorganisme juga menghasilkan pemecahan bahan organik kompleks menjadi bentuk karbon lain yang dapat digunakan oleh organisme lain. Melalui proses metabolisme mikroorganisme berupa fermentasi dan respirasi, molekul organik pada akhirnya dipecah menjadi CO_2 yang dikembalikan ke atmosfer untuk proses produksi primer yang berkelanjutan. Fiksasi nitrogen biologis adalah proses yang hanya ditemukan pada beberapa bakteri yang menyerap N_2 dari atmosfer dan mengubahnya menjadi amonia (NH_3) untuk digunakan oleh tumbuhan dan hewan. Fiksasi nitrogen juga merupakan proses untuk mengisi kembali nitrogen tanah yang hilang oleh proses pertanian. Dengan demikian, mikroorganisme berkontribusi besar dalam menjaga pengelolaan lingkungan.

Mikroorganisme memegang peran penting dalam pengelolaan lingkungan karena memiliki kemampuan biologis untuk menguraikan, menstabilkan, dan mengubah berbagai senyawa kimia di alam. Pada lingkungan pertanian contohnya, mikroorganisme memegang peranan penting

dalam proses daur ulang limbah pertanian. Kemampuan khas yang dimiliki mikroorganisme, terutama dalam aktivitas biodegradasinya, menjadikan mereka agen yang sangat potensial untuk menguraikan berbagai residu pertanian menjadi produk yang memiliki nilai tambah.



Gambar 44. Peran mikroba dalam daur ulang limbah

(Sumber: Rai et al, 2020)

Residu pertanian mengandung beragam nutrisi dan senyawa bioaktif termasuk gula, mineral, dan protein sehingga dapat dimanfaatkan sebagai bahan baku untuk berbagai proses industri. Kandungan nutrisi tersebut menciptakan kondisi yang ideal bagi pertumbuhan mikroorganisme yang mampu menghasilkan produk bernilai tambah melalui proses biokonversi atau fermentasi. Melalui pemanfaatan mikroorganisme serta penerapan teknologi bioteknologi yang terus berkembang, bahan residu ini dapat diolah menjadi produk-produk bernilai tinggi, kemudian sisa prosesnya dapat dikonversi lebih lanjut menjadi biofertilizer, bioformulasi, atau

kompos yang diperkaya mikroorganisme dengan fungsi tertentu.

Salah satu keuntungan utama penggunaan pendekatan bioteknologi dalam biokonversi limbah pertanian adalah diperolehnya produk bernilai guna yang siap dimanfaatkan bagi kesejahteraan manusia. Selain itu, pendekatan ini juga membuka peluang penerapan rekayasa genetika untuk menyisipkan gen tertentu pada mikroorganisme sehingga mampu mempercepat proses biokonversi atau fermentasi dan berperan dalam berbagai aplikasi bioteknologi lainnya, termasuk bioremediasi. Di sisi lain, pengomposan limbah pertanian yang dilakukan dengan bantuan mikroorganisme menghasilkan bahan organik yang meningkatkan mineralisasi unsur hara serta menjaga ketersediaan mikronutrien dalam tanah dalam jangka panjang.

Keberadaan komunitas mikroba tanah sebagai penggerak utama daur ulang limbah pertanian tidak hanya menghasilkan produk bernilai, tetapi juga menurunkan risiko pencemaran lingkungan. Secara keseluruhan, proses-proses berbasis mikroorganisme tersebut memperkuat layanan ekologi dan mendorong penerapan strategi eko-inovatif dalam pengelolaan limbah pertanian. Pendekatan ini semakin mendapat perhatian luas karena mampu menghasilkan produk bernilai sekaligus mendukung praktik pertanian berkelanjutan.

7. Teknologi Mutakhir Dalam Bioteknologi Mikroorganisme

Perkembangan dunia bioteknologi telah mengalami transformasi besar dalam dua dekade terakhir. Di tengah lonjakan revolusi ilmiah baru dan kemajuan industri saat

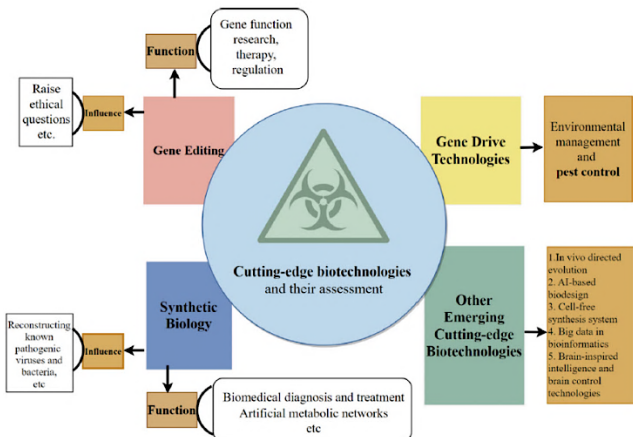
ini, kemajuan bioteknologi modern telah membuka peluang baru dalam pemanfaatan mikroorganisme untuk kesehatan, lingkungan, pertanian, dan industri. Perkembangan pesat bioteknologi mutakhir telah membawa manfaat besar bagi masyarakat dan lingkungan.

Pendekatan metode dan inovasi baru seperti *clustered regular interspaced short palindromic repeats* (CRISPR) dan *gene drive* telah bermunculan. Metode – metode tersebut memungkinkan kita untuk memahami dan mengeksplorasi lebih dalam mengenai kode - kode inti kehidupan. Kemunculan biologi sintetis secara tidak langsung melengkapi integrasi konsep rekayasa dengan bioteknologi, sehingga memungkinkan kita untuk memahami kehidupan secara bertahap. Metode ini juga telah banyak diterapkan dalam penelitian dan pengembangan di bidang farmasi, kedokteran, teknologi, hingga aplikasi ke lingkungan.

Sebagian besar bioteknologi mutakhir juga merupakan pengembangan dari teknologi mutakhir dalam biologi. Teknik seperti pengeditan gen, *gene drive*, dan biologi sintetis telah memberikan peluang baru untuk pengendalian mikroorganisme patogen seperti virus, bakteri, dan jamur. Misalnya, Mekanisme resistensi serangga terhadap insektisida berbasis RNA untai ganda (dsRNA) dapat muncul melalui berbagai cara.

Salah satu mekanisme yang umum terjadi adalah ketidakcocokan antara urutan dsRNA dan mRNA target akibat mutasi atau keberagaman genetik, sehingga efektivitas pemotongan mRNA menurun dan resistensi mulai berkembang. Selain itu, beberapa serangga mampu menghambat proses RNA *interference* (RNAi) dengan membatasi masuknya dsRNA ke dalam sel, sehingga

molekul tersebut tidak dapat menjalankan fungsinya secara optimal.



Gambar 45. Kerangka perkembangan bidang bioteknologi
(Sumber: Hu *et al*, 2024)

Pengeditan gen adalah teknologi yang secara akurat memodifikasi urutan DNA pada situs target spesifik dalam berbagai jenis sel dan organisme. Seiring berkembangnya teknologi, konsep modifikasi gen dan skenario penerapannya juga terus berkembang, seperti teknik seperti pengeditan basa, pengeditan RNA, dan pengeditan epigenetik. Namun, potensi masalah terkait biosekuriti juga harus dipertimbangkan dalam pengeditan gen sehingga kita bisa mencegah tindakan - tindakan pelanggaran biosekuriti. CRISPR-associated protein (Cas) merupakan sistem imun adaptif bagi sebagian besar bakteri dan arkea untuk melawan infeksi bakteriofag. Pada tahun 2012, dua orang ilmuwan bernama Jennifer Doudna dan Emmanuelle

Charpentier melaporkan bahwa sistem CRISPR pada bakteri dapat dimanfaatkan sebagai alat pengeditan genom, yang kemudian menjadi dasar teknologi CRISPR yang kita kenal sekarang. Karena keunggulannya dalam hal desain yang sederhana, biaya yang rendah, efisiensi tinggi, pengulangan yang baik, dan siklus pendek, sistem CRISPR telah berkembang pesat menjadi alat pengeditan gen yang banyak digunakan oleh peneliti saat ini.

Pada tahun 2003, ahli biologi evolusi Austin Burt memperkenalkan konsep *gene drive*, yaitu mekanisme pewarisan gen yang direkayasa sehingga gen tertentu dapat diturunkan ke generasi berikutnya dengan mengesampingkan aturan seleksi alam. Teknologi ini memungkinkan ilmuwan merancang elemen gen yang mampu mereplikasi dirinya sendiri dan memodifikasi gen target, sehingga keturunan memiliki kemungkinan lebih dari 50% untuk mewarisi gen tersebut. Dengan cara ini, genotipe suatu populasi dapat diubah secara bertahap hingga keseluruhan populasi membawa sifat yang direkayasa. *Gene drive* juga dapat mengubah kapasitas reproduksi beberapa spesies dengan merangsang pewarisan gen spesifik yang bias, yang mengakibatkan perubahan signifikan dalam ukuran populasi. Penerapan teknologi CRISPR di bidang *gene drive* telah mempercepat pengembangan dan promosi konsep ini secara signifikan.

Berbeda dengan konsep bioteknologi sebelumnya yang bertujuan untuk "memodifikasi" organisme, biologi sintetis bertujuan untuk merancang dan menciptakan organisme buatan. Berdasarkan kemajuan teknologi dalam hal pengurutan gen, bioinformatika, dan teknologi pengeditan gen, serta munculnya artificial intelligence (AI), menjadikan pengujian biologi sintetis semakin berkembang

cepat. Departemen Pertahanan AS mencantumkan biologi sintetis sebagai salah satu dari enam teknologi disruptif dengan prioritas utama di abad ke-21. Meskipun memiliki potensi besar dalam mengembangkan aplikasi yang bermanfaat dan membuat produk yang lebih bernilai, teknologi biologi sintetis juga dapat membahayakan kesehatan manusia dan lingkungan ekologis.

Kemunculan setiap teknologi pada dasarnya bertujuan untuk memecahkan persoalan dan menghadirkan kemaslahatan bagi umat manusia. Namun, ketika teknologi masuk ke dalam lingkup industri atau dimanfaatkan oleh individu yang berorientasi pada kepentingan tertentu, prioritas terhadap nilai-nilai kemanusiaan dan keberlanjutan sering kali menurun. Dalam kondisi seperti ini, “orientasi teknologi” yang seharusnya berpihak pada solusi dan kemajuan dapat bergeser menjadi orientasi keuntungan semata. Pergeseran inilah yang kemudian berpotensi menimbulkan berbagai dampak negatif, baik terhadap lingkungan, kesehatan, maupun kesejahteraan sosial.

8. Roadmap Menuju Integrasi Bioteknologi Mikroorganisme Untuk Kehidupan Berkelanjutan

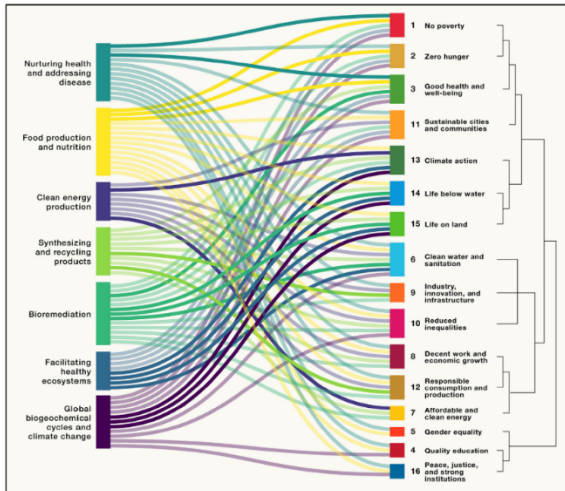
Bumi berfungsi sebagai sebuah sistem yang hampir tertutup, di mana pertukaran materi dengan lingkungan kosmik sangat minimal. Berbagai aktivitas manusia mulai dari pemanfaatan sumber daya alam hingga penghasilan limbah telah mendorong peningkatan entropi di dalam sistem ini. Konferensi Perubahan Iklim Perserikatan Bangsa-Bangsa (PBB) di Dubai tahun 2023 menegaskan bahwa dampak aktivitas manusia termasuk pencemaran

antropogenik dan ketergantungan pada bahan bakar fosil telah memicu berbagai krisis global.

Fenomena seperti peningkatan suhu bumi, kekeringan ekstrem, kebakaran hutan, banjir besar, serta penurunan keanekaragaman hayati, pengasaman laut, munculnya penyakit zoonotik, dan berbagai masalah lingkungan lainnya, kini semakin jelas berakar pada perilaku serta pilihan manusia. Peningkatan jumlah penduduk dunia yang diiringi dengan pola hidup konsumtif telah mempercepat penggunaan energi sekaligus memperburuk tingkat pencemaran lingkungan. Selama ini, bahan bakar fosil menjadi pendorong utama perkembangan industri dan teknologi, namun pemanfaatannya membawa dampak ekologis yang serius dan berkontribusi besar terhadap berbagai permasalahan lingkungan global.

Peralihan menuju sistem energi rendah karbon menuntut langkah nyata melalui pemanfaatan produk berintensitas karbon rendah, seperti energi listrik terbarukan, biofuel, dan hidrogen. Upaya ini tidak akan optimal tanpa adanya sinergi yang kuat antara sektor industri dan dunia akademik. Para ilmuwan terkemuka pada Konferensi Perubahan Iklim Perserikatan Bangsa-Bangsa (PBB) di Dubai tahun 2023 menegaskan bahwa mikroorganisme memiliki peran yang sangat penting dalam upaya mengatasi perubahan iklim. Mereka mendorong agar keberadaan dan fungsi mikroorganisme dimasukkan ke dalam berbagai model prediktif yang dirancang untuk memitigasi dampak pemanasan global. Mikroorganisme berperan sebagai penggerak utama dalam semua siklus biogeokimia yang kini terancam akibat aktivitas manusia, sehingga pemahaman dan pemanfaatannya menjadi kunci

dalam mencegah degradasi serius pada sistem kehidupan planet ini.



(Sumber : Crowther *et al*, 2024)

Gambar 46. Tujuh jalur utama yang dapat digunakan penelitian dan teknologi mikroba untuk mencapai SDGs

Kemajuan teknologi bioteknologi saat ini telah membuka peluang besar untuk memproduksi berbagai jenis bahan bakar dan bahan kimia non-fosil. Perkembangan dalam biologi sintesis memungkinkan perancangan jalur biosintesis baru yang sebelumnya tidak ditemukan di alam. Bidang biologi sintesis menawarkan prospek yang sangat menjanjikan bagi sektor kimia dan energi, terutama melalui kemampuan mikroorganisme untuk mensintesis beragam senyawa organik. Selain itu, kemajuan dalam biologi sintesis membuka peluang ekonomi yang besar melalui kemampuan mikroorganisme untuk menghasilkan berbagai bahan bakar dan senyawa

kimia non-fosil, yang pada gilirannya dapat menurunkan emisi dari sektor transportasi dan industri.

Pada tahun 2012, Perserikatan Bangsa-Bangsa (PBB) memperkenalkan *sustainable development goals* (SDGs), sebagai sebuah kerangka komprehensif yang dirancang untuk mengarahkan dunia menuju masa depan yang lebih berkelanjutan bagi seluruh planet. Dalam sepuluh tahun terakhir, berbagai studi menegaskan pentingnya memasukkan peran mikroorganisme serta teknologi yang memanfaatkannya sebagai bagian dari upaya pencapaian tujuan SDGs. Mengingat bahwa mikroorganisme, baik secara langsung maupun tidak langsung, berperan dalam hampir setiap tujuan SDGs, terdapat sejumlah bidang utama di mana inovasi berbasis mikroorganisme mulai menawarkan solusi nyata bagi masa depan yang berkelanjutan. Dengan mengelompokkan berbagai proses mikroorganisme ke dalam “tujuh kategori besar”, dapat diidentifikasi berbagai sinergi yang menunjukkan bagaimana kemajuan teknologi mikroorganisme mampu mempercepat pencapaian berbagai tujuan global secara bersamaan. Melalui peninjauan dan penekanan kembali terhadap peran esensial mikroorganisme dalam mendukung SDGs, kita bisa berharap keberadaan mikroorganisme dapat dipertimbangkan secara lebih eksplisit dalam perencanaan keberlanjutan global serta dalam penyusunan kebijakan internasional.

BAB 10

MIKROORGANISME DALAM BIDANG KESEHATAN DAN PANGAN FUNGSIONAL

Seperti yang telah diuraikan pada bagian lain dari buku ini, peran mikroorganisme telah menyentuh hampir seluruh bidang kehidupan manusia (*Carmona-Gutierrez et al., 2022*). Khusus pada bidang kesehatan dan pangan, peran tersebut bersifat sangat erat dan terkait secara langsung.

Sejak ratusan bahkan ribuan tahun yang lalu, manusia sudah menyadari keberadaan suatu faktor tak kasat mata yang mempengaruhi kesehatan tubuhnya. Di masa lalu, faktor tersebut belum terdefinisi dengan baik. Baru pada beberapa abad terakhir, para ahli berhasil mengidentifikasi wujud faktor tersebut kemudian mendefinisikannya sebagai suatu makhluk mikroskopis yang disebut mikroorganisme (*Sidebottom 2023*). Perkembangan teknologi yang semakin pesat, lambat laun juga memantik pendalaman yang lebih jauh untuk beberapa aspek kunci di dunia kesehatan. Aspek-aspek tersebut meliputi mekanisme infeksi patogen, penyebaran penyakit menular, kemunculan penyakit tidak menular, *microbiota-gut-brain axis*, dan aspek-aspek lain yang memuat andil mikrob di dalamnya (*Alsulimani et al., 2024*).

Pendalaman tidak berhenti hanya pada efek negatif yang ditimbulkan mikroorganisme. Sebaliknya, peneliti

justro mengidentifikasi potensi besar mikroorganisme sebagai agen penunjang kesehatan manusia. Pada tahun 1940-an – 1960-an, penemuan dan komersialisasi antibiotik menjadi salah satu tonggak terbesar yang menopang perubahan cara pandang tersebut (Hutchings et al., 2019).

Setelah titik itu berlalu, level pemanfaatan mikrob tetap terjaga bahkan meningkat. Saat ini, peneliti tidak hanya fokus pada penggunaan mikrob sebagai sumber bahan obat-obatan, namun juga fokus pada pemanfaatan mikrob sebagai agen potensial untuk produksi pangan fungsional (Vermelho et al., 2025). Pangan fungsional, seperti makanan fermentasi, telah banyak dilaporkan mampu mempengaruhi banyak aspek dalam pertumbuhan dan perkembangan manusia. Oleh karena itu, pengembangan industri pangan fungsional yang ditopang oleh berbagai jenis mikroorganisme dapat menjadi jalan yang tepat untuk mewujudkan level kesehatan yang lebih tinggi di tengah-tengah masyarakat (Leeuwendaal et al., 2022).

1. Peran Mikroorganisme Dalam Bidang Kesehatan

a. Kemunculan Penyakit Menular (*Infectious Disease/ Communicable Disease*)

Penyakit menular adalah penyakit yang disebabkan oleh mikroorganisme patogen, mencakup bakteri, virus, parasit, dan fungi, yang dapat menyebar secara langsung maupun tidak langsung dari satu inang ke inang yang lain (Falodun et al., 2025). Dalam catatan sejarah, peristiwa-peristiwa besar seperti epidemi atau pandemi yang disebabkan oleh patogen tertentu telah terjadi beberapa kali. Peristiwa-peristiwa tersebut menunjukkan bahwa

interaksi mikroorganisme patogen dan manusia dalam bentuk penyakit menular telah terjadi jauh sebelum perkembangan ilmu medis seperti yang tersedia saat ini. Dalam publikasinya, Sakai & Morimoto (2022) mengelompokkan perkembangan ilmu medis atau kesehatan menjadi lima fase, yaitu Western Classic Medicine (zaman kuno – abad ke-15), Traditional Classic Medicine (abad ke-16 – abad ke-18), Early Modern Medicine (abad ke-19), Late Modern Medicine (1900 – 1980-an), dan Exact Medicine (1990-an – sekarang). Pada setiap fase terdapat kemunculan penyakit infeksi skala besar yang disebabkan oleh mikrob, seperti Plague of Athens (tahun 429 SM, diduga disebabkan oleh bakteri *Rickettsia prowazekii* atau sejenis virus cacar), Antonine Plague (tahun 165, diduga disebabkan oleh sejenis virus cacar), Plague of Justinian (tahun 541, diduga disebabkan oleh bakteri *Yersinia pestis*), Black Death (tahun 1347, disebabkan oleh bakteri *Yersinia pestis*), Syphilis (tahun 1494, disebabkan oleh bakteri *Treponema pallidum*), Cholera (tahun 1817, disebabkan oleh bakteri *Vibrio cholerae*), Spanish Flu (tahun 1918, disebabkan oleh virus H1N1), dan COVID-19 (tahun 2019, disebabkan oleh virus SARS-CoV-2).

b. Penemuan Antibiotik sebagai Pilar Besar dalam Penanganan Penyakit Menular

Frekuensi kemunculan penyakit menular yang tinggi memaksa akselerasi dalam penemuan obat-obatan yang efektif melawan mikroorganisme patogen. Menariknya, salah satu sumber obat-obatan paling potensial justru berasal dari mikroorganisme itu sendiri. Salah satu tonggak sejarah yang mengukuhkan peran penting mikrob sebagai

sumber obat-obatan adalah penemuan antibiotik penisilin yang berasal dari cendawan *Penicillium notatum* oleh Alexander Fleming pada tahun 1928 (Chhabra et al., 2024). Penemuan beliau berhasil menjadi titik balik dalam sejarah dunia kesehatan, khususnya dalam penurunan angka kematian akibat infeksi mikroorganisme. Sebagai gambaran, sebelum kehadiran antibiotik, 1 dari 20 anak meninggal sebelum berumur satu tahun, sedangkan setelah antibiotik ditemukan, rasio tersebut turun drastis menjadi sekitar 3,5 kematian setiap 1000 kelahiran (Tan & Tatsumura 2015).

Penemuan bersejarah Fleming kemudian berperan besar dalam mengintensifkan riset mengenai antibiotik dan antimikroba secara umum. Hasilnya, banyak penemuan antibiotik efektif pada periode 1940-an – 1960-an yang juga dikenal sebagai era keemasan penemuan antibiotik (The Golden Age of Antibiotics) (Hutchings et al., 2019). Nama, sumber, dan target molekuler beberapa antibiotik yang ditemukan pada era tersebut ditampilkan pada (Tabel 10.1).

Tabel 4. Nama, sumber, dan target molekuler beberapa antibiotik yang ditemukan pada era keemasan antibiotik tahun 1940-an – 1960-an

Nama Antibiotik	Mikrob Asal	Target Molekuler
Kanamisin A	<i>Streptomyces kanamyceticus</i>	Subunit 30S ribosom
Tetrasiklin	<i>Streptomyces aureofaciens</i>	Subunit 30S ribosom
Kloramfenikol	<i>Streptomyces venezuelae</i>	Subunit 50S ribosom
Eritromisin	<i>Saccharopolyspora erythraea</i>	Subunit 50S ribosom
<i>Gramicidin A</i>	<i>Bacillus brevis</i>	Struktur dinding sel

Basitrasin A	<i>Bacillus subtilis</i>	Sintesis dinding sel
<i>Colistin</i>	<i>Paenibacillus polymyxa</i>	Struktur membran sel
<i>Vancomycin</i>	<i>Amycolatopsis orientalis</i>	Sintesis dinding sel
Asam Fusidat	<i>Fusidium coccineum</i>	Sintesis protein
<i>Fosfomycin</i>	<i>Streptomyces fradiae</i>	Sintesis dinding sel

Sumber: Hutchings et al., (2019).

c. Ancaman Resistansi Antimikroba

Pasca era keemasannya, penemuan antibiotik mengalami penurunan drastis. Kekeringan dalam “pipa” produksi antibiotik tersebut juga terasa lebih mengkhawatirkan dengan kemunculan berbagai jenis patogen resistan yang semakin banyak dan semakin kuat. Saat ini, dunia sekali lagi berada dalam ancaman besar eskalasi penyakit infeksi (Iskandar et al., 2022).

Berdasarkan definisi, resistansi antimikroba adalah kondisi ketika mikroorganisme seperti bakteri, fungi, parasit, dan virus menjalani suatu proses perubahan yang membuatnya kebal terhadap berbagai senyawa yang biasa digunakan untuk membunuhnya (Ahmed et al., 2024). Walaupun sering diistilahkan sebagai “pandemi senyap” (*silent pandemic*), urgensi penanganan resistansi antimikroba tetap tergambar jelas dari jumlah angka kematian yang terus meningkat. Pada tahun 2019, terdapat sekitar 1,27 juta kematian akibat resistansi antimikroba, kemudian naik menjadi 5 juta kematian pada tahun 2022, dan diperkirakan dapat mencapai angka yang fantastis yaitu 10 juta kematian pada tahun 2050 (Salam et al., 2023).

Jenis mikrob yang kebal tidak hanya satu atau dua, namun sangat beragam dan dinamis. Berdasarkan daftar

bakteri patogen prioritas yang dikeluarkan oleh *World Health Organization* (WHO) pada tahun 2024, terdapat berbagai jenis patogen yang perlu ditangani segera. Patogen-patogen tersebut dikelompokkan menjadi tiga kategori berdasarkan urgensi penanganannya yaitu *Critical Priority*, *High Priority*, dan *Medium Priority* (Sati et al., 2025). Spesies bakteri untuk setiap kategori ditampilkan pada Tabel 5.

Tabel 5. Kategori patogen dalam daftar bakteri patogen prioritas yang dikeluarkan oleh WHO pada tahun 2024

Kategori	Jenis Bakteri
<i>Critical Priority</i>	<i>Acinetobacter baumannii</i> , carbapenem-resistant
	<i>Enterobacterales</i> , third-generation cephalosporin-resistant
	<i>Enterobacterales</i> , carbapenem-resistant
	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> , rifampicin-resistant
<i>High Priority</i>	<i>Salmonella enterica</i> serotype Typhi, fluoroquinolone-resistant
	<i>Shigella</i> spp., fluoroquinolone-resistant
	<i>Enterococcus faecium</i> , vancomycin-resistant
	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> , carbapenem-resistant
	non-typhoidal <i>Salmonella</i> , fluoroquinolone-resistant
	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> , third-generation cephalosporin resistant dan/atau fluoroquinolone-resistant
<i>Medium Priority</i>	<i>Staphylococcus aureus</i> , methicillin-resistant
	Group A streptococci, macrolide-resistant
	<i>Streptococcus pneumoniae</i> , macrolide-resistant
	<i>Haemophilus influenzae</i> , ampicillin-resistant
	Group B streptococci, penicillin-resistant

Sumber: Sati et al., (2025).

Terdapat banyak faktor yang mendorong kemunculan resistansi antimikroba. Secara umum, faktor-faktor tersebut dapat dibagi menjadi empat kategori yaitu faktor lingkungan (masalah kepadatan penduduk,

penyebaran orang yang lebih cepat akibat kemajuan moda transportasi massal, sanitasi yang buruk, program pengendalian infeksi yang tidak efektif, serta penggunaan antibiotik yang berlebihan di sektor pertanian), faktor yang berhubungan dengan obat-obatan (obat palsu, obat yang tidak memenuhi standar, serta ketersediaan obat untuk dibeli secara bebas tanpa resep dokter), faktor yang berkaitan dengan pasien (rendahnya tingkat kepatuhan pada aturan, kemiskinan, kurangnya pendidikan, memaksakan upaya pengobatan mandiri, serta miskonsepsi), dan faktor yang berkaitan dengan dokter atau tenaga medis (pemberian resep yang tidak tepat, takaran yang tidak sesuai, serta kurangnya pengetahuan dan pelatihan terhadap informasi dan teknik terkini) (Abushaheen et al., 2020; Reygaert 2018).

Dengan memperhatikan faktor-faktor yang telah disebutkan di atas, *World Health Assembly* (WHA) sebagai badan pengambil keputusan tertinggi di WHO, telah mencanangkan lima rencana aksi strategis untuk memerangi resistensi antimikroba. Rencana tersebut meliputi beberapa langkah-langkah sebagai berikut, (1) meningkatkan kesadaran dan pemahaman tentang resistensi antimikroba; (2) memperkuat pengetahuan melalui pemantauan dan penelitian dalam upaya memerangi infeksi melalui berbagai langkah pengendalian; (3) mengimplementasikan praktik sanitasi, higiene, dan langkah-langkah pencegahan infeksi yang efektif; (4) mengoptimalkan penggunaan antimikroba dalam bidang kesehatan manusia dan hewan; serta (5) mendorong investasi berkelanjutan dalam pengembangan obat-obatan baru, alat diagnostik, dan vaksin (Salam et al., 2023). Pendekatan-pendekatan tersebut hendaknya dipahami,

diupayakan, dan dipraktikkan secara menyeluruh oleh semua pihak dalam rangka menekan dampak mematikan resistansi antimikroba saat ini dan di masa yang akan datang.

d. Hubungan antara Pemanfaatan Antibiotik yang Salah dengan Kemunculan Penyakit Tidak Menular (*Non-Communicable Disease*)

Penyakit tidak menular adalah jenis-jenis penyakit yang dicirikan dengan sifat tidak menular dari satu orang ke orang lain, memiliki banyak faktor resiko, memiliki periode laten dan masa sakit yang panjang, menyebabkan gangguan fungsi tubuh atau kecacatan, serta seringkali tidak dapat disembuhkan. Kelompok penyakit ini bertanggung jawab untuk 74% kematian setiap tahun secara global (sekitar 41 juta jiwa). Beberapa jenis penyakit tidak menular dengan jumlah angka kematian tertinggi adalah penyakit kardiovaskular (17,9 juta kematian per tahun), kanker (9,3 juta kematian per tahun), penyakit pernafasan kronis (4,1 juta kematian per tahun), dan diabetes mellitus (2 juta kematian per tahun) (Piovani et al., 2022).

Peran antibiotik dalam kemunculan penyakit tidak menular berkaitan erat dengan fenomena disbiosis. Disbiosis adalah ketidakseimbangan komposisi mikroorganisme di dalam tubuh, terutama usus (Shen et al., 2025). Kesalahan penggunaan antibiotik baik pada jenis maupun dosis dapat berpengaruh besar pada tingkat diversitas dan kelimpahan taksa mikrob di dalam tubuh. Berdasarkan banyak penelitian, ternyata diversitas dan kelimpahan tersebut merupakan faktor kunci dalam pengaturan berbagai mekanisme penting di dalam tubuh seperti regulasi sistem imun, penyerapan nutrisi, dan

metabolisme energi (Takeuchi et al., 2022). Gangguan pada mekanisme-mekanisme tersebut dapat berimbas pada inflamasi (peradangan), perubahan produksi metabolit, dan kemunculan berbagai penyakit tidak menular seperti *Inflammatory Bowel Disease* (IBD), obesitas, diabetes tipe 1 dan 2, autisme, dan kanker saluran pencernaan (Degruttola et al., 2016; Lin et al., 2020; Pane et al., 2022).

Saat ini, peneliti telah memetakan hubungan antara fluktuasi komposisi mikrobiota usus dengan kemungkinan penyakit yang dapat ditimbulkan. Pengetahuan tentang hal ini dapat mempermudah deteksi dan diagnosis penyakit sekaligus mempermudah upaya restorasi mikrobiota usus (Madhogaria et al., 2022). Beberapa contoh dinamika komposisi mikrobiota usus pada penderita penyakit tidak menular ditampilkan pada (Tabel 10.3).

Tabel 6. Efek dinamika mikrobiota usus pada kemunculan berbagai penyakit

Penyakit	Bakteri Berkurang	Bakteri Bertambah
Obesitas	<i>Bacteroidetes</i> ↓, <i>Methanobrevibacter smithii</i> ↓	<i>Enterobacteria</i> ↑, <i>Ruminococcus gnavus</i> ↑
Diabetes Tipe 1	<i>Lactobacillus</i> ↓, <i>Bifidobacterium</i> ↓, <i>Blautia coccoides</i> ↓, <i>Eubacterium rectal</i> ↓, <i>Prevotella</i> ↓, <i>Firmicutes</i> ↓	<i>Clostridium</i> ↑, <i>Bacteroides</i> ↑, <i>Veillonella</i> ↑
Diabetes Tipe 2	<i>Firmicutes</i> ↓, <i>Clostridia</i> ↓, <i>Lactobacillus</i> ↓, <i>Eubacterium rectale</i> ↓	Rasio <i>Bacteroides</i> dan <i>Prevotella</i> ↑, <i>Clostridiacocoides</i> ↑, <i>Betaproteo bacteria</i> ↑, Rasio <i>Bacteroidetes</i> dan <i>Firmicutes</i> ↑
Penyakit Kardio-vaskular	-	<i>Clostridium</i> ↑, <i>Lactobacillales</i> ↑, <i>Enterobacteriaceae</i> spp. ↑, <i>Chryseomonas</i> ↑

			<i>Helicobacter</i> ↑, <i>Firmicutes</i> ↑, <i>Bacteroides</i> ↑
Kanker	<i>Prevotella</i>	↓,	<i>Acidaminobacter</i> ↑,
Kolorek-	<i>Ruminococcus</i> spp.	↓,	<i>Phascolacto-bacterium</i> ↑,
tal	<i>Pseudobutyrvibrio</i>		<i>Citrobacter farmer</i> ↑
	<i>ruminis</i> ↓		

Sumber: Madhogaria et al. (2022)

2. Peran Mikroorganisme Dalam Bidang Pangan Fungsional

a. Makanan Fermentasi sebagai Pangan Fungsional

Pangan fungsional adalah jenis makanan yang menawarkan berbagai manfaat diluar standar nutrisi dasar (Marcia-Fuentes et al., 2026). Diantara banyak jenis pangan fungsional, makanan fermentasi muncul sebagai salah satu kandidat potensial dalam mendukung fungsi-fungsi kesehatan. Makanan fermentasi mengandung berbagai mikroorganisme aktif (probiotik) yang efektif dalam mengembalikan diversitas mikrob dalam usus, menyediakan metabolit bermanfaat, meningkatkan kekuatan lapisan usus, dan memberikan pengaruh positif terhadap banyak penyakit kronis (Wastyk et al., 2021). Selain memiliki banyak dampak positif pada kesehatan, keunggulan lain dari makanan fermentasi adalah ketersediaannya yang luas. Berbagai jenis makanan fermentasi tersedia di seluruh penjuru dunia dan telah dikonsumsi dalam rentang waktu yang sangat panjang (Park & Mannaa 2025). Beberapa contoh makanan fermentasi, mikrob penyusun dominan, dan manfaat kesehatannya ditampilkan pada Tabel 10.4

Tabel 7. Beberapa jenis makanan fermentasi, mikrob penyusun dominan, dan manfaat kesehatannya

Makanan Fermentasi	Mikrob Dominan	Manfaat Kesehatan
Yogurt	<i>Lactobacillus</i> , <i>Bifidobacterium</i>	Meningkatkan pencernaan laktosa, meningkatkan integritas lapisan pelindung usus
Miso	<i>Aspergillus oryzae</i> , <i>Tetragenococcus</i>	Mengandung senyawa antioksidan, mendukung kesehatan kardiovaskular
Kimchi	<i>Lactobacillus plantarum</i> , <i>Leuconostoc</i>	Mengandung senyawa antiinflamasi, meningkatkan pencernaan serat
Kefir	<i>Lactococcus</i> , <i>Saccharomyces</i> , <i>Acetobacter</i>	Meningkatkan imunitas, memodulasi mikrobiota, mendukung pencernaan
Sauerkraut	<i>Leuconostoc</i> , <i>Lactobacillus</i>	Menghambat pertumbuhan patogen, mendukung motilitas saluran pencernaan
Tempe	<i>Rhizopus</i> spp.	Mengandung senyawa anti-inflamasi dan antioksidan, mendukung pertumbuhan mikrobiota usus

Sumber: Park dan Manna (2025)

b. Tempe sebagai Makanan Fermentasi Asli Indonesia

Tempe merupakan bahan makanan yang sangat umum dikonsumsi oleh orang Indonesia. Tempe dibuat dari kacang kedelai yang difermentasi oleh cendawan *Rhizopus* spp. (Kadar et al., 2020). Secara umum, proses pengolahan tempe dari kacang kedelai meliputi tahap perebusan, pembilasan, dan pengeringan kacang kedelai, kemudian

diakhiri dengan penambahan *starter* cendawan *Rhizopus* spp. (Mukhoyaroh et al., 2015).

Pengetahuan masyarakat mengenai manfaat kesehatan tempe belum seluas tingkat konsumsinya. Padahal, pengetahuan rinci mengenai manfaat tersebut dapat meningkatkan tingkat konsumsi tempe dan memperdalam potensi pengembangan tempe yang lebih berkualitas. Secara umum, manfaat tempe dapat dibagi menjadi dua aspek utama yaitu pada aspek pengaturan komposisi mikrobiota usus dan aspek penyediaan beragam senyawa bioaktif.

Pada aspek pengaturan komposisi mikrobiota usus, peran tempe berkaitan dengan kemampuannya menyediakan probiotik (mikroorganisme yang memberikan manfaat kesehatan, terutama meningkatkan kesehatan pencernaan, sistem imun, dan menyeimbangkan mikrobioma usus), prebiotik (jenis serat pangan yang tidak dapat dicerna oleh tubuh manusia, berfungsi sebagai makanan utama bagi bakteri baik (probiotik) di dalam usus), dan biogenik (zat atau senyawa tertentu yang dihasilkan oleh organisme hidup). Ketiga unsur tersebut berperan langsung dalam mempengaruhi jenis mikrobiota usus, untuk selanjutnya mempengaruhi level kesehatan tubuh (Maldonado Galdeano et al., 2015). Sebuah penelitian oleh Chen et al., (2021) melaporkan bahwa pemberian pakan tempe pada *zebrafish* sebagai hewan model dapat meningkatkan jumlah Aktinobakteri hingga sepuluh kali lipat (terutama spesies *Bifidobacterium adolescentis*). Kenaikan tersebut juga diiringi oleh penurunan jumlah kelompok Proteobakteri termasuk *Escherichia coli*. Selain perubahan komposisi mikrobiota, laporan ini juga mengungkap peran tempe dalam peningkatan level *brain-*

derived neurotrophic factor (BDNF) pada *zebrafish*. BDNF sendiri adalah protein yang sering dijuluki sebagai “pupuk otak” karena berperan penting dalam merangsang pertumbuhan, menjaga kelangsungan hidup, dan meningkatkan plastisitas sel-sel saraf yang ada di otak (Wurzelmann et al., 2017).

Sementara itu, pada aspek penyediaan senyawa bioaktif, tempe dapat berperan sebagai penyedia senyawa antidiabetes, antikanker, dan pemacu fungsi kognitif. Diabetes adalah jenis penyakit tidak menular yang memiliki persebaran penderita cukup besar di dunia. Badan Kesehatan Dunia melaporkan bahwa ada sekitar 422 juta orang yang tercatat sebagai penderita diabetes dengan angka kematian sekitar 1,5 juta orang setiap tahun (Teoh et al., 2024). Pada dasarnya, diabetes dicirikan dengan kandungan glukosa dalam darah yang tinggi akibat kekurangan produksi insulin atau penurunan sensitifitas terhadap insulin (Arreola et al., 2022; Wolosowicz et al., 2020). Pilihan jenis dan kebiasaan makan dapat menurunkan resiko diabetes, khususnya diabetes melitus tipe 2 yang disebabkan oleh penurunan sensitifitas terhadap insulin. Tempe menjadi bahan makanan yang tepat untuk tujuan tersebut. Pada proses fermentasi tempe, terjadi kenaikan kandungan *isoflavones* disertai penurunan kandungan pati dan lemak (Harahap et al., 2025). Konsumsi tempe dengan karakteristik tersebut, dapat berimplikasi positif pada tubuh penderita diabetes dengan terjadinya penurunan kandungan glukosa dalam darah, penurunan berat badan, dan penurunan total kolesterol (Huang et al., 2018; Kiswanto & Astuti 2025; Putri et al., 2024).

Disisi lain, kanker adalah salah satu penyakit dengan tingkat mortalitas tertinggi di dunia. Pada tahun 2022,

terdapat sekitar 20 juta kasus kanker baru, dengan angka kematian mencapai 9,7 juta jiwa (Bray et al., 2024). Kemunculan kanker dapat dicegah dengan banyak cara, salah satunya konsumsi makanan yang mengandung senyawa antikanker. Seperti yang telah disampaikan, tempe mengandung *isoflavones*. Selain sebagai antidiabetes, kelompok senyawa *isoflavones* dalam tempe seperti *genistein* dan *daidzein* juga dilaporkan memiliki kemampuan mencegah dan membunuh pertumbuhan sel kanker. Kedua senyawa tersebut diketahui memiliki kemampuan dalam menghambat proliferasi sel kanker, menekan aktivitas angiogenesis, dan menginduksi apoptosis sel kanker (Nurkolis et al., 2022; Tamam et al., 2019). Kemampuan-kemampuan tersebut telah terbukti berdasarkan pengujian terhadap sel kanker MCF-7 (kanker payudara) dan sel kanker HO-8910 (kanker ovarium) (Chen et al., 2003; El-Shazly et al., 2022).

Setelah antidiabetes dan antikanker, peran tempe dalam meningkatkan fungsi kognitif juga tidak bisa diabaikan. Fungsi kognitif adalah istilah yang dipakai menggambarkan kemampuan dasar manusia dalam berbagai hal seperti konsentrasi, memori, pembelajaran, fungsi motorik, fungsi eksekutif, dan bahasa. Kemampuan ini dibutuhkan agar manusia mampu mempersepsikan keadaan sekitar, membuat keputusan, dan melakukan pekerjaan dari tingkat yang sederhana hingga yang sangat rumit (Bufano et al., 2024). Peningkatan kemampuan kognitif didukung oleh beberapa senyawa bioaktif terutama antioksidan. Pada tempe, terdapat beberapa metabolit sekunder seperti vitamin B2, vitamin B12, dan gamma-amino butyric acid (GABA) dapat berfungsi sebagai antioksidan. Metabolit tersebut, khususnya GABA,

dilaporkan memiliki asosiasi kuat dengan level kognitif seseorang (Ayuningtyas et al., 2019). Sebuah penelitian mengenai kemampuan tempe dalam mempengaruhi kemampuan kognitif juga telah dilakukan oleh Handajani et al., (2022). Mereka menemukan bahwa aspek-aspek kognitif seperti fungsi memori, bahasa, dan visuospatial dari beberapa lansia meningkat pasca pemberian probiotik berupa bakteri *Lactobacillus fermentum* yang diisolasi dari tempe.

Peran mikroorganisme sangat vital dalam bidang kesehatan dan pangan fungsional. Peran tersebut, berikut dengan penemuan dan pengembangan ilmu pengetahuan yang sedang dan akan dilakukan adalah potensi besar untuk menyelamatkan dan meningkatkan level kehidupan manusia. Penelitian lanjutan tentang hal ini perlu didorong, agar tidak hanya menjadi narasi di atas kertas namun bisa dirasakan langsung oleh masyarakat luas.

DAFTAR PUSTAKA

- A'yun, Q., Asmarany, A., Fitriyah, D., Awaluddin, Rini, I. A., Mahyarudin, Argaheni, N. B., Sinaga, J., Suryanti, E., Kristianto, Y., Asril, M., & Hamida, F. 2022. Mikrobiologi Dasar (R. Watrianthos (ed.); Cetakan 1). Yayaan Kita Menulis.
- Abedi, E., & Hashemi, S. M. B. (2020). Lactic acid production – producing microorganisms and substrates sources-state of art. *Heliyon*, 6(10), e04974. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2020.e04974>
- Abo, M., Hamouda, B., Saad, A. H., Abd, A., El, A., Mohammed, T., Ahmed, H., Sharawey, E., Abdo, W., & Mahmoud, E. (2025). Trials for reducing the dangerous effect on poultry fed on aflatoxin contaminated ration using nano curcumin. *BMC Veterinary Reasearch*, 27. <https://doi.org/10.1186/s12917-025-04519-z>
- Abushaheen, M. A., Muzaaheed, Fatani, A. J., Alosaimi, M., Mansy, W., George, M., Acharya, S., Rathod, S., Divakar, D. D., Jhugroo, C., Vellappally, S., Khan, A. A., Shaik, J., & Jhugroo, P. (2020). Antimicrobial Resistance, Mechanisms and Its Clinical Significance. *Disease-a-Month*, 66(6), 100971. <https://doi.org/10.1016/j.disamonth.2020.100971>
- Adebiyi, A. I., & Oluwayelu, D. O. (2019). Zoonotic fungal diseases and animal ownership in Nigeria. *Alexandria Journal of Medicine*, 54(4), 397–402. <https://doi.org/10.1016/j.ajme.2017.11.007>
- Afikasari, D., Diyah, L., Candra, A., Peternakan, P. S., Peternakan, F., Kahuripan, U., & Jl, K. (2020). Pengaruh suplementasi probiotik melalui pakan terhadap konsumsi pakan ayam petelur strain Isa Brown effects of probiotic supplementation through feedon the feed consumption of layers strain Isa Brown. *Jurnal Ternak*, 11(01), 35–38. <https://doi.org/DOI : 10.30736/jtk.v11i1.67>
- Agathos, S.N. (2011). Introduction. In: Moo-Young M (ed) *Comprehensive Biotechnology*, 2nd edn. Academic Press, 1–2. <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-088504-9.00363-9>

- Ahmed, S. K., Hussein, S., Qurbani, K., Ibrahim, R. H., Fareeq, A., Mahmood, K. A., & Mohamed, M. G. (2024). Antimicrobial Resistance: Impacts, Challenges, and Future Prospects. *Journal of Medicine, Surgery, and Public Health*, 2, 100081. <https://doi.org/10.1016/j.glmedi.2024.100081>
- Ajmal, A. W., Yasmin, H., Hassan, M. N., Khan, N., Jan, B. L., & Mumtaz, S. (2022). Heavy Metal-Resistant Plant Growth-Promoting *Citrobacter werkmanii* Strain WWN1 and *Enterobacter cloacae* Strain JWM6 Enhance Wheat (*Triticum aestivum* L.) Growth by Modulating Physiological Attributes and Some Key Antioxidants Under Multi-Metal Stress. *Front. Microbiol.*, 13(815704), 97–114. [10.3389/fmicb.2022.815704](https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.815704)
- Akinsemolu, A. A. (2018). The role of microorganisms in achieving the sustainable development goals. *Journal of Cleaner Production*, 182, 139–155. <https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2018.02.081>
- Akinsemolu, A. A. (2023). Principles of green microbiology: The microbial blueprint for sustainable development. *Environmental Advances*, 14 (October), 100440. <https://doi.org/10.1016/j.envadv.2023.100440>
- Al-Amrani, S., Al-Jabri, Z., Al-Zaabi, A., Alshekaili, J., & Al-Khabori, M. (2021). Proteomics: Concepts and applications in human medicine. *World Journal of Biological Chemistry*, 12(5), 57–69. <https://doi.org/10.4331/wjbc.v12.i5.57>
- Alharbi, K., Ekesi, N., Hasan, A., Asnayanti, A., Liu, J., Murugesan, R., Ramirez, S., Rochell, S., Kidd, M. T., & Alrubaye, A. (2017). Deoxynivalenol and fumonisin predispose broilers to bacterial chondronecrosis with osteomyelitis lameness. *Poultry Science*, 103(5), 103598. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.103598>
- Al-Rumaihi, A., Shahbaz, M., McKay, G., Mackey, H., & Al-Ansari, T. (2022). A review of pyrolysis technologies and feedstock: A blending approach for plastic and biomass towards optimum biochar yield. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 167(June), 112715. <https://doi.org/10.1016/j.rser.2022.112715>
- Alsulimani, A., Akhter, N., Jameela, F., Ashgar, R. I., Jawed, A., Hassani, M. A., & Dar, S. A. (2024). The Impact of Artificial Intelligence on Microbial Diagnosis. *Microorganisms*,

- 12(6), 1051.
<https://doi.org/10.3390/microorganisms12061051>
- Ambaye, T. G., Vaccari, M., Prasad, S., & Rtimi, S. (2021). Preparation, characterization and application of biosurfactant in various industries: A critical review on progress, challenges and perspectives. *Environmental Technology and Innovation*, 24, 102090. <https://doi.org/10.1016/j.eti.2021.102090>
- Anikwe MAN, Ife K. 2023. The role of soil ecosystem services in the circular bioeconomy. *Front. Soil Sci.* 3:1–18.doi:10.3389/fsoil.2023.1209100.
- Ansorena, D., & Astiasarán, I. (2015). Fermented Foods: Composition and Health effects. *Encyclopedia of Food and Health*, 649–655. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384947-2.00285-3>
- Antoszewski, K., Chmielewska, K., Jagiello, K., & Puzyn, T. (2025). Designing RNA sequencing experiments: A practical guide to reproducible gene expression analysis. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 31, 101–119. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2025.12.015>
- Antoszewski, M., Mierek-adamska, A., & Dabrowska, G. B. (2022). The Importance of Microorganisms for Sustainable Agriculture — A Review. *Metabolites*, 12(1100), 1–47. <https://doi.org/10.3390/metabo12111100>
- Anwar, K., Puspitasari, I., Siahaan, A. S. A., Mohamad, E., Erdiandini, I., Guntoro, N.N.P.S., L. R. I. N., Widayati, O., & Nurliana. (2026). Pupuk Hijau dalam Sistem Pertanian Organik. Yayasan Kita Menulis.
- Aqlinia, M., Astuti, R. I., Prastya, M. E., & Wahyudi, A. T. (2025). Antioxidant potential of melanin pigment from marine sponge-associated actinomycete *Micromonospora* sp. *Journal of Applied Pharmaceutical Science*, 15(4), 212–224. <https://doi.org/10.7324/JAPS.2025.201566>
- Ari, M. M., Dadgar, L., Elahi, Z., Ghanavati, R., & Taheri, B. (2024). Genetically Engineered Microorganisms and Their Impact on Human Health. *International Journal of Clinical Practice*, 2024(2), 1–38. <https://doi.org/https://doi.org/10.1155/2024/6638269>
- Arreola, E. V., Hanson, R. L., Bogardus, C., & Knowler, W. C. (2022). Relationship Between Insulin Secretion and Insulin

Sensitivity and Its Role in Development of Type 2 Diabetes: Beyond the Disposition Index. *Diabetes*, 71(1), 128–141.
<https://doi.org/10.2337/db21-0416>

- Arshad, M., Arshad, I., Aslam, H., Sukmawati, D., Anvar, A. H., Shakir, H. A., Khan, M., Franco, M., & Irfan, M. (2025). Microbial bioproducts: current advances, industrial applications, and future perspectives. *Journal of Umm Al-Qura University for Applied Sciences*, 11(3), 545–560.
<https://doi.org/10.1007/s43994-025-00247-0>
- Aryani Siregar, S., Napitupulu, H., & Ginting, R. (2020). Identification of factors affecting a green industry: A literature review. *IOP Conference Series: Materials Science and Engineering*, 801(1). <https://doi.org/10.1088/1757-899X/801/1/012097>
- Asril, M., Erdiandini, I., Sari, S. P., Mohamad, E., Hasibuan, H. S., Tangio, J. S., Lestari, W., Apriliya, I., & Novianto, E. D. (2024). Mikrobiologi Tanah. Yayasan Kita Menulis.
- Aýun, Q., Risah, & Sari, A. K. (2024). Edukasi Pengolahan Sampah Kulit Buah dengan Eco-Enzym di Pondok Pesantren Al Hassan, Bekasi. *Abditani: Jurnal Pengabdian Masyarakat*, 7(2), 208–212.
- Aýun, Q., Suryani, S., & Kurnia, C. (2022). Identifikasi Kapang pada Tempe Bungkus Daun Pisang dan Plastik Asal Pengrajin Tempe Jatiasaih, Bekasi. *Bioed: Jurnal Pendidikan Biologi*, 10(2), 45–51.
- Ayuningtyas, A., Murbawani, E. A., & Nuryanto, N. (2019). The Effect of Tempeh Intake on Spatial Memory in Prediabetic Rats. *Nutrition and Food Science*, 49(4), 592–599.
<https://doi.org/10.1108/NFS-03-2018-0071>
- Baião, A. R., Cai, Z., Poulos, R. C., Robinson, P. J., Reddel, R. R., Zhong, Q., Vinga, S., & Gonçalves, E. (2025). A technical review of multi-omics data integration methods: From classical statistical to deep generative approaches. *Briefings in Bioinformatics*, 26(4), bbaf355.
<https://doi.org/10.1093/bib/bbaf355>
- Balakrishnan, B., Ranishree, J. K., Thadikamala, S., & Panchatcharam, P. (2014). Purification, characterization and production optimization of a vibriocin produced by mangrove associated *Vibrio parahaemolyticus*. *Asian Pacific Journal of Tropical Biomedicine*, 4(4), 253–261.

- <https://doi.org/10.12980/APJTB.4.2014C947>
- Balan, S. S., Kumar, C. G., & Jayalakshmi, S. (2017). Aneurinifactin, a new lipopeptide biosurfactant produced by a marine Aneurinibacillus aneurinilyticus SBP-11 isolated from Gulf of Mannar : Purification, characterization and its biological evaluation. *Microbiological Research*, 194, 1–9. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2016.10.005>
- Barrett, D., Lane, E., Lozano, J. M., Keeffe, K. O., & Byrne, A. W. (2024). Bovine Herpes Virus Type 1 factor and Bovine Viral Diarrhoea (BVD) co - infection analysis from Ireland. *Scientific Reports*, 1, 1–9. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-50433-5>
- Basso, L. C., De Amorim, H. V., De Oliveira, A. J., & Lopes, M. L. (2008). Yeast selection for fuel ethanol production in Brazil. *FEMS Yeast Research*, 8(7), 1155–1163. <https://doi.org/10.1111/j.1567-1364.2008.00428.x>
- Basu, A., Prasad, P., Das, S. N., Kalam, S., Sayyed, R. Z., Reddy, M. S., & Enshasy, H. El. (2021). Plant Growth Promoting Rhizobacteria (PGPR) as Green Bioinoculants: Recent Developments, Constraints, and Prospects. *Sustainability*, 13(1140), 1–20. <https://doi.org/10.3390/su13031140>
- Bayat, A. (2002). Bioinformatics. *BMJ : British Medical Journal*, 324(7344), 1018–1022. <https://doi.org/10.1136/bmj.324.7344.1018>
- Behera, B. C., Mishra, R., & Mohapatra, S. (2021). Microbial citric acid: Production, properties, application, and future perspectives. *Food Frontiers*, 2(1), 62–76. <https://doi.org/10.1002/fft2.66>
- Berendsen RL, Pieterse CMJ, Bakker PAHM. 2012. The rhizosphere microbiome and plant health. *Trends Plant Sci.* 17(8):478–486. doi:10.1016/-j.tplants.2012.04.001.
- Berg G, Rybakova D, Grube M, Köberl M, Price A. 2017. Europe PMC Funders Group The plant microbiome explored : implications for experimental botany. *J Exp Bot.* 67(4):995–1002. doi:10.1093/-jxb/erv466.The.
- Berg, G., Rybakova, D., Fischer, D., Cernava, T., Vergès, M. C., Charles, T., Chen, X., Cocolin, L., Eversole, K., Corral, G. H., Kazou, M., Kinkel, L., Lange, L., Lima, N., Loy, A., Macklin, J. A., & Maguin, E. (2020). Microbiome definition re-visited: old concepts and new challenges. *Microbiome*, 8(103), 1–22. <https://doi.org/10.1186/s40168-020-00875-0>

- Berg, G., Rybakova, D., Fischer, D., Cernava, T., Vergès, M.-C. C., Charles, T., Chen, X., Cocolin, L., Eversole, K., Corral, G. H., Kazou, M., Kinkel, L., Lange, L., Lima, N., Loy, A., Macklin, J. A., Maguin, E., Mauchline, T., McClure, R., ... Schlöter, M. (2020). Microbiome definition re-visited: Old concepts and new challenges. *Microbiome*, 8, 103. <https://doi.org/10.1186/s40168-020-00875-0>
- Bhattacharyya PN, Jha DK. 2012. Plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR): emergence in agriculture. *World J. Microbiol. Biotechnol.* 28(4):1327–1350. doi:10.1007/s11274-011-0979-9.
- Bianconi, I., Aschbacher, R., Pagani, E., Bianconi, I., Aschbacher, R., & Pagani, E. (2023). Current Uses and Future Perspectives of Genomic Technologies in Clinical Microbiology. *Antibiotics*, 12(11). <https://doi.org/10.3390/antibiotics12111580>
- Bjerk, T. R., Severino, P., Jain, S., Marques, C., Silva, A. M., Pashirova, T., & Souto, E. B. (2021). Biosurfactants: Properties and applications in drug delivery, biotechnology and ecotoxicology. *Bioengineering*, 8(8), 1–18. <https://doi.org/10.3390/bioengineering8080115>
- Blake, C., Christensen, M. N., & Kovács, Á. T. (2021). Molecular Aspects of Plant Growth Promotion and Protection by *Bacillus subtilis*. *Mol Plant Microbe Interact.*, 34(1), 15–25. 10.1094/MPMI-08-20-0225-CR
- Bn, Z., Dayok, O., & Fo, K. (2019). Prevalence of pulmonary mucormycosis among poultry farmers in Barkin Ladi Local government area of Plateau State. *Open Access Journal of Microbiology and Biotechnology*, 4(2). <https://doi.org/10.23880/oajmb-16000143>
- Bodhaguru, M., Prakash, S., Ramasubburayan, R., Ahila, N. K., Mariselvam, L., Immanuel, G., Palavesam, A., & Kannapiran, E. (2019). Screening, partial purification of antivibriosis metabolite sterol-glycosides from *Rhodococcus* sp. against aquaculture associate pathogens. *Microbial Pathogenesis*, 103597. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2019.103597>
- Bose, U., Hewavitharana, A. K., Ng, Y. K., Shaw, P. N., Fuerst, J. A., & Hodson, M. P. (2015). LC-MS-Based metabolomics study of marine bacterial secondary metabolite and antibiotic production in *Salinispora arenicola*. *Mar. Drugs*, 13(1), 249–266. <https://doi.org/10.3390/md13010249>

- Bray, F., Laversanne, M., Sung, H., Ferlay, J., Siegel, R. L., Soerjomataram, I., & Jemal, A. (2024). Global Cancer Statistics 2022: GLOBOCAN Estimates of Incidence and Mortality Worldwide for 36 Cancers in 185 Countries. *CA: A Cancer Journal for Clinicians*, 74(3), 229–263. <https://doi.org/10.3322/caac.21834>
- Brelek, P., Bulić, L., Bračić, M., Projić, P., Škaro, V., Shah, N., Shah, P., & Primorac, D. (2024). Implementing Whole Genome Sequencing (WGS) in Clinical Practice: Advantages, Challenges, and Future Perspectives. *Cells*, 13(6), 504. <https://doi.org/10.3390/cells13060504>
- Brown, A. L., Koskella, B., & Boots, M. (2025). How host-microbiome / holobiont evolution depends on whether the microbiome affects host lifespan or. November 2024, 41–49.
- Bufano, P., Di Tecco, C., Fattori, A., Barnini, T., Comotti, A., Ciocan, C., Ferrari, L., Mastorci, F., Laurino, M., & Bonzini, M. (2024). The Effects of Work on Cognitive Functions: A Systematic Review. *Frontiers in Psychology*, 15, 1351625. <https://doi.org/10.3389/fpsyg.2024.1351625>
- Bugyi, F., Szabó, D., Szabó, G., Révész, Á., Pape, V. F. S., Soltész-Katona, E., Tóth, E., Kovács, O., Langó, T., Vékey, K., & Drahos, L. (2021). Influence of Post-Translational Modifications on Protein Identification in Database Searches. *ACS Omega*, 6(11), 7469–7477. <https://doi.org/10.1021/acsomega.0c05997>
- Burgener, A., Seth-smith, H. M. B., Kern-baumann, S., Durovic, A., Blaich, A., & Menter, T. (2022). A case study of zoonotic *Chlamydia abortus* infection : diagnostic challenges from clinical and microbiological perspectives. *Open Forum Infectious Diseases*, 0–4. <https://doi.org/10.1093/ofid/ofac524>
- Burton, H., Jackson, C., & Abubakar, I. (2014). The impact of genomics on public health practice. *British Medical Bulletin*, 112(1), 37–46. <https://doi.org/10.1093/bmb/ldu032>
- Cahlia, U., Astuti, R. I., Nomura, J., & Wahyudi, A. T. (2023). Antioxidant properties of active fraction extract derived from yellow-red pigment produced by the marine sponge-

- associated bacterium *Bacillus haikouensis* AGS112 and identification of related compounds. HAYATI J. Biosci, 30(5), 874-884. <https://doi.org/10.4308/hjb.30.5.874-884>
- Cardinale, M., Jr, J. V. de C., Müller, H., Berg, G., & Grube, M. (2008). In situ analysis of the bacterial community associated with the reindeer lichen *Cladonia arbuscula* reveals predominance of Alphaproteobacteria. FEMS Microbiol Ecol., 66(1), 63–71. [10.1111/j.1574-6941.2008.00546.x](https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2008.00546.x)
- Carmona-Gutierrez, D., Kainz, K., Zimmermann, A., Hofer, S. J., Bauer, M. A., Ruckenstein, C., Kroemer, G., & Madeo, F. (2022). A Hundred Spotlights on Microbiology: How Microorganisms Shape Our Lives. Microbial Cell, 9(4), 72–79. <https://doi.org/10.15698/MIC2022.04.773>
- Cavicchioli, R., Ripple, W. J., Timmis, K. N., Azam, F., Bakken, L. R., Baylis, M., Behrenfeld, M. J., Boetius, A., Boyd, P. W., Classen, A. T., Crowther, T. W., Danovaro, R., Foreman, C. M., Huisman, J., Hutchins, D. A., Jansson, J. K., Karl, D. M., Koskella, B., Mark Welch, D. B., ... Webster, N. S. (2019). Scientists' Warning to Humanity: Microorganisms and Climate Change. Nature Reviews Microbiology, 17(9), 569–586. <https://doi.org/10.1038/s41579-019-0222-5>
- Chakraborty, S., Talukdar, A., Dey, S., & Bhattacharya, S. (2025). Role of Fungi, Bacteria and Microalgae in Bioremediation of Emerging Pollutants with Special Reference to Pesticides, Heavy Metals and Pharmaceuticals. Discover Environment, 3(1). <https://doi.org/10.1007/s44274-025-00217-7>
- Chaudhary, R., Nawaz, A., Fouillaud, M., Dufossé, L., Haq, I. ul, & Mukhtar, H. (2024). Microbial Cell Factories: Biodiversity, Pathway Construction, Robustness, and Industrial Applicability. Microbiology Research, 15(1), 247–272. <https://doi.org/10.3390/microbiolres15010018>
- Chauhan P, Sharma N, Tapwal A, Kumar A, Verma GS, Meena M, Seth CS, Swapnil P. 2023. Soil microbiome: diversity, benefits and interactions with plants. Sustain. 15(19).doi:10.3390/su151914643.
- Chauhan, P., Sharma, N., Tapwal, A., Kumar, A., Verma, G. S., Meena, M., Seth, C. S., & Swapnil, P. (2023). Soil Microbiome: Diversity, Benefits and Interactions with Plants.

- Sustainability, 15(14643), 1043.
<https://doi.org/10.3390/su151914643>
- Che, Q., Qiao, L., Han, X., Liu, Y., Wang, W., Gu, Q., Zhu, T., & Li, D. (2018). Anthranosides A – C, Anthranilate Derivatives from a Sponge-Derived *Streptomyces* sp. CMN-62. *Organic Letters*, 6, 10–13.
<https://doi.org/10.1021/acs.orglett.8b02382>
- Che, X., Ma, P., Chen, M., & Fan, W. (2025). A comprehensive review of development and utilization of marine microorganisms as new food resources. *Journal of Future Foods*, 1–35.
<https://doi.org/10.1016/j.jfutfo.2025.08.020>
- Chen, C., Wang, M., Zhu, J., Tang, Y., Zhang, H., Zhao, Q., Jing, M., Chen, Y., Xu, X., Jiang, J., & Shen, Z. (2022). Long-term effect of epigenetic modification in plant–microbe interactions: modification of DNA methylation induced by plant growth promoting bacteria mediates promotion process. *Microbiome*, 10(36), 1–19.
<https://doi.org/10.1186/s40168-022-01236-9>
- Chen, Q., Song, Y., An, Y., Lu, Y., & Zhong, G. (2024). Soil Microorganisms: Their Role in Enhancing Crop Nutrition and Health. *Diversity*, 16(12), 1–26.
<https://doi.org/10.3390/d16120734>
- Chen, Q., Song, Y., An, Y., Lu, Y., & Zhong, G. (2024). Soil Microorganisms: Their Role in Enhancing Crop Nutrition and Health. 1–26.
- Chen, W. F., Huang, M. H., Tzang, C. H., Yang, M., & Wong, M. S. (2003). Inhibitory Actions of Genistein in Human Breast Cancer (MCF-7) Cells. *Biochimica et Biophysica Acta - Molecular Basis of Disease*, 1638(2), 187–196.
[https://doi.org/10.1016/S0925-4439\(03\)00082-6](https://doi.org/10.1016/S0925-4439(03)00082-6)
- Chen, Y. C., Tao, N. L., Hu, S. Y., Tsai, H. Y., Liao, S. C., Tsai, W. L., & Hu, C. Y. (2021). Effect of Tempeh on Gut Microbiota and Anti-Stress Activity in Zebrafish. *International Journal of Molecular Sciences*, 22(23), 12660.
<https://doi.org/10.3390/ijms222312660>
- Chen, Y., Li, E.-M., & Xu, L.-Y. (2022). Guide to Metabolomics Analysis: A Bioinformatics Workflow. *Metabolites*, 12(4), 357. <https://doi.org/10.3390/metabo12040357>

- Chhabra, S., Taksande, A. B., & Munjewar, P. (2024). The Penicillin Pioneer: Alexander Fleming's Journey to a Medical Breakthrough. *Cureus*, 16(7), e65179. <https://doi.org/10.7759/cureus.65179>
- Chintagunta, A. D., Zuccaro, G., Kumar, M., Kumar, S. P. J., Garlapati, V. K., Postemsky, P. D., Kumar, N. S. S., Chandel, A. K., & Simal-Gandara, J. (2021). Biodiesel Production From Lignocellulosic Biomass Using Oleaginous Microbes: Prospects for Integrated Biofuel Production. *Frontiers in Microbiology*, 12(8), 1–23. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.658284>
- Cho, J. S., Kim, G. B., Eun, H., Moon, C. W., & Lee, S. Y. (2022). Designing Microbial Cell Factories for the Production of Chemicals. *JACS Au*, 2(8), 1781–1799. <https://doi.org/10.1021/jacsau.2c00344>
- Clark, A. J., James W. Lillard, J., Clark, A. J., & James W. Lillard, J. (2024). A Comprehensive Review of Bioinformatics Tools for Genomic Biomarker Discovery Driving Precision Oncology. *Genes*, 15(8). <https://doi.org/10.3390/genes15081036>
- Cox, E., & Vanrompay, D. (2015). Assessment of Chlamydia suis infection in pig farmers. *Transboundary and Emerging Diseases*, 1–8. <https://doi.org/10.1111/tbed.12446>
- Crowther, T. W., Rappuoli, R., Corinaldesi, C., Danovaro, R., Donohue, T. J., Huisman, J., Stein, L. Y., Timmis, J. K., Timmis, K., Anderson, M. Z., Bakken, L. R., Baylis, M., Behrenfeld, M. J., Boyd, P. W., Brettell, I., Cavicchioli, R., Delavaux, C. S., Foreman, C. M., Jansson, J. K., ... Galen, L. G. Van. (2024). Scientists' call to action: Microbes, planetary health, and the Sustainable Development Goals. *Cell*, 187(19), 5195–5216. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2024.07.051>
- Cuartero, J., Querejeta, J. I., Prieto, I., Frey, B., & Alguacil, M. M. (2024). Science of the Total Environment Warming and rainfall reduction alter soil microbial diversity and co-occurrence networks and enhance pathogenic fungi in dryland soils. *Science of the Total Environment*, 949(July), 175006. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.175006>
- Cunha, I. de C. ´ M. da, Silva, A. V. ´ R. da, Boleta, E. H. M., Pellegrinetti, T. A., Zagatto, L. F. G., Zagatto, S. dos S. S.,

- Chaves, M. G. de, Mendes, R., Patreze, C. M., Tsai, S. M., & Mendes, L. W. (2024). The interplay between the inoculation of plant growth-promoting rhizobacteria and the rhizosphere microbiome and their impact on plant phenotype. *Microbiol. Res.*, 283(127706), 1–14. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2024.127706>
- D. Constable, P., W. Hinchcliff, K., H. Done, S., & Grundberg, W. (2007). *Veterinary medicine: A Textbook of the diseases of cattle, horses, sheep, pigs, and goats* (sebelas). Elsevier Inc.
- Daisley, B. A., & Allen-vercoe, E. (2024). Microbes as medicine. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1541, 63–82. <https://doi.org/10.1111/nyas.15237>
- Dang, P., Chang, S. X., Chen, J., Qin, X., Ros, G. H., Tedersoo, L., Dang, P., Chang, S. X., Chen, J., Delgado-baquerizo, M., Bahram, M., & Eisenhauer, N. (2025). Article Long-term climate warming substantially reduces global soil microbial richness ll Article Long-term climate warming substantially reduces global soil microbial richness. *One Earth*, 9(1), 101511. <https://doi.org/10.1016/j.oneear.2025.101511>
- Danquah, C. A., Minkah, P. A. B., Junior, I. O. D., Amankwah, K. B., & Somuah, S. O. (2022). Antimicrobial Compounds from Microorganisms. *Antibiotics*, 11(3), 1–20. <https://doi.org/10.3390/antibiotics11030285>
- Deckers, M., Deforce, D., Fraiture, M. A., & Roosens, N. H. C. (2020). Genetically modified micro-organisms for industrial food enzyme production: An overview. *Foods*, 9(3). <https://doi.org/10.3390/foods9030326>
- Degruttola, A. K., Low, D., Mizoguchi, A., & Mizoguchi, E. (2016). Current Understanding of Dysbiosis in Disease in Human and Animal Models. *Inflammatory Bowel Diseases*, 22(5), 1137–1150. <https://doi.org/10.1097/MIB.0000000000000750>
- Delgado-Baquerizo M, Oliverio AM, Brewer TE, Benavent-gonzález A, Eldridge DJ, Bardgett RD, Maestre FT, Singh BK, Fierer N. 2018. A global atlas of the dominant bacteria from soil. *Science*. (80). 325:320–325.
- Delgado-Baquerizo, M., Maestre, F. T., Reich, P. B., Jeffries, T. C., Gaitan, J. J., Encinar, D., Berdugo, M., Campbell, C. D., & Singh, B. K. (2016). Microbial Diversity Drives Multifunctionality in Terrestrial Ecosystems. *Nature*

- Communications, 7, 1–8.
<https://doi.org/10.1038/ncomms10541>
- Demain, A. L. (2014). Importance of microbial natural products and the need to revitalize their discovery. *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology*, 41(2), 185–201. <https://doi.org/10.1007/s10295-013-1325-z>
- Diaz-Troya, S., & Huertas, M. J. (2024). Green microbes: Potential solutions for key sustainable development goals. *Microbial Biotechnology*, 17(8), 1–8. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.14546>
- Dong, K., Song, D., Li, S., Wang, X., Dai, L., Pei, X., Yang, X., Jiang, Y., Dong, K., Song, D., Li, S., Wang, X., Dai, L., Pei, X., Yang, X., & Jiang, Y. (2025). Significance of Whole-Genome Sequencing for the Traceability of Foodborne Pathogens: During the Processing of Meat and Dairy Products. *Foods*, 14(8). <https://doi.org/10.3390/foods14081410>
- Drakontis, C. E., & Amin, S. (2020). Biosurfactants: Formulations, properties, and applications. *Current Opinion in Colloid and Interface Science*, 48, 77–90. <https://doi.org/10.1016/j.cocis.2020.03.013>
- Dubey, A., Malla, M. A., Vimal, S. R., Kumar, A., Prasad, S. M., & Khan, M. L. (2025). Plant-microbiome engineering: synergistic microbial partners for crop health and sustainability. *Plant Growth Regul*, 1–15. <https://doi.org/10.1007/s10725-025-01385-5>
- Edda Francomano, Aci, M. M., Mosca, S., Mohamed, N. Z., Agosteo, G. E., Nicosia, M. G. L. D., Malacrino, A., & Schena, L. (2026). Plant health in the era of global changes, holobiont biology, and microbiome-based solutions. *Horticulture Research*. <https://doi.org/https://doi.org/10.1093/hr/uhaf364>
- Ehis-Eriakha, C. B., & Akemu, S. E. (2022). Impact of Heavy Metal Pollution on the Biotic and Abiotic Components of the Environment. *South Asian Journal of Research in Microbiology*, 13(3), 38–54. <https://doi.org/10.9734/sajrm/2022/v13i330302>
- Eisenhauer N, Lanoue A, Strecker T, Scheu S, Steinauer K, Thakur MP, Mommer L. 2017. Root biomass and exudates link plant diversity with soil bacterial and fungal biomass. *Sci. Rep.* 7:1–8. doi:10.1038/srep44641.
- Ejigu, G. F., Jung, J., Ejigu, G. F., & Jung, J. (2020). Review on the Computational Genome Annotation of Sequences Obtained

- by Next-Generation Sequencing. *Biology*, 9(9).
<https://doi.org/10.3390/biology9090295>
- El-Araby, R. (2024). Biofuel production: exploring renewable energy solutions for a greener future. *Biotechnology for Biofuels and Bioproducts*, 17(1).
<https://doi.org/10.1186/s13068-024-02571-9>
- Elazzazy, A. M., Baeshen, M. N., Alasmi, K. M., Alqurashi, S. I., Desouky, S. E., & Khattab, S. M. R. (2025). Where Biology Meets Engineering: Scaling Up Microbial Nutraceuticals to Bridge Nutrition, Therapeutics, and Global Impact. *Microorganisms*, 13(3).
<https://doi.org/10.3390/microorganisms13030566>
- El-seedi, H. R., El-mallah, M. F., Yosri, N., Alajlani, M., Zhao, C., Mehmood, M. A., Du, M., Ullah, H., Daglia, M., Guo, Z., Khalifa, S. A. M., & Shou, Q. (2023). Review of Marine Cyanobacteria and the Aspects Related to Their Roles: Chemical, Biological Properties, Nitrogen Fixation and Climate Change. *Marine Drugs*, 21(439), 1–34.
<https://doi.org/10.3390/md21080439>
- El-Shazly, A. I., El-Deen, A. M. N., Abdelwahed, N. A. M., Shetaia, Y. M., Ibrahim, N. A., & Farid, M. A. (2022). Medium Optimization for Isoflavone Aglycones Production From Fermented Defatted Soybean Flour by Display Of B-Glucosidase from *Bacillus licheniformis* Nrc24 and Evaluation of Their Antiviral and Antitumor Activities. *Journal of Microbiology, Biotechnology and Food Sciences*, 12(2), e5713. <https://doi.org/10.55251/jmbfs.5713>
- Erdiandini, I., Chusniasih, D., Abidin, Z., Nurfitriani, A., Manalu, A. I., Istiadi, K. A., Suryanti, E., Junaedi, A. S., & Marzuki, I. (2023). *Mikrobiologi Perairan*. Yayasan Kita Menulis.
- Esa, F. N., & Him, N. R. N. (2024). Bioaugmentation as Bioremediation Approach for Contaminated Soil: a Review. *Jurnal Teknologi*, 86(5), 89–102.
<https://doi.org/10.11113/jurnalteknologi.v86.21085>
- Falodun, M. O., Olorunfemi, O., & Irinoye, O. O. (2025). Infectious Diseases: Addressing Global Challenges and Prevention Strategies for National Health Improvement. *Community Acquired Infection*, 12(1).
<https://doi.org/10.54844/cai.2024.0533>

- Fan, B.-L., Chen, L.-H., Chen, L.-L., Guo, H., Fan, B.-L., Chen, L.-H., Chen, L.-L., & Guo, H. (2025). Integrative Multi-Omics Approaches for Identifying and Characterizing Biological Elements in Crop Traits: Current Progress and Future Prospects. *International Journal of Molecular Sciences*, 26(4). <https://doi.org/10.3390/ijms26041466>
- Farzaneh M, Vierheilig H, Lössl A, Kaul HP. 2011. Arbuscular mycorrhiza enhances nutrient uptake in chickpea. *Plant, Soil Environ.* 57(10):465–470.[doi:10.17221/133/2011-PSE](https://doi.org/10.17221/133/2011-PSE).
- Faulkner, M., Hoeven, R., Kelly, P. P., Sun, Y., Park, H., Liu, L. N., Toogood, H. S., & Scrutton, N. S. (2023). Chemoautotrophic production of gaseous hydrocarbons, bioplastics and osmolytes by a novel *Halomonas* species. *Biotechnology for Biofuels and Bioproducts*, 16(152), 1–14. <https://doi.org/10.1186/s13068-023-02404-1>
- Fierer N. 2017. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome. *Nature Reviews Microbiology*. 15(10): 579–590.
- Fortt, J., González, M., Morales, P., Araya, N., Remonsellez, F., Peña, T. C. de la, Ostria-Gallardo, E., & Stoll, A. (2022). Bacterial Modulation of the Plant Ethylene Signaling Pathway Improves Tolerance to Salt Stress in Lettuce (*Lactuca sativa* L.). *Front. Sustain. Food Syst.*, 6(768250), 1–13. [10.3389/fsufs.2022.768250](https://doi.org/10.3389/fsufs.2022.768250)
- Gama JT da. 2023. The role of soils in sustainability, climate change, and ecosystem services: challenges and opportunities. *Ecologies*. 4(3):552–567.[doi:10.3390/ecologies4030036](https://doi.org/10.3390/ecologies4030036).
- Gamez, R., Cardinale, M., Montes, M., Ramirez, S., Schnell, S., & Rodriguez, F. (2019). Screening, plant growth promotion and root colonization pattern of two rhizobacteria (*Pseudomonas fluorescens* Ps006 and *Bacillus amyloliquefaciens* Bs006) on banana cv. Williams (*Musa acuminata* Colla). *Microb. Res.*, 220, 12–20. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2018.11.006>
- Gao, B., Chi, L., Zhu, Y., Shi, X., Tu, P., Li, B., Yin, J., Gao, N., Shen, W., & Schnabl, B. (2021). An Introduction to Next Generation Sequencing Bioinformatic Analysis in Gut Microbiome

- Studies. *Biomolecules*, 11(4), 530.
<https://doi.org/10.3390/biom11040530>
- Gareev, I., Beylerli, O., Ilyasova, T., Mashkin, A., & Shi, H. (2024). The use of bioinformatic analysis to study intracerebral hemorrhage. *Brain Hemorrhages*, 5(4), 188–196.
<https://doi.org/10.1016/j.hest.2024.05.002>
- Garg N, Pandey R. 2015. Effectiveness of native and exotic arbuscular mycorrhizal fungi on nutrient uptake and ion homeostasis in salt-stressed. 25(3):165–180.[doi:10.1007/s00572-014-0600-9](https://doi.org/10.1007/s00572-014-0600-9).
- George, R. S., Sivaperumal, P., & Roy, A. (2022). Extracellular polymeric substances from marine actinobacterium of *Micromonospora* sp. and their antioxidant activity. *J. Adv. Pharm. Technol. Res.* 3, S80-S83. doi: 10.4103/japtr.japtr_335_22
- Ghoran, S. H., Taktaz, F., Sousa, E., Fernandes, C., & Kijjoo, A. (2023). Peptides from Marine-Derived Fungi: Chemistry and Biological Activities. *Marine Drugs*, 21(510), 1–82.
<https://doi.org/10.3390/md21100510>
- Glibert, P. M., & Mitra, A. (2022). From webs, loops, shunts, and pumps to microbial multitasking: Evolving concepts of marine microbial ecology, the mixoplankton paradigm, and implications for a future ocean. *Limnology and Oceanography*, 67, 585–597.
<https://doi.org/10.1002/lno.12018>
- Glick BR. 2010. Using soil bacteria to facilitate phytoremediation. *Biotechnol. Adv.* 28(3):367–374.[doi:10.1016/j.biotechadv.2010.02.001](https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2010.02.001).
- Gobena, S., Admassu, B., Kinde, M. Z., & Gessese, A. T. (2024). Proteomics and Its Current Application in Biomedical Area: Concise Review. *The Scientific World Journal*, 2024, 4454744. <https://doi.org/10.1155/2024/4454744>
- González, A., Fullaondo, A., Odriozola, A., González, A., Fullaondo, A., & Odriozola, A. (2025). Why Are Long-Read Sequencing Methods Revolutionizing Microbiome Analysis? *Microorganisms*, 13(8).
<https://doi.org/10.3390/microorganisms13081861>
- Greub, G. (2018). Chlamydia, rickettsias and other intracellular bacteria. *Microbes and Infection*, 20(7–8), 391.
<https://doi.org/10.1016/j.micinf.2018.08.002>

- Grigson, S. R., Bouras, G., Dutilh, B. E., Olson, R. D., & Edwards, R. A. (2025). Computational function prediction of bacteria and phage proteins. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 89(3), e00022-25. <https://doi.org/10.1128/mmbr.00022-25>
- Grzyb, T. (2024). Deciphering Molecular Mechanisms and Diversity of Plant Holobiont Bacteria: Microhabitats, Community Ecology, and Nutrient Acquisition.
- Gui, C., Zhang, S., Zhu, X., Ding, W., Huang, H., Gu, Y., Duan, Y., & Ju, J. (2017). Antimicrobial Spirotetronate Metabolites from Marine-Derived *Micromonospora harpali* SCSIO GJ089. *Journal of Natural Products*. <https://doi.org/10.1021/acs.jnatprod.7b00176>
- Gupta, A., Gupta, R., & Singh, R. L. (2017). Microbes and Environment. In R. L. Singh (Ed.), *Principles and Applications of Environmental Biotechnology for a Sustainable Future* (p. 487). Springer. <https://doi.org/10.1007/978-981-10-1866-4>
- Hajnajafi, K., & Iqbal, M. A. (2025). Mass-spectrometry based metabolomics: An overview of workflows, strategies, data analysis and applications. *Proteome Science*, 23(1), 5. <https://doi.org/10.1186/s12953-025-00241-8>
- Handajani, Y. S., Turana, Y., Yogiara, Y., Sugiyono, S. P., Lamadong, V., Widjaja, N. T., Christianto, G. A. M., & Suwanto, A. (2022). Effects of Tempeh Probiotics on Elderly With Cognitive Impairment. *Frontiers in Aging Neuroscience*, 14, 891773. <https://doi.org/10.3389/fnagi.2022.891773>
- Hanna, M., Jaqua, E., Nguyen, V., & Clay, J. (2022). B Vitamins: Functions and Uses in Medicine. *Permanente Journal*, 26(2), 89–97. <https://doi.org/10.7812/TPP/21.204>
- Harahap, I. A., Suliburska, J., Karaca, A. C., Capanoglu, E., & Esatbeyoglu, T. (2025). Fermented Soy Products: A Review of Bioactives for Health from Fermentation to Functionality. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 24(1), e70080. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.70080>
- Hariyani, D., Hariyani, P., Mishra, S., & Sharma, M. K. (2025). A Literature Review on Waste Management Treatment and Control Techniques. *Sustainable Futures*, 9(October 2024).

- <https://doi.org/10.1016/j.sftr.2025.100728>
- Harris J. 2012. Soil Microbial Communities and Restoration Ecology: Facilitators or Followers? *Science* (80). 325: 573–574. doi:10.1126/science.1172975.
- 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>
- Helminiak, L., Mishra, S., & Kim, H. K. (2022). Pathogenicity and virulence of *Rickettsia*. *Virulence*, 13(1), 1752–1771. <https://doi.org/10.1080/21505594.2022.2132047>
- Hou, Q., Aqeel, M., Dong, L., Peng, J., Sun, Y., & Li, F. (2026). Enhanced bacteria-fungi associations and soil microbial network stability underpin ecosystem multifunctionality across a 53-year desert restoration chronosequence. *Journal of Environmental Management*, 397(222), 128355. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2025.128355>
- Hoz-Romo, M. C. D. La, Díaz, L., & Villamil, L. (2022). Marine Actinobacteria a New Source of Antibacterial Metabolites to Treat Acne Vulgaris Disease — A Systematic Literature Review. *Antibiotics*, 11(965), 1–37. <https://doi.org/10.3390/antibiotics11070965>
- Hu, X., Xu, B., Chen, M., Li, K., Xiao, Y., Liang, S., Zhang, C., Ma, H., & Song, H. (2024). Development and assessment of cutting-edge biotechnologies. *Journal of Biosafety and Biosecurity*, 6(1), 51–63. <https://doi.org/10.1016/j.jobbb.2024.03.001>
- Huang, Y.-C., Wu, B.-H., Chu, Y.-L., Chang, W.-C., & Wu, M.-C. (2018). Effects of Tempeh Fermentation with *Lactobacillus plantarum* and *Rhizopus oligosporus* on Streptozotocin-Induced Type II Diabetes Mellitus in Rats. *Nutrients*, 10, 1143. <https://doi.org/10.3390/nu10081143>
- Hutchings, M., Truman, A., & Wilkinson, B. (2019). Antibiotics: Past, Present and Future. *Current Opinion in Microbiology*, 51, 72–80. <https://doi.org/10.1016/j.mib.2019.10.008>
- Ierardi, R. A. (2025). A review of bovine anaplasmosis (*Anaplasma marginale*) with emphasis on epidemiology and diagnostic testing. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, 1–2. <https://doi.org/10.1177/10406387251324180>

- Iskandar, K., Murugaiyan, J., Halat, D. H., Hage, S. El, Chibabhai, V., Adukkadukkam, S., Roques, C., Molinier, L., Salameh, P., & Van Dongen, M. (2022). Antibiotic Discovery and Resistance: The Chase and The Race. *Antibiotics*, 11(2), 182. <https://doi.org/10.3390/antibiotics11020182>
- Jacquier, N., & Greub, G. (2018). Chlamydiales , Anaplasma and Bartonella : persistence and immune escape of intracellular bacteria. *Elsevier*, 20, 416–423. <https://doi.org/10.1016/j.micinf.2017.11.002>
- Jatoi, A. S., Nguyen, H. M., & Jeyapaul, A. S. (2025). From Waste to Resource: Microbial Pathways for Sustainable Food Production. *Sustainable Food Technology*. <https://doi.org/10.1039/d5fb00287g>
- Jayashree BK, Raju K. Chalannavar, Nishant Nandini, Ravindra B. Malabadi, Kiran P. Kolkar, & Divakar MS. (2025). Yeast probiotics fermented food products: Gut microbiome and Women health. *World Journal of Advanced Research and Reviews*, 27(1), 1209–1230. <https://doi.org/10.30574/wjarr.2025.27.1.2523>
- Jitjumnong, J., Taweechaipaisankul, A., Lin, J.-C., Wongchanla, S., Chuwatthanakhajorn, S., Lin, C.-J., Khang, L. T. P., Linh, N. V., Sangsawad, P., Dinh-Hung, N., Tang, P.-C., Moonmanee, T., Jitjumnong, J., Taweechaipaisankul, A., Lin, J.-C., Wongchanla, S., Chuwatthanakhajorn, S., Lin, C.-J., Khang, L. T. P., ... Moonmanee, T. (2025). An Overview of Advancements in Proteomic Approaches to Enhance Livestock Production and Aquaculture. *Animals*, 15(13). <https://doi.org/10.3390/ani15131946>
- Joos, L., Tender, C. De, Holderbeke, A., Clement, L., Vandecasteele, B., & Debode, J. (2023). Agriculture , Ecosystems and Environment Exploring the microbial response as a potential bio-indicator for soil health : Insights from a controlled incubator experiment. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 356(June), 108634. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2023.108634>
- Jung, S. (2025). Advances in functional analysis of the microbiome: Integrating metabolic modeling, metabolite prediction, and pathway inference with Next-Generation Sequencing data. *Journal of Microbiology*, 63(1), e.2411006. <https://doi.org/10.71150/jm.2411006>

- Kadar, A. D., Astawan, M., Putri, S. P., & Fukusaki, E. (2020). Metabolomics Based Study of The Effect of Raw Materials to The End Product of Tempe—an Indonesian Fermented Soybean. *Metabolites*, 10(9), 1–11. <https://doi.org/10.3390/metabo10090367>
- Karnwal, A., Shrivastava, S., Al-Tawaha, A. R. M. S., Kumar, G., Singh, R., Kumar, A., Mohan, A., Yogita, & Malik, T. (2023). Microbial Biosurfactant as an Alternate to Chemical Surfactants for Application in Cosmetics Industries in Personal and Skin Care Products: A Critical Review. *BioMed Research International*, 2023. <https://doi.org/10.1155/2023/2375223>
- Kasmanas, J. C., Magnúsdóttir, S., Zhang, J., Smalla, K., Schloter, M., Stadler, P. F., de Leon Ferreira de Carvalho, A. C. P., & Rocha, U. (2025). Integrating comparative genomics and risk classification by assessing virulence, antimicrobial resistance, and plasmid spread in microbial communities with gSpreadComp. *GigaScience*, 14. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giaf072>
- Kasmawati, & Nasution, E. S. (2024). Environmental Microbiology: Microbes and Their Roles in Ecosystems. *International Journal of Natural Science Studies and Development (IJOSS)*, 1(2), 95–102. <https://doi.org/10.55299/ijoss.v1i2.17>
- Kaya, C., Uğurlar, F., & Adamakis, I.-D. S. (2023). Epigenetic and Hormonal Modulation in Plant–Plant Growth-Promoting Microorganism Symbiosis for Drought-Resilient Agriculture. *Int. J. Mol. Sci.*, 24(16064), 1–16. <https://doi.org/10.3390/ijms242216064>
- Kazim, Z. H. J., Abid, N. R. J., Fadhil, H. S. jabbar, Sada, F. A. Z. R. A., & Mohammed, R. mohammed J. (2025). Emerging Trends in Microbial Biotechnology : Applications in Healthcare and Environmental Sustainability. *American Journal of Biology and Natural Sciences*, 2(3), 119–131.
- Keasling, J., Garcia Martin, H., Lee, T. S., Mukhopadhyay, A., Singer, S. W., & Sundstrom, E. (2021). Microbial production of advanced biofuels. *Nature Reviews Microbiology*, 19(11), 701–715. <https://doi.org/10.1038/s41579-021-00577-w>
- Kellogg, J., & Kang, S. (2020). Metabolomics, an Essential Tool in Exploring and Harnessing Microbial Chemical Ecology.

- Phytobiomes Journal, 4(3), 195–210.
<https://doi.org/10.1094/PBIOMES-04-20-0032-RVW>
- Khan, M. I., Shin, J. H., & Kim, J. D. (2018). The promising future of microalgae : current status, challenges, and optimization of a sustainable and renewable industry for biofuels, feed, and other products. *Microbial Cell Factories*, 17(36), 1–21.
<https://doi.org/10.1186/s12934-018-0879-x>
- Khan, U. A., Riaz, L., Javaid, S., Shehzadi, I., Sufi, I., Naseem, A., Hanif, M. K., & Tahir, M. S. (2023). *Journal of Advanced Zoology*. *Journal of Advanced Zoology*, 44, 482–505.
- Kirchner, M., Nunez-Garcia, J., Duggett, N., Gosling, R. J., & Anjum, M. F. (2024). Use of transcriptomics and genomics to assess the effect of disinfectant exposure on the survival and resistance of *Escherichia coli* O157:H7, a human pathogen. *Frontiers in Microbiology*, 15.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1477683>
- Kiswanto, Y., & Astuti, R. D. (2025). Cholesterol Lowering Effects of Tempe Dietary Fiber On Rats. *Agrotech: Jurnal Ilmiah Teknologi Pertanian*, 7(2), 53–62.
<https://doi.org/10.37631/agrotech.v7i2.2225>
- Kitessa, W. M., Fufa, F., & Abera, D. (2022). Biogas Production and Biofertilizer Estimation from Anaerobic Co-Digestion of Blends of Wastewater and Microalgae. *International Journal of Chemical Engineering*, 2022.
<https://doi.org/10.1155/2022/3560068>
- Kiu, R., & Hall, L. J. (2018). An update on the human and animal enteric pathogen *Clostridium perfringens*. *Emerging Microbes & Infections*, 1751.
<https://doi.org/10.1038/s41426-018-0144-8>
- Knothe, G., & Razon, L. F. (2017). Biodiesel fuels. *Progress in Energy and Combustion Science*, 58, 36–59.
<https://doi.org/10.1016/j.pecs.2016.08.001>
- Kochhar, N., Kavya, I. K., Shrivastava, S., Ghosh, A., Rawat, V. S., Sodhi, K. K., & Kumar, M. (2022). Perspectives on the microorganism of extreme environments and their applications. *Current Research in Microbial Sciences*, 3(4), 100134. <https://doi.org/10.1016/j.crmicr.2022.100134>
- Kolesinska, B., Fraczyk, J., Binczarski, M., Modelska, M., Berlowska, J., Dziugan, P., Antolak, H., Kaminski, Z. J., Witonska, I. A., & Kregiel, D. (2019). Butanol synthesis routes for biofuel

- production: Trends and perspectives. *Materials*, 12(3).
<https://doi.org/10.3390/ma12030350>
- Kosmidis, A. K., Kamisoglu, K., Calvano, S. E., Corbett, S. A., & Androulakis, I. P. (2013). Metabolomic Fingerprinting: Challenges and Opportunities. *Critical Reviews in Biomedical Engineering*, 41(3), 205–221.
<https://doi.org/10.1615/critrevbiomedeng.2013007736>
- Kumar, P. S. (2021). Microbiomics: Were we all wrong before? *Periodontology* 2000, 85(1), 8–11.
<https://doi.org/10.1111/prd.12373>
- Kumar, P., Ramasamy, P., & Jagadeesan, M. (2025). Advanced proteomic approaches for characterizing halophilic bacteria: Insights into protein stability and industrial applications. *Ecological Genetics and Genomics*, 37, 100431. <https://doi.org/10.1016/j.egg.2025.100431>
- Kumari, A., Kumar, R., Rani, P., Beniwal, V., Kapoor, K. K., & Sharma, P. K. (2014). Role of Microbes in Sustainable Agriculture. In R. Nagpal, K. Ashwani, & R. Singh (Eds.), *Microbes in the Service of Mankind Tiny Bugs with Huge Impact* (p. 1128). JBC Press.
- Laherrere, J. (2002). Forecasting future production from past discovery. *International Journal of Global Energy Issues*, 18(2–4), 218–238.
<https://doi.org/10.1504/ijgei.2002.000961>
- Larenas-Linnemann, D., Rodríguez-Pérez, N., Arias-Cruz, A., Blandón-Vijil, M. V., Del Río-Navarro, B. E., Estrada-Cardona, A., Gereda, J. E., Luna-Pech, J. A., Navarrete-Rodríguez, E. M., Onuma-Takane, E., Pozo-Beltrán, C. F., & Rojo-Gutiérrez, M. I. (2020). Enhancing innate immunity against virus in times of COVID-19: Trying to untangle facts from fictions. *World Allergy Organization Journal*, 13(11), 100476. <https://doi.org/10.1016/j.waojou.2020.100476>
- Lee, J. M., Hammarén, H. M., Savitski, M. M., & Baek, S. H. (2023). Control of protein stability by post-translational modifications. *Nature Communications*, 14(1), 201. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-35795-8>
- Leeuwendaal, N. K., Stanton, C., O'toole, P. W., & Beresford, T. P. (2022). Fermented Foods, Health and the Gut Microbiome. *Nutrients*, 14(7), 1527.
<https://doi.org/10.3390/nu14071527>

- Lehmann A, Zheng W, Ryo M, Soutschek K, Redondo MA. 2020. Fungal Traits Important for Soil Aggregation. 10:1–13. doi:10.3389/fmicb.2019.02904.
- Li, Q., Zhu, R., Yi, W., Chai, W., Zhang, Z., & Lian, X. (2018). Penicphenalenins A - F from the culture of a marine-associated fungus *Penicillium* sp. ZZ901. *Phytochemistry*, 152, 53–60. <https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2018.04.021>
- Li, S., Ji, L., Shi, Q., Wu, H., & Fan, J. (2019). Advances in the production of bioactive substances from marine unicellular microalgae *Porphyridium* spp. *Bioresource Technology*, 292, 122048. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2019.122048>
- Li, X., Xu, H., Li, Y., Liao, S., & Liu, Y. (2023). Exploring Diverse Bioactive Secondary Metabolites from Marine Microorganisms Using Co-Culture Strategy. *Molecules*, 28(6371), 1–22. <https://doi.org/10.3390/molecules28176371>
- Lin, B., Wang, Y., Zhang, P., Yuan, Y., Zhang, Y., & Chen, G. (2020). Gut Microbiota Regulates Neuropathic Pain: Potential Mechanisms and Therapeutic Strategy. *Journal of Headache and Pain*, 21(1), 103. <https://doi.org/10.1186/s10194-020-01170-x>
- Lin, J., Hu, H., & Dhakal, D. (2025). Editorial : Microorganisms and microbial technologies for industry and environmental protection. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 13(1637987), 1–2. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2025.1637987>
- Lin, P. P., Jaeger, A. J., Wu, T. Y., Xu, S. C., Lee, A. S., Gao, F., Chen, P. W., & Liao, J. C. (2018). Construction and evolution of an *Escherichia coli* strain relying on nonoxidative glycolysis for sugar catabolism. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 115(14), 3538–3546. <https://doi.org/10.1073/pnas.1802191115>
- Liu, H. F., Ma, J., Winter, C., & Bayer, R. (2010). Recovery and purification process development for monoclonal antibody production. *MAbs*, 2(5), 480–499. <https://doi.org/10.4161/mabs.2.5.12645>
- Liu, K., Ding, H., Yu, Y., & Chen, B. (2019). A Cold-Adapted Chitinase-Producing Bacterium from Antarctica and Its

- Potential in Biocontrol of Plant Pathogenic Fungi. *Marine Drugs*, 17(695), 1–16. <https://doi.org/doi:10.3390/md17120695>
- Liu, L.-L., Xu, Y., Han, Z., Li, Y.-X., Lu, L., Lai, P.-Y., Zhong, J.-L., Guo, X.-R., Zhang, X.-X., & Qian, P.-Y. (2012). Four New Antibacterial Xanthonones from the Marine-Derived Actinomycetes *Streptomyces caelestis*. *Marine Drugs*, 10, 2571–2583. <https://doi.org/10.3390/md10112571>
- Liu, W., & Hang, Q. (2025). Symbiotic and Antagonistic Relationships between Microalgae and Environmental Microorganisms. *International Journal of Marine Science*, 15(4), 209–219. <https://doi.org/10.5376/ijms.2025.15.0019>
- Liu, X., Unaegbunam, E., & Stuart, D. T. (2021). Co-production of isobutanol and ethanol from prairie grain starch using engineered *Saccharomyces cerevisiae*. *Fermentation*, 7(3). <https://doi.org/10.3390/fermentation7030150>
- Liu, Y.-X., Qin, Y., & Bai, Y. (2019). Reductionist synthetic community approaches in root microbiome research. *Curr. Opin. Microbiol.*, 49, 97–102. 10.1016/j.mib.2019.10.010
- Lowe, R., Shirley, N., Bleackley, M., Dolan, S., & Shafee, T. (2017). Transcriptomics technologies. *PLoS Computational Biology*, 13(5), e1005457. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1005457>
- Lunney, J. K., Fang, Y., Ladinig, A., Chen, N., Li, Y., Rowland, B., & Renukaradhya, G. J. (2015). Porcine reproductive and Respiratory Syndrome Virus (PRRSV): Pathogenesis and interaction with the immune system. *Review in Advance*, November, 1–26. <https://doi.org/10.1146/annurev-animal-022114-111025>
- Luo N, Li X, Yu A, Jun L, Ming H, Xiang L, Ying Q, Hui C, Hung M, Li H. 2017. Science of the Total Environment Does arbuscular mycorrhizal fungus affect cadmium uptake and chemical forms in rice at different growth stages ?. *Sci. Total Environ.* 599–600:1564–1572.[doi:10.1016/j.scitotenv.2017.05.047](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2017.05.047).
- Luo, Y., Zhao, C., & Chen, F. (2024). Multiomics Research: Principles and Challenges in Integrated Analysis. *BioDesign Research*, 6, 0059. <https://doi.org/10.34133/bdr.0059>
- Ma, L., Zhao, H., Wu, L. B., Cheng, Z., & Liu, C. (2023). Impact of the microbiome on human, animal, and environmental health

- from a One Health perspective. *Science in One Health*, 2, 100037. <https://doi.org/10.1016/j.soh.2023.100037>
- Ma, W., Tang, S., & Dengzeng, Z. (2022). Root exudates contribute to belowground ecosystem hotspots : A review. *Frontiers in Microbiology*, October, 1–19. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.937940>
- Ma, Z., Zuo, T., Frey, N., & Rangrez, A. Y. (2024). A systematic framework for understanding the microbiome in human health and disease: From basic principles to clinical translation. *Signal Transduction and Targeted Therapy*, 9(1), 237. <https://doi.org/10.1038/s41392-024-01946-6>
- Madhogaria, B., Bhowmik, P., & Kundu, A. (2022). Correlation Between Human Gut Microbiome and Diseases. *Infectious Medicine*, 1(3), 180–191. <https://doi.org/10.1016/j.imj.2022.08.004>
- Madigan, Bender, Buckley, Sattley, & Stahl. (2019). *Brock Biology of Microorganisms* (15th ed.). Pearson.
- Madigan, M. T., Martinko, J. M., Bender, K. S., Buckley, D. H., & Stahl, D. A. (2015). *Brock Biology of Microorganism* (Fourteenth). Pearson.
- Madigan, M., Martinko, J., Stahl, D., & Clark, D. (2019). *Brock biology of microorganism*. In *Person Education* (13th ed., Vols. s3-XII, Issue 310). Pearson Education, Inc. <https://doi.org/10.1093/nq/s3-XII.310.469-a>
- Maldonado Galdeano, C., Novotny Nuñez, I., Carmuega, E., De Moreno De Leblanc, A., & Perdigón, G. (2015). Role of Probiotics and Functional Foods in Health: Gut Immune Stimulation by Two Probiotic Strains and a Potential Probiotic Yoghurt. In *Endocrine, Metabolic & Immune Disorders-Drug Targets* (Vol. 15).
- Manzanera, M. (2025). From Microbial Consortia to Ecosystem Resilience : The Integrative Roles of Holobionts in Stress Biology. *Biology*, 14(4), 1–20. <https://doi.org/10.3390/biology14091203>
- Marcia-Fuentes, J. A., Aleman, R. S., Areche, F. O., Flores, D. C., Roman, A. V., Martín-Vertedor, D., & Montero-Fernández, I. (2026). *Functional Foods: A Review of Foods Ingredient*

- and Their Health Benefits. *Food and Humanity*, 6, 100953.
<https://doi.org/10.1016/j.foohum.2025.100953>
- Marcus, K., Lelong, C., Rabilloud, T., Marcus, K., Lelong, C., & Rabilloud, T. (2020). What Room for Two-Dimensional Gel-Based Proteomics in a Shotgun Proteomics World? *Proteomes*, 8(3).
<https://doi.org/10.3390/proteomes8030017>
- Markande, A. R., Patel, D., & Varjani, S. (2021). A review on biosurfactants: properties, applications and current developments. *Bioresource Technology*, 330(1), 124963.
<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2021.124963>
- Marzban, G., & Tesei, D. (2025). The Extremophiles : Adaptation Mechanisms and Biotechnological Applications. *Biology*, 14(412), 1–16. <https://doi.org/10.3390/biology14040412>
- Marzban, G., & Tesei, D. (2025). The Extremophiles: Adaptation Mechanisms and Biotechnological Applications. *Biology*, 14(4), 412. <https://doi.org/10.3390/biology14040412>
- Matassa, S., Boon, N., Pikaar, I., & Verstraete, W. (2016). Microbial protein: future sustainable food supply route with low environmental footprint. *Microbial Biotechnology*, 9(5), 568–575. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.12369>
- Maulina NMI, Darmayasa IDN. 2018. Pemanfaatan rizobakteri isolat Al7Kla untuk memacu pertumbuhan. *DwijenAGRO*. 8(2): 134–143.
- McCarlie, S. J., du Preez, L. L., Hernandez, J. C., Boucher, C. E., & Bragg, R. R. (2024). Transcriptomic signature of bacteria exposed to benzalkonium chloride. *Research in Microbiology*, 175(4), 104151.
<https://doi.org/10.1016/j.resmic.2023.104151>
- Mcvey, D. S., Kennedy, M., Chengappa, M. ., & Wilkes, R. (2022). *Veterinary Microbiology - 4th Edition* (D. S. Mcvey, M. Kennedy, M. . Chengappa, & R. Wilkes (eds.); Fourth). John Wiley & Sons, Inc.,.
- Mirmohamadsadeghi, S., Karimi, K., Azarbaijani, R., Parsa Yeganeh, L., Angelidaki, I., Nizami, A. S., Bhat, R., Dashora, K., Vijay, V. K., Aghbashlo, M., Gupta, V. K., & Tabatabaei, M. (2021). Pretreatment of lignocelluloses for enhanced biogas production: A review on influencing mechanisms and the importance of microbial diversity. *Renewable and*

- Sustainable Energy Reviews, 135(8), 110173.
<https://doi.org/10.1016/j.rser.2020.110173>
- Mishra, T., Tiwari, P. B., Kanchan, S., & Kesheri, M. (2025). Advances in Microbial Bioremediation for Effective Wastewater Treatment. *Water (Switzerland)*, 17(22), 1–19. <https://doi.org/10.3390/w17223196>
- Misu, I. J., Kayess, M. O., Siddiqui, M. N., Gupta, D. R., Islam, M. N., & Islam, T. (2025). Microbiome Engineering for Sustainable Rice Production: Strategies for Biofertilization, Stress Tolerance, and Climate Resilience. *Microorganisms*, 13(233), 1–40.
<https://doi.org/10.3390/microorganisms13020233>
- Mitra, D., Mitra, D., Sabri Bensaad, M., Sinha, S., Pant, K., Pant, M., Priyadarshini, A., Singh, P., Dassamiour, S., Hambaba, L., Panneerselvam, P., & Das Mohapatra, P. K. (2022). Evolution of bioinformatics and its impact on modern bioscience in the twenty-first century: Special attention to pharmacology, plant science and drug discovery. *Computational Toxicology*, 24, 100248.
<https://doi.org/10.1016/j.comtox.2022.100248>
- Mondol, M. A. M., Shin, H. J., & Islam, M. T. (2013). Diversity of Secondary Metabolites from Marine Bacillus Species: Chemistry and Biological Activity. *Marine Drugs*, 11, 2846–2872. <https://doi.org/10.3390/md11082846>
- Muchane MN, Pulleman MM, Vanlauwe B, Joyce J, Kuyper, Thomas W. 2018. Impact of arbuscular mycorrhizal fungi and earthworms on soil aggregate stability , glomalin , and performance of pigeonpea , *Cajanus cajan*. *Soil Res.*:1–13.
[doi:doi.org/10.1071/SR18096](https://doi.org/10.1071/SR18096).
- Mukhoyaroh, H., Kesehatan, S., & Merauke, Y. (2015). Pengaruh Jenis Kedelai, Waktu dan Suhu Pemeraman Terhadap Kandungan Protein Tempe Kedelai. *Florea: Jurnal Biologi Dan Pembelajarannya*, 2(2), 47–51.
- Niu, B., Paulson, J. N., Zheng, X., & Kolter, R. (2017). Simplified and representative bacterial community of maize roots. *Microbiology*, 114(12), E2450–E2459.
<https://doi.org/10.1073/pnas.1616148114>
- Niu, B., Wang, W., Yuan, Z., Sederof, R. R., Sederoff, H., Chiang, V. L., & Borriess, R. (2020). Microbial Interactions Within Multiple-Strain Biological Control Agents Impact Soil-

- Borne Plant Disease. *Front. Microbiol.*, 11(585404), 1–16.
10.3389/fmicb.2020.585404
- Nnaji, P. T., Morse, H. R., Adukwu, E., & Chidugu-ogborigbo, R. U. (2022). Sponge – Microbial Symbiosis and Marine Extremozymes: Current Issues and Prospects. *Sustainability*, 14(6984), 1–10.
<https://doi.org/10.3390/su14126984>
- Noranarttakun, P., & Pharino, C. (2021). How does the green industry policy impact a developing country? A case study of the electronic products and electrical equipment manufacturing sector in Thailand. *Environment and Natural Resources Journal*, 19(5), 402–412.
<https://doi.org/10.32526/ennrj/19/2021028>
- Nosheen, S., Ajmal, I., & Song, Y. (2021). Microbes as Biofertilizers, a Potential Approach for Sustainable Crop Production. *Sustainability*, 13(1868), 1–20.
<https://doi.org/10.3390/su13041868>
- Nurkolis, F., Qhabibi, F. R., Yusuf, V. M., Bulain, S., Praditya, G. N., Lailossa, D. G., Mahira, M. F. N. Al, Prima, E. N., Arjuna, T., Rahayu, S., Gunawan, W. Ben, Kartawidjajaputra, F., Subali, D., & Permatasari, H. K. (2022). Anticancer Properties of Soy-Based Tempe: A Proposed Opinion for Future Meal. *Frontiers in Oncology*, 12, 1054399.
<https://doi.org/10.3389/fonc.2022.1054399>
- Nyangchak, N. (2022). Emerging green industry toward net-zero economy: A systematic review. *Journal of Cleaner Production*, 378(10), 134622.
<https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2022.134622>
- O’Connell, T. M. (2020). The Application of Metabolomics to Probiotic and Prebiotic Interventions in Human Clinical Studies. *Metabolites*, 10(3).
<https://doi.org/10.3390/metabo10030120>
- Ogunrinola, G. A., Oyewale, J. O., Oshamika, O. O., & Olasehinde, G. I. (2020). The Human Microbiome and Its Impacts on Health. *International Journal of Microbiology*, 2020, 8045646. <https://doi.org/10.1155/2020/8045646>
- Osman, A. I., Mehta, N., Elgarahy, A. M., Hefny, M., Al-Hinai, A., Al-Muhtaseb, A. H., & Rooney, D. W. (2022). Hydrogen production, storage, utilisation and environmental impacts: a review. In *Environmental Chemistry Letters*,

- 20(1), 153–188. <https://doi.org/10.1007/s10311-021-01322-8>
- Oulas, A., Minadakis, G., Zachariou, M., Sokratous, K., Bourdakou, M. M., & Spyrou, G. M. (2017). Systems Bioinformatics: Increasing precision of computational diagnostics and therapeutics through network-based approaches. *Briefings in Bioinformatics*, 20(3), 806–824. <https://doi.org/10.1093/bib/bbx151>
- Pal, S., Mondal, S., Das, G., Khatua, S., & Ghosh, Z. (2020). Big data in biology: The hope and present-day challenges in it. *Gene Reports*, 21, 100869. <https://doi.org/10.1016/j.genrep.2020.100869>
- Paliwoda, D., & Mikiciuk, G. (2020). Use of Rhizosphere Microorganisms in Plant Production - A Review Study. *Journal of Ecological Engineering*, 21(8), 292–310. <https://doi.org/10.12911/22998993/126597>
- Pan, C., Hassan, S. S. ul, Muhammad, I., & Jin, H. (2025). Marine fungi as a goldmine for novel antibiotics: a 2024 perspective. *Frontiers in Marine Science*, 11(1538136), 1–12. <https://doi.org/10.3389/fmars.2024.1538136>
- Pandey, A., Adama, N., Adjallé, K., & Blais, J. F. (2022). Sustainable applications of polyhydroxyalkanoates in various fields: A critical review. *International Journal of Biological Macromolecules*, 221(5), 1184–1201. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2022.09.098>
- Pandita, V., Parihar, A., Parihar, D. S., Panda, S., Shanmugarajan, D., Kumari, L., & Badwaik, H. R. (2022). System and network biology-based computational approaches for drug repositioning. *Computational Approaches for Novel Therapeutic and Diagnostic Designing to Mitigate SARS-CoV-2 Infection*, 267–290. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-91172-6.00003-0>
- Pane, K., Boccella, S., Guida, F., Franzese, M., Maione, S., & Salvatore, M. (2022). Role of Gut Microbiota in Neuropathy and Neuropathic Pain States: A Systematic Preclinical Review. *Neurobiology of Disease*, 170, 105773. <https://doi.org/10.1016/j.nbd.2022.105773>
- Panthee, B., Gyawali, S., Panthee, P., Techato, K., Panthee, B., Gyawali, S., Panthee, P., & Techato, K. (2022).

- Environmental and Human Microbiome for Health. *Life*, 12(3). <https://doi.org/10.3390/life12030456>
- Pardo-Díaz, S., Romero-Perdomo, F., Mendoza-Labrador, J., Delgadillo-Duran, D., Castro-Rincon, E., Silva, A. M. M., Rojas-Tapias, D. F., Cardoso, E. J. B. N., & Estrada-Bonilla, G. A. (2021). Endophytic PGPB Improves Plant Growth and Quality, and Modulates the Bacterial Community of an Intercropping System. *Front. Sustain. Food Syst.*, 5(715270), 1–10. [10.3389/fsufs.2021.715270](https://doi.org/10.3389/fsufs.2021.715270)
- Park, I., & Mannaa, M. (2025). Fermented Foods as Functional Systems: Microbial Communities and Metabolites Influencing Gut Health and Systemic Outcomes. *Foods*, 14(13), 2292. <https://doi.org/10.3390/foods14132292>
- Pérez-Cobas, A. E., Gomez-Valero, L., & Buchrieser, C. (2020). Metagenomic approaches in microbial ecology: An update on whole-genome and marker gene sequencing analyses. *Microbial Genomics*, 6(8), e000409. <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000409>
- Picard, M., Scott-Boyer, M.-P., Bodein, A., Périn, O., & Droit, A. (2021). Integration strategies of multi-omics data for machine learning analysis. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 19, 3735–3746. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2021.06.030>
- Pinedo-rivilla, C., Aleu, J., & Durán-Patrón, R. (2022). Cryptic Metabolites from Marine-Derived Microorganisms Using OSMAC and Epigenetic Approaches. *Marine Drugs*, 20(84), 1–34. <https://doi.org/10.3390/md20020084>
- Pinu, F. R., Beale, D. J., Paten, A. M., Kouremenos, K., Swarup, S., Schirra, H. J., & Wishart, D. (2019). Systems Biology and Multi-Omics Integration: Viewpoints from the Metabolomics Research Community. *Metabolites*, 9(4), 76. <https://doi.org/10.3390/metabo9040076>
- Piovani, D., Nikolopoulos, G. K., & Bonovas, S. (2022). Non-Communicable Diseases: The Invisible Epidemic. *Journal of Clinical Medicine*, 11(19), 5939. <https://doi.org/10.3390/jcm11195939>
- Poetsch, A. R. (2020). The genomics of oxidative DNA damage, repair, and resulting mutagenesis. *Computational and*

- Structural Biotechnology Journal, 18, 207–219.
<https://doi.org/10.1016/j.csbj.2019.12.013>
- Poli, A., Finore, I., Romano, I., Gioiello, A., Lama, L., & Nicolaus, B. (2017). Microbial Diversity in Extreme Marine Habitats and Their Biomolecules. *Microorganisms*, 5(25), 1–30.
<https://doi.org/10.3390/microorganisms5020025>
- Poljsak, B., Kovač, V., & Milisav, I. (2021). Antioxidants, food processing and health. *Antioxidants*, 10(3), 1–11.
<https://doi.org/10.3390/antiox10030433>
- Przymus, P., Rykaczewski, K., Martín-Segura, A., Truu, J., Carrillo De Santa Pau, E., Kolev, M., Naskinova, I., Gruca, A., Sampri, A., Frohme, M., & Nechyporenko, A. (2025). Deep learning in microbiome analysis: A comprehensive review of neural network models. *Frontiers in Microbiology*, 15.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1516667>
- Puri, V., Nagpal, M., Singh, I., Singh, M., Dhingra, G. A., Huanbutta, K., Dheer, D., Sharma, A., & Sangnim, T. (2022). A Comprehensive Review on Nutraceuticals: Therapy Support and Formulation Challenges. *Nutrients*, 14(21), 1–28. <https://doi.org/10.3390/nu14214637>
- Putri, R. H. N., Situmorang, N., & Pakpahan, E. A. (2024). The Effect of Giving Tempeh Flour (*Rhizopus oligosporus*) on The Body Weight of Mice (*Mus musculus*) on A Diet High in Saturated Fat. *Proceedings International Conference on Lifestyle Diseases and Natural Sciences*, 1.
- Qiu, S., Cai, Y., Yao, H., Lin, C., Xie, Y., Tang, S., & Zhang, A. (2023). Small molecule metabolites: Discovery of biomarkers and therapeutic targets. *Signal Transduction and Targeted Therapy*, 8, 132. <https://doi.org/10.1038/s41392-023-01399-3>
- Quinn, P., Markey, B., Leonard, F., Fitzpatrick, E., Fanning, S., & Hartigan, P. (2011). *Veterinary microbiology and microbial disease*. John Wiley & Sons, Inc.,.
- Qumsani, A. T. (2025). The contribution of microorganisms to sustainable development : towards a green future through synthetic biology and systems biology. *Journal of Umm Al-Qura University for Applied Sciences*, 11(4), 712–728.
<https://doi.org/10.1007/s43994-024-00180-8>
- Rabalais, N. N., Diaz, R. J., Levin, L. A., Turner, R. E., Gilbert, D., & Zhang, J. (2010). Dynamics and distribution of natural and

- human-caused hypoxia. *Biogeosciences*, 7, 585–619.
- Rahman, A., Zereen, F., Rana, L., Hossain, G., Shimada, M., & Saha, S. (2025). Foot-and-mouth disease in Asia. *Virus Research*, 351(December 2024), 199514. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2024.199514>
- Rai, S., Solanki, M. K., Anal, A. K. D., Sagar, A., Solanki, A. C., Kashyap, B. K., & Pandey, A. K. (2020). Emerging Frontiers of Microbes as Agro-Waste Recycler. In A. K. P. Brijendra Kumar Kashyap, Manoj Kumar Solanki, Dev Vrat Kamboj (Ed.), *Waste to Energy: Prospects and Applications* (p. 438). Springer Singapore. <https://doi.org/10.1007/978-981-33-4347-4>
- Ramakrishna W, Yadav R, Li K. 2019. Plant growth promoting bacteria in agriculture : Two sides of a coin. *Appl. Soil Ecol.* 138:10–18.[doi:10.1016/j.apsoil.2019.02.019](https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2019.02.019).
- Ramamurthy, P. C., Singh, S., Kapoor, D., Parihar, P., Samuel, J., Prasad, R., Kumar, A., & Singh, J. (2021). Microbial biotechnological approaches: renewable bioprocessing for the future energy systems. *Microbial Cell Factories*, 20(1), 1–11. <https://doi.org/10.1186/s12934-021-01547-w>
- Ramamurthy, P. C., Singh, S., Kapoor, D., Parihar, P., Samuel, J., Prasad, R., Kumar, A., & Singh, J. (2021). Microbial biotechnological approaches : renewable bioprocessing for the future energy systems. *Microbial Cell Factories*, 20(55), 1–11. <https://doi.org/10.1186/s12934-021-01547-w>
- Ramos, J. L., & Segura, A. (2024). Microbial biotechnology and beyond: A roadmap for sustainable development and climate mitigation in the transition from fossil fuels to green chemistry. *Microbial Biotechnology*, 17, 1–3. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.14434>
- Ranapangu, B., Sandhu, M., & Paul, A. T. (2025). LC-MS-based proteomics: Insights into natural product-directed cellular targeting. *Drug Discovery Today*, 30(12), 104534. <https://doi.org/10.1016/j.drudis.2025.104534>
- Rani, A., Saini, K. C., Bast, F., Mehariya, S., Bhatia, S. K., Lavecchia, R., & Zuorro, A. (2021). Microorganisms: A potential source of bioactive molecules for antioxidant applications. *Molecules*, 26(4), 1–34. <https://doi.org/10.3390/molecules26041142>
- Rapparini F, Peñuelas J. 2014. Mycorrhizal Fungi to Alleviate Drought Stress on Plant Growth. 1:21–

42.doi:10.1007/978-1-4614-9466-9.

- Rathod, N., Elabed, N., Punia, S., Ozogul, F., Kim, S. K., & Rocha, J. M. (2023). Recent Developments in Polyphenol Applications on Human Health: A Review with Current Knowledge. *Plants*, 12(3), 1–30. <https://doi.org/10.3390/plants12061217>
- Raveendran, S., Parameswaran, B., Ummalyma, S. B., Abraham, A., Mathew, A. K., Madhavan, A., Rebello, S., & Pandey, A. (2018). Applications of microbial enzymes in food industry. *Food Technology and Biotechnology*, 56(1), 16–30. <https://doi.org/10.17113/ftb.56.01.18.5491>
- Reddy, V., McCarthy, M., & Raval, A. P. (2022). Neurobiology of disease xenoestrogens impact brain estrogen receptor signaling during the female lifespan: A precursor to neurological disease? *Neurobiology of Disease*, 163, 105596. <https://doi.org/10.1016/j.nbd.2021.105596>
- Reverchon, F., Contreras-Ramos, S. M., Eskalen, A., Guerrero-Analco, J. A., Quiñones-Aguilar, E. E., Rios-Velasco, C., & Velázquez-Fernández, J. B. (2021). Microbial Biocontrol Strategies for Ambrosia Beetles and Their Associated Phytopathogenic Fungi. *Front. Sustain. Food Syst*, 5(737977), 1–13. [10.3389/fsufs.2021.737977](https://doi.org/10.3389/fsufs.2021.737977)
- Reygaert, W. C. (2018). An Overview of The Antimicrobial Resistance Mechanisms of Bacteria. *AIMS Microbiology*, 4(3), 482–501. <https://doi.org/10.3934/microbiol.2018.3.482>
- Roach, D. J., & Rafiq, M. (2025). Bioactivity of microbial biofilms in extreme environments. *September*, 1–15. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1602583>
- Roesch, L. F. W., Fulthorpe, R. R., Riva, A., Casella, G., Km, A., Kent, A. D., Daroub, S. H., Camargo, F. A. O., Farmerie, W. G., & Triplett, E. W. (2007). Pyrosequencing enumerates and contrasts soil microbial diversity. *International Society for Microbial Ecology*, 1, 283–290. <https://doi.org/10.1038/ismej.2007.53>
- Rollin, J. A., Del Campo, J. M., Myung, S., Sun, F., You, C., Bakovic, A., Castro, R., Chandrayan, S. K., Wu, C. H., Adams, M. W. W., Senger, R. S., & Zhang, Y. H. P. (2015). High-yield hydrogen production from biomass by in vitro metabolic engineering: Mixed sugars coutilization and kinetic

- modeling. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 112(16), 4964–4969. <https://doi.org/10.1073/pnas.1417719112>
- Rymaszevska, A., & Piotrowski, M. (2024). *Rickettsia Species: Genetic variability, vectors, and rickettsiosis — A review*. *Pathogens*, 13, 2–13.
- Sadanov, A. K., Baimakhanova, B. B., Orasymbet, S. E., Ratnikova, I. A., Turlybaeva, Z. Z., Baimakhanova, G. B., Amitova, A. A., Omirbekova, A. A., Aitkaliyeva, G. S., Kossalbayev, B. D., & Belkozhayev, A. M. (2025). *Engineering Useful Microbial Species for Pharmaceutical Applications*. *Microorganisms*, 13(599), 1–26. <https://doi.org/10.3390/microorganisms13030599>
- Sakai, T., & Morimoto, Y. (2022). *The History of Infectious Diseases and Medicine*. *Pathogens*, 11(10), 1147. <https://doi.org/10.3390/pathogens11101147>
- Salam, M. A., Al-Amin, M. Y., Salam, M. T., Pawar, J. S., Akhter, N., Rabaan, A. A., & Alqumber, M. A. A. (2023). *Antimicrobial Resistance: A Growing Serious Threat for Global Public Health*. *Healthcare (Switzerland)*, 11(13), 1946. <https://doi.org/10.3390/healthcare11131946>
- Samadhiya, K., Sangtani, R., Nogueira, R., & Bala, K. (2022). *Insightful Advancement and Opportunities for Microbial Bioplastic Production*. *Frontiers in Microbiology*, 12(1), 1–20. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.674864>
- Sanches, P. H. G., de Melo, N. C., Porcari, A. M., & de Carvalho, L. M. (2024). *Integrating Molecular Perspectives: Strategies for Comprehensive Multi-Omics Integrative Data Analysis and Machine Learning Applications in Transcriptomics, Proteomics, and Metabolomics*. *Biology*, 13(11), 848. <https://doi.org/10.3390/biology13110848>
- Sangtani, R., Nogueira, R., Yadav, A. K., & Kiran, B. (2023). *Systematizing Microbial Bioplastic Production for Developing Sustainable Bioeconomy: Metabolic Nexus Modeling, Economic and Environmental Technologies Assessment*. *Journal of Polymers and the Environment*, 31(7), 2741–2760. <https://doi.org/10.1007/s10924-023-02787-0>

- Santos, R. A. dos, Blabolil, P., Santos, R. A. dos, & Blabolil, P. (2025). Comparison of Bioinformatic Pipelines for eDNA Metabarcoding Data Analysis of Fish Populations. *Fishes*, 10(5). <https://doi.org/10.3390/fishes10050214>
- Saraswati R, Sumarno. 2008. Pemanfaatan Mikroba Penyubur Tanah Sebagai Komponen Teknologi Pertanian. *Iptek Tanam. Pangan*. 3(1):41–58.
- Sardi, A. (2025). Crucial Role of Microorganisms in Global Biogeochemical Cycles: Mechanisms, Interactions, and Environmental Implications. *Indonesian Journal of Environmental Sustainability*, 3(1), 71–90. <https://doi.org/10.22373/ijes.v3i1.7802>
- Satam, H., Joshi, K., Mangrolia, U., Waghoo, S., Zaidi, G., Rawool, S., Thakare, R. P., Banday, S., Mishra, A. K., Das, G., & Malonia, S. K. (2023). Next-Generation Sequencing Technology: Current Trends and Advancements. *Biology*, 12(7), 997. <https://doi.org/10.3390/biology12070997>
- Sati, H., Carrara, E., Savoldi, A., Hansen, P., Garlasco, J., Campagnaro, E., Boccia, S., Castillo-Polo, J. A., Magrini, E., Garcia-Vello, P., Wool, E., Gigante, V., Duffy, E., Cassini, A., Huttner, B., Pardo, P. R., Naghavi, M., Mirzayev, F., Zignol, M., ... Umubyeyi Nyaruhirira, A. (2025). The WHO Bacterial Priority Pathogens List 2024: a Prioritisation Study to Guide Research, Development, and Public Health Strategies Against Antimicrobial Resistance. *The Lancet Infectious Diseases*, 25(9), 1033–1043. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(25\)00118-5](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(25)00118-5)
- Schlöter M, Nannipieri P, Sørensen SJ, Elsas JD Van. 2018. 10.1007%2Fs00374-017-1248-3. *Biol Fertil Soils*. 54(2):1–10.
- Seifert, J. (2022). The Intestinal Microbiome and Metabolome of Dairy Cows Under Challenging Conditions. University of Hohenheim, Germany.
- Selim, M. S., Mounier, M. M., Abdelhamid, S. A., Hamed, A. A., Elsoud, M. M. A., & Mohamed, S. S. (2024). Characterization, modeling, and anticancer activity of L-arginase production from marine *Bacillus licheniformis* OF2. *BMC Biotechnology*, 24(6), 1–16. <https://doi.org/10.1186/s12896-024-00829-6>

- Sessitsch A, Wakelin S, Schlöter M, Maguin E, Cernava T, Champomier-Verges M-C, Charles TC, Cotter PD, Ferrocino I, Kriaa A, et al., 2023. Microbiome interconnectedness throughout environments with major consequences for healthy people and a healthy planet. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 87(3):1–26.doi:10.1128/mmbr.00212-22.
- Seyedmousavi, S., Bosco, S. D. M. G., Hoog, S. De, Ebel, F., Elad, D., Gomes, R. R., Jacobsen, I. D., Jensen, H. E., Martel, A., Mignon, B., Rodrigues, A. M., Pasmans, F., Pieckov, E., Singh, K., Vicente, V. A., Wibbelt, G., & Guillot, J. (2018). Fungal infections in animals : a patchwork of different situations. *Medical Mycology*, 54, 165–187. <https://doi.org/10.1093/mmy/myx104>
- Sharma, S. (2012). Bioremediation: Features, Strategies and Applications. *Asian Journal of Pharmacy and Life Science*, 2(2), 202–213.
- Sharma, S., Kaur, S., Naguib, M., Bragg, A., Schneider, A., Kulkarni, R. R., Nazmi, A., & Abdelaziz, K. (2025). Major foodborne bacterial pathogens in poultry: Implications for human health and the poultry industry and probiotic mitigation strategies. *Microorganisms*, 13, 1–41.
- Sheikh, S. M., Hussain, U., Umare, P. D., Jethani, D. L., & Prasad, S. K. (2025). Marine Archaea and Their Functional Networks in Oceanic Biogeochemical Cycling. *Springer Nature*, 2(74).
- Shen, Y., Fan, N., Ma, S. xia, Cheng, X., Yang, X., & Wang, G. (2025). Gut Microbiota Dysbiosis: Pathogenesis, Diseases, Prevention, and Therapy. *MedComm*, 6(5), e70168. <https://doi.org/10.1002/mco2.70168>
- Shi, S., Valle-Rodríguez, J. O., Siewers, V., & Nielsen, J. (2011). Prospects for microbial biodiesel production. *Biotechnology Journal*, 6(3), 277–285. <https://doi.org/10.1002/biot.201000117>
- Shin, D., Byun, W. S., Moon, K., Kwon, Y., Bae, M., Um, S., Lee, S. K., & Oh, D.-C. (2018). Coculture of Marine *Streptomyces* sp. With *Bacillus* sp. Produces a New Piperazic Acid-Bearing Cyclic Peptide. *Frontiers in Chemistry*, 6(498), 1–12. <https://doi.org/10.3389/fchem.2018.00498>
- Shyam, K. P., Rajkumar, P., Ramya, V., Sivabalan, S., Kings, A. J., & Miriam, L. R. M. (2021). Exopolysaccharide production by optimized medium using novel marine *Enterobacter*

- cloacae MBB8 isolate and its antioxidant potential. *Carbohydrate Polymer Technologies and Applications*, 2, 100070. <https://doi.org/10.1016/j.carpta.2021.100070>
- Sidebottom, A. M. (2023). A Brief History of Microbial Study and Techniques for Exploring the Gastrointestinal Microbiome. *Clinics in Colon and Rectal Surgery*, 36(2), 98–104. <https://doi.org/10.1055/s-0042-1760678>
- Silva, R. R. A., Marques, C. S., Arruda, T. R., Teixeira, S. C., & de Oliveira, T. V. (2023). Biodegradation of Polymers: Stages, Measurement, Standards and Prospects. *Macromol*, 3(2), 371–399. <https://doi.org/10.3390/macromol3020023>
- Simon, J., Marchesi, J. R., Mougél, C., & Selosse, M. (2019). Host-microbiota interactions : from holobiont theory to analysis. 1–5.
- Sipriyadi, S., Cahlia, U., Darwis, W., Wibowo, R. H., Nugraheni, E., & Sariyanti, M. (2021). Identification bacteria associated with *Haliclona* sp. sponges from Enggano Island, Indonesia with antimicrobial activity against human pathogens. *Malays J Microbiol*, 17(2), 178-189. <http://dx.doi.org/10.21161/mjm.200843>
- Sipriyadi, S., Nurfahmi, R. I., Cahlia, U., Wibowo, R. H., Darwis, W., & Nugraheni, E. (2022). Potential of marine sponge *Jaspis* sp.-associated bacteria as an antimicrobial producer in Enggano Island. *Indones J Biotechnol*, 27(3), 163-170. <https://doi.org/10.22146/ijbiotech.65943>
- Siraj, S., Khan, M. A., Hamayun, M., Ali, S., Khan, S. A., Hussain, A., Iqbal, A., Khan, H., Khan, H., Kang, S.-M., & Lee, I.-J. (2022). *Microbacterium oxydans* Regulates Physio-Hormonal and Molecular Attributes of *Solanum lycopersicum* under Drought Stress. *Agronomy*, 12(12), 1–16. <https://doi.org/10.3390/agronomy12123224>
- Smith S., Read D. 2009. *Mycorrhizal Symbiosis* (Third Edition). *Soil Sci. Soc. Am. J.* 73(1):253.[doi:10.2136/sssaj2008.0015br](https://doi.org/10.2136/sssaj2008.0015br).
- Soumare, A., Diedhiou, A. G., Thuita, M., Hafidi, M., Ouhdouch, Y., Gopalakrishnan, S., & Kouisni, L. (2020). Exploiting Biological Nitrogen Fixation: A Route Towards a Sustainable Agriculture. *Plants*, 9(1011), 1–22. <http://dx.doi.org/10.3390/plants9081011>
- Srinivasan, R., Kannappan, A., Shi, C., & Lin, X. (2021). Marine

- Bacterial Secondary Metabolites : A Treasure House for Structurally Unique and Effective Antimicrobial Compounds. *Marine Drugs*, 19(530), 1–36. <https://doi.org/10.3390/md19100530>
- Sudiartha, G. A. W., Imai, T., Mamimin, C., & Reungsang, A. (2023). Effects of Temperature Shifts on Microbial Communities and Biogas Production: An In-Depth Comparison. *Fermentation*, 9(7), 1–16. <https://doi.org/10.3390/fermentation9070642>
- Suman, J., Rakshit, A., Ogireddy, S. D., Singh, S., Gupta, C., & Chandrakala, J. (2022). Microbiome as a Key Player in Sustainable Agriculture and Human Health. *Frontiers in Soil Science*, 2(821589), 1–13. <https://doi.org/10.3389/fsoil.2022.821589>
- Sun, W., Wu, W., Liu, X., Zaleta-pinet, D. A., & Clark, B. R. (2019). Bioactive Compounds Isolated from Marine-Derived Microbes in China : 2009 – 2018. *Marine Drugs*, 17(339), 1–26. <https://doi.org/doi:10.3390/md17060339>
- Supratman, L., A'yun, Q., Lathifah, S. S., Rosyunita, Nurlaelah, I., Djasfar, S. P., Sianturi, R. M. D., Aqilah, S., Herawati, D., & Savana, T. (2025). *Mikrobiologi* (L. Supratman (ed.); Cetakan 1, Vol. 6). Cendekia Global Mandiri.
- Takeuchi, Y., Mizukami, H., Kudoh, K., Osonoi, S., Sasaki, T., Kushibiki, H., Ogasawara, S., Hara, Y., Igawa, A., Pan, X., Yamada, T., Yamazaki, K., Mikami, T., Daimon, M., Yagihashi, S., Hakamada, K., & Nakaji, S. (2022). The Diversity and Abundance of Gut Microbiota are Associated with The Pain Sensation Threshold in The Japanese Population. *Neurobiology of Disease*, 173, 105839. <https://doi.org/10.1016/j.nbd.2022.105839>
- Talapko, J., Talapko, D., Matic, A., & Škrlec, I. (2022). Microorganisms as New Sources of Energy. *Energies*, 15(6385), 1–20. <https://doi.org/10.3390/en15176365>
- Talapko, J., Talapko, D., Matic, A., & Škrlec, I. (2022). Microorganisms as New Sources of Energy. *Energies*, 15(8), 1–20. <https://doi.org/10.3390/en15176365>
- Tamam, B., Syah, D., Suhartono, M. T., Kusuma, W. A., Tachibana, S., & Lioe, H. N. (2019). Proteomic Study of Bioactive Peptides from Tempe. *Journal of Bioscience and*

- Bioengineering, 128(2), 241–248.
<https://doi.org/10.1016/j.jbiosc.2019.01.019>
- Tan, S. Y., & Tatsumura, Y. (2015). Alexander Fleming (1881–1955): Discoverer of penicillin. *Singapore Medical Journal*, 56(7), 366–367.
<https://doi.org/10.11622/smedj.2015105>
- Tariq, A., Guo, S., Farhat, F., Farhat, F., & Shen, X. (2025). Engineering synthetic microbial communities: diversity and applications in soil for plant resilience. *Agronomy*, 15(3), 1–21.
<https://doi.org/10.3390/agronomy15030513>
- Teoh, S. Q., Chin, N. L., Chong, C. W., Ripen, A. M., How, S., & Lim, J. J. L. (2024). A Review on Health Benefits and Processing of Tempeh With Outlines on Its Functional Microbes. *Future Foods*, 9, 100330.
<https://doi.org/10.1016/j.fufo.2024.100330>
- Tesema, H. A. (2025). Microbial Contributions to Forest Ecosystem Resilience in Ethiopia: A Systematic Review and Future Directions. *Ecological Indicators*, 179(June), 114215. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2025.114215>
- Timmusk, S., Behers, L., Muthoni, J., Muraya, A., & Aronsson, A.-C. (2017). Perspectives and Challenges of Microbial Application for Crop Improvement. *Front. Plant Sci.*, 8(49), 1–10. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00049>
- Trivedi P, Leach JE, Tringe SG, Sa T, Singh BK. 2020. Plant-microbiome interactions: from community assembly to plant health. *Nat. Rev. Microbiol.* 18(11):607–621. [doi:10.1038/s41579-020-0412-1](https://doi.org/10.1038/s41579-020-0412-1).
- Trivedi, P., Leach, J. E., Tringe, S. G., Sa, T., & Singh, B. K. (2020). Plant-microbiome interactions: from community assembly to plant health. *Nature Reviews Microbiology*, 18(11), 607–621. <https://doi.org/10.1038/s41579-020-0412-1>
- Tzec-Interián, J. A., González-Padilla, D., & Góngora-Castillo, E. B. (2025). Bioinformatics perspectives on transcriptomics: A comprehensive review of bulk and single-cell RNA sequencing analyses. *Quantitative Biology*, 13(2), e78. <https://doi.org/10.1002/qub2.78>
- Urry, L. A., Chain, M. L., Wasserman, S. A., Minorsky, P. V., & Orr, R. B. (2020). *Campbell Biology* (Twelfth ed). Pearson.

- Uzair, B., Bano, A., Niazi, M. B. K., Khan, F., Mujtaba, G., Habiba, U., Khan, N. N., & Khan, B. A. (2018). In vitro antifungal activity of 9, 10-dihydrophenanthrene-2- carboxylic acid isolated from a marine bacterium : *Pseudomonas putida*. *Pakistan Journal of Pharmaceutical Sciences*, 31(6), 2733–2736.
- Vacheron J, Desbrosses G, Bouffaud ML, Touraine B, Moënnelocoz Y, Muller D, Legendre L, Wisniewski-Dyé F, Prigent-Combaret C. 2013. Plant growth-promoting rhizobacteria and root system functioning. *Front. Plant Sci.* 4(SEP).doi:10.3389/fpls.2013.00356.
- van Aalst, A. C. A., de Valk, S. C., van Gulik, W. M., Jansen, M. L. A., Pronk, J. T., & Mans, R. (2022). Pathway engineering strategies for improved product yield in yeast-based industrial ethanol production. *Synthetic and Systems Biotechnology*, 7(1), 554–566. <https://doi.org/10.1016/j.synbio.2021.12.010>
- Van Der Heijden MGA, Bardgett RD, Van Straalen NM. 2008. The unseen majority: Soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. *Ecol. Lett.* 11(3):296–310.doi:10.1111/j.1461-0248.2007.01139.x.
- Van, T. T. H., Smooker, P. M., & Wu, S. (2023). Editorial : Bacterial diseases in poultry : Biology , virulence and prevention in the age of reduced antibiotic use. *Frontiers in Veterinary Science*. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.0>
- Varghese, S., Dhanraj, N. D., Rebello, S., Sindhu, R., Binod, P., Pandey, A., Jisha, M. S., & Awasthi, M. K. (2022). Leads and hurdles to sustainable microbial bioplastic production. *Chemosphere*, 305(3), 135390. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2022.135390>
- Vello, F., Filippini, F., & Righetto, I. (2024). Bioinformatics Goes Viral: I. Databases, Phylogenetics and Phylodynamics Tools for Boosting Virus Research. *Viruses*, 16(9), 1425. <https://doi.org/10.3390/v16091425>
- Vermelho, A. B., Cardoso, V. da S., Domingos, L. T. S., Akamine, I. T., Amenu, B., Osei, B. K., & Neves Junior, A. (2025). Advancements in Microbial Applications for Sustainable Food Production. *Foods*, 14(10), 1–49. <https://doi.org/10.3390/foods14193427>
- Vermelho, A. B., Cardoso, V. da S., Domingos, L. T. S., Akamine, I. T., Amenu, B., Osei, B. K., & Neves Junior, A. (2025).

- Advancements in Microbial Applications for Sustainable Food Production. *Foods*, 14(19), 3427. <https://doi.org/10.3390/foods14193427>
- Visca, A., Gregorio, L. Di, Costanzo, M., Clagnan, E., Nolfi, L., Bernini, R., Orgiazzi, A., Jones, A., Vitali, F., Mocali, S., & Bevivino, A. (2025). Microbial Bioindicators for Monitoring the Impact of Emerging Contaminants on Soil Health in the European Framework. 1–16.
- Vitorino, L. C., & Bessa, L. A. (2017). Technological Microbiology : Development and Applications. *Frontiers in Microbiology*, 8(827), 1–23. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00827>
- Vivoda, V., Krame, G., & Spraggon, M. (2023). Oil Theft, Energy Security and Energy Transition in Mexico. *Resources*, 12(2), 1–15. <https://doi.org/10.3390/resources12020030>
- Wagg C, Bender SF, Widmer F, Van Der Heijden MGA. 2014. Soil biodiversity and soil community composition determine ecosystem multifunctionality. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 111(14):5266–5270.doi:10.1073/pnas.1320054111.
- Wahyudi, A. T., Nursari, R., Purwaningtyas, W. E., Cahlia, U., & Priyanto, J. A. (2022). Crude extract of blue-green pigment derived from the marine bacterium *Pseudomonas aeruginosa* P1.S9 has antibacterial, antioxidant, and cytotoxic activities. *Online J. Biol. Sci*, 22(1), 118-125. <https://doi.org/10.3844/ojbsci.2022.118.125>
- Wang, C., Bai, X., & Wang, J. (2025). Exploring the diagnostic landscape of *Mannheimia haemolytica*: technologies, applications, and perspectives. *Frontiers in Microbiology*, October, 1–13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1680478>
- Wang, J., Long, Y., Yu, G., Wang, G., Zhou, Z., Li, P., Zhang, Y., Yang, K., & Wang, S. (2022). A Review on Microorganisms in Constructed Wetlands for Typical Pollutant Removal: Species, Function, and Diversity. *Frontiers in Microbiology*, 13(April). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.845725>
- Wang, J., Peñuelas, J., Shi, X., Liu, Y., Delgado Baquerizo, M., Mao, J., Zhang, G., Liu, C., & Pan, G. (2024). Soil Microbial Biodiversity Supports The Delivery of Multiple Ecosystem Functions Under Elevated CO₂ and Warming. *Communications Earth and Environment*, 5(1), 1–9.

- <https://doi.org/10.1038/s43247-024-01767-z>
- Wang, S., Li, X., Yang, W., & Huang, R. (2024). Exploring the secrets of marine microorganisms: Unveiling secondary metabolites through metagenomics. *Microbial Biotechnology*, 17(e14533), 1–13. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.14533>
- Wang, W., Bi, S., Li, F., Degen, A. A., Li, S., Huang, M., Luo, B., Zhang, T., & Qi, S. (2025). Soil organic matter composition affects ecosystem multifunctionality by mediating the composition of microbial communities in long - term restored meadows. *Environmental Microbiome*. <https://doi.org/10.1186/s40793-025-00678-6>
- Wastyk, H. C., Fragiadakis, G. K., Perelman, D., Dahan, D., Merrill, B. D., Yu, F. B., Topf, M., Gonzalez, C. G., Van Treuren, W., Han, S., Robinson, J. L., Elias, J. E., Sonnenburg, E. D., Gardner, C. D., & Sonnenburg, J. L. (2021). Gut-Microbiota-Targeted Diets Modulate Human Immune Status. *Cell*, 184(16), 4137-4153.e14. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.06.019>
- Wibowo, R. H., Sipriyadi, Adfa, M., Prastya, M. E., Cahlia, U., Fahmi, R. I. N., & Rothman, D. D. (2025). Bioprospeksi Senyawa Antibakteri dari Bakteri yang Berasosiasi pada Bulu Babi asal Kabupaten Kaur , Bengkulu. *Jurnal Kelautan Tropis*, 28(3), 487–496. <https://doi.org/10.14710/jkt.v28i3.29412>
- Widianingrum, D. C., & Septio, R. W. (2023). Peran Peternakan dalam Mendukung Ketahanan Pangan Indonesia : Kondisi, Potensi, dan Peluang Pengembangan. *National Multidisciplinary Sciences*, 2(3), 285–291.
- Williams, J., Pettorelli, N., Hartmann, A. C., Quinn, R. A., Plaisance, L., Mahoney, M. O., Meyer, C. P., Fabricius, K. E., Knowlton, N., & Ransome, E. (2024). Decline of a distinct coral reef holobiont community under ocean acidification. *Microbiome*, 1–16. <https://doi.org/10.1186/s40168-023-01683-y>
- Wirth, R., Kovács, E., Maráti, G., Bagi, Z., Rákhely, G., & Kovács, K. L. (2012). Characterization of a biogas-producing microbial community by short-read next generation DNA sequencing. *Biotechnology for Biofuels*, 5, 1–16. <https://doi.org/10.1186/1754-6834-5-41>

- Wojtowicz, W., & Mlynarz, P. (2016). Metabolomics and fluxomics in biotechnology: Current trends. *BioTechnologia*, 97(2), 137–144. <https://doi.org/10.5114/bta.2016.60783>
- Wolosowicz, M., Lukaszuk, B., & Chabowski, A. (2020). The Causes of Insulin Resistance in Type 1 Diabetes Mellitus: Is There a Place for Quaternary Prevention? *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 17(22), 1–13. <https://doi.org/10.3390/ijerph17228651>
- Wu, M., Zuo, S., Maiorano, G., Kosobucki, P., & Stadnicka, K. (2022). How to employ metabolomic analysis to research on functions of prebiotics and probiotics in poultry gut health? *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1040434>
- Wu, P., Huang, J., Zheng, Y., Yang, Y., Zhang, Y., He, F., Chen, H., Quan, G., Yan, J., Li, T., & Gao, B. (2019). Environmental Occurrences, Fate, and Impacts of Microplastics. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 184(April), 109612. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2019.109612>
- Wu, X., Zhou, Q., Zeng, H., & Hu, X. (2024). Lake Microbiome Composition Determines Community Adaptability to Warming Perturbations. *Ecological Processes*, 13(1), 1–15. <https://doi.org/10.1186/s13717-024-00516-6>
- Wubs ERJ, Van Der Putten WH, Bosch M, Bezemer TM. 2016. Soil inoculation steers restoration of terrestrial Ecosystems. *Nat. Plants*. 2(8):1–5.[doi:10.1038/NPLANTS.2016.107](https://doi.org/10.1038/NPLANTS.2016.107)
- Wurzelmann, M., Romeika, J., & Sun, D. (2017). Therapeutic Potential of Brain-Derived Neurotrophic Factor (BDNF) and a Small Molecular Mimics of BDNF for Traumatic Brain Injury. *Neural Regeneration Research*, 12(1), 7–12. <https://doi.org/10.4103/1673-5374.198964>
- Xiao, S., Chen, N., Chai, Z., Zhou, M., Xiao, C., Zhao, S., & Yang, X. (2022). Secondary Metabolites from Marine-Derived *Bacillus*: A Comprehensive Review of Origins, Structures, and Bioactivities. *Marine Drugs*, 20(567), 1–31. <https://doi.org/10.3390/md20090567>
- Xu, P., Ding, L., Wei, J., Li, Q., Gui, M., He, X., Su, D., He, S., & Jin, H. (2019). A new aquatic pathogen inhibitor produced by the marine fungus *Aspergillus*. *Aquaculture*, 734670. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2019.734670>

- Xu, X., Dong, Y., Yang, J., Wang, L., Ma, L., Song, F., & Ma, X. (2024). Secondary Metabolites from Marine-Derived Fungus *Penicillium rubens* BTBU20213035. *Journal of Fungi*, 10(424), 1–12. <https://doi.org/10.3390/jof10060424>
- Xu, X., Thornton, P. E., & Post, W. M. (2013). A global analysis of soil microbial biomass carbon, nitrogen and phosphorus in terrestrial ecosystems. *Global Ecology and Biogeography*, 22, 737–749. <https://doi.org/10.1111/geb.12029>
- Xu, Y., Song, Y., Ning, Y., Li, S., Qu, Y., Jiao, B., & Lu, X. (2024). Macrolactin XY, a Macrolactin Antibiotic from Marine-Derived *Bacillus subtilis* sp. 18. *Marine Drugs*, 22(331), 1–14. <https://doi.org/10.3390/md22080331>
- Yang, H., Tian, J., Zhao, J., & Zhao, Y. (2024). The application of newcastle disease virus (NDV): vaccine. *Viruses*, 26, 1–17. <https://doi.org/https://doi.org/10.3390/v16060886>
- Yang, Y. (2025). The Application of Genomics in Agriculture. *Agricultural Science and Food Processing*, 2(1), 26–46. <https://doi.org/10.62762/ASFP.2025.111574>
- Yilmaz, B., Baertschi, I., Meier, K. H. U., Le Gac, C., Jordi, S. B. U., Black, C., Li, J., Lindholm, A. K., Ciftci, P., Evans, J., Boatman, B., Knowles, S. C. L., Hanski, E., Baines, J. F., Cowan, P. J., Grassi, F., Maffei, S., Bozza, M. T., Vidal, V. M., ... Macpherson, A. J. (2025). A global survey of taxa-metabolic associations across mouse microbiome communities. *Cell Host & Microbe*, 33(11), 1960–1976.e10. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2025.10.010>
- Yunilas, HW, T., Ginting, N., & SS, I. (2019). Aplikasi mikroba pada pakan ternak. Anugrah Pangeran Jaya Press.
- Zabermawi, N. M., Alsulaimany, F. A. S., El-Saadony, M. T., & El-Tarabily, K. A. (2022). New eco-friendly trends to produce biofuel and bioenergy from microorganisms: An updated review. *Saudi Journal of Biological Sciences*. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2022.02.024>
- Zachary, J. F. (2020). *Mechanisms of Microbial Infections* 1. Elsevier, January.
- Zaman, S., Shan, Z., Zaman, S., & Shan, Z. (2024). Literature Review of Proteomics Approach Associated with Coffee. *Foods*, 13(11). <https://doi.org/10.3390/foods13111670>
- Zhang, Y., Qian, F., & Bao, Y. (2025). Variations of Microbiota and Metabolites in Rhizosphere Soil of *Carmona microphylla* at the Co-contaminated Site with Polycyclic Aromatic

- Hydrocarbons and Heavy Metals. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 290(117734).
<https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2025.117734>
- Zhou, W., Liang, H., Qin, X., Cao, D., Zhu, X., Ju, J., Shen, B., Duan, Y., & Huang, Y. (2020). The Isolation of Pyrroloformamide Congeners and Characterization of Their Biosynthetic Gene Cluster. *Journal of Natural Medicines*, 83(2), 202–209.
<https://doi.org/10.1021/acs.jnatprod.9b00321>
- Zhu, W., Jiang, X., Sun, H., Li, Y., Shi, W., Zheng, M., Liu, D., Ma, A., & Feng, X. (2021). Global Lysine Acetylation and 2-Hydroxyisobutyrylation Profiling Reveals the Metabolism Conversion Mechanism in *Giardia lamblia*. *Molecular & Cellular Proteomics*, 20, 100043.
<https://doi.org/10.1074/mcp.RA120.002353>
- Zhu, Y., Wang, Y., Gao, H., Wang, H., Wan, Z., Jiang, Y., Xin, F., Zhang, W., & Jiang, M. (2021). Current advances in microbial production of 1,3-propanediol. *Biofuels, Bioproducts and Biorefining*, 15(5), 1566–1583.
<https://doi.org/10.1002/bbb.2254>
- Zilber-rosenberg, I., & Rosenberg, E. (2008). Role of microorganisms in the evolution of animals and plants : the hologenome theory of evolution.
<https://doi.org/10.1111/j.1574-6976.2008.00123.x>

PROFIL PENULIS

Dr. Ira Erdiandini, S. Si, M. Si



Ira Erdiandini. Saat ini tercatat sebagai lulusan Program Doktor, FMIPA IPB, bidang ilmu Mikrobiologi. Wanita yang kerap disapa Ira ini adalah seorang dosen Fakultas Pertanian, Universitas Tanjungpura Pontianak, dengan NIDN: 0005128604 dan alamat email

koresponden: ira.erdiandini@faperta.untan.ac.id. Ira juga aktif menulis buku di antaranya adalah “Kita Menulis: Merdeka Menulis”, “Fisiologi Tumbuhan”, “Teknologi Fermentasi”, “Anatomi Tumbuhan”, “Mikrobiologi dan Parasitologi”, “Pemuliaan Tanaman”, “Mikrobiologi Pertanian”, “Mikrobiologi Perairan” dan “Mikrobiologi Tanah.

Shafira Qurrata A’yuni, S.Si



Penulis lahir di Pontianak pada 14 Februari 2001. Saat ini penulis merupakan mahasiswa Pascasarjana Mikrobiologi, Departemen Biologi, FMIPA Institut Pertanian Bogor, dengan fokus penelitian pada mikrobioma tanah, yang sangat relevan dengan tema buku ini. Penulis

menyelesaikan studi Sarjana di Program Studi Biologi, FMIPA Universitas Tanjungpura Pontianak. Selama perjalanan akademik, serta aktif dalam berbagai organisasi

kemahasiswaan. Penulis juga telah menghasilkan karya ilmiah, salah satunya artikel berjudul "*Antibacterial Activity of Simpur Leaves Methanol Extract (Dillenia sp.) Against Staphylococcus aureus*" yang dipublikasikan di Jurnal BIOS LOGOS (Vol. 15, No. 1, 2025). Penulis dapat dihubungi melalui email : ayunishafira@apps.ipb.ac.id

Aslikh Lana Dina, S. Si., M. Biotech.



Penulis lahir di Jepara, 3 September 1995. Penulis adalah dosen tetap pada Program Studi Agroteknologi Fakultas Pertanian Universitas Siliwangi. Menyelesaikan pendidikan S1 pada Jurusan Biologi di UIN Sunan Kalijaga dan melanjutkan S2 pada Jurusan Bioteknologi di Universitas Gadjah Mada. Penulis dapat dihubungi melalui e-mail: aslikhlanadina@unsil.ac.id

Uci Cahlia, S. Si, M. Si



Penulis lahir di Banyuasin, Sumatera Selatan pada tanggal 20 Mei 1997. Penulis adalah dosen tetap pada Program Studi S-1 Biologi, Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Bengkulu. Penulis telah menyelesaikan pendidikan S1 di program studi Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Bengkulu, dan melanjutkan pendidikan S2 di program studi Mikrobiologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan

Alam, IPB University, Bogor. Penulis dapat dihubungi melalui e-mail: ucahlia@unib.ac.id

Maulida Aqlinia, S. Si, M. Si



Maulida Aqlinia atau yang akrab disapa Mauli, saat ini berprofesi sebagai dosen di Universitas Siliwangi yang terletak di Priangan Timur. Penulis lulus dari Universitas Diponegoro sebagai Sarjana Sains dalam bidang Biologi dan telah menyelesaikan studi lanjutan sebagai Magister Sains dari Sekolah Pascasarjana IPB University dalam bidang Mikrobiologi. Ketertarikannya pada dunia mikroba mendorong keterlibatannya dalam kegiatan ilmiah berbasis ilmu Mikrobiologi yang berorientasi pada sains dan aplikasinya. Untuk keperluan korespondensi, penulis dapat dihubungi melalui email: maulidaaqlinia@unsil.ac.id

Qurrota A'yun, S. Si, M. Si



Penulis merupakan Lulusan S-1 dari Program Studi Biologi Universitas Islam As-Syafi'iyah (UIA), Jakarta dan lulusan S-2 pada Program studi Mikrobiologi Institut Pertanian Bogor (IPB). Saat ini, penulis bekerja sebagai dosen tetap pada Program Studi Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Islam As-Syafi'iyah, Jatiwaringin. Bidang yang penulis tekuni adalah mikrobiologi. Selain mengajar, penulis tergabung dalam tim Gugus penjaminan

mutu Fakultas dan semenjak tahun 2022 hingga sekarang bertugas sebagai ketua Auditor Mutu Internal (AMI) Universitas. Aktif menulis artikel di berbagai Jurnal ilmiah dan beberapa buku yang telah diterbitkan. Penulis dapat dihubungi melalui email : qurrotaayun100.qay@gmail.com

Ika Setianingsih, S. Si, M. Si



Penulis dilahirkan di Sleman, 30 Oktober 1984 sebagai anak pertama dari empat bersaudara. Pendidikan sarjana ditempuh di Program Studi Biologi, FMIPA Universitas Mataram NTB (2008). Penulis menempuh pendidikan pascasarjana di Program Studi Ilmu Kedokteran Tropis UGM (2015) dan Mikrobiologi IPB (2024).

Penulis saat ini bertugas di Loka Laboratorium Kesehatan Tanah Bumbu, Kalimantan Selatan. Karya tulis terakhir diterbitkan oleh *Jurnal Ilmu Pertanian Indonesia* (JUPI) berjudul “Seleksi dan Identifikasi *Bacillus* Hidrolitik dari Serasah”. Penulis dapat dihubungi melalui email: ikasetianingsih59@gmail.com

Fathimah, S.Gz., M.K.M



Penulis merupakan Dosen Program Studi Ilmu Gizi, Fakultas Ilmu Kesehatan Universitas Darussalam Gontor. Lahir di Jakarta dengan latar belakang pendidikan menyelesaikan pendidikan SMA Negeri 13 Jakarta, lanjut ke Akademi Gizi Kemenkes RI Jakarta. Penulis melanjutkan

Pendidikan alih jenjang S1 pada Jurusan Ilmu Gizi UHAMKA Jakarta dan melanjutkan S2 pada Jurusan Gizi Masyarakat FKM Universitas Indonesia. Saat ini penulis sedang studi lanjut S3 Ilmu Gizi di IPB University. Penulis menekuni bidang Menulis baik fiksi maupun non-fiksi. Buku yang telah diterbitkan penulis adalah Novel “Senja” penerbit guepedia (fiksi), buku ajar Survei Konsumsi Pangan, (2019). Chapter Rekayasa Genetika pada buku Teknologi Biokimia dan Pangan, Gizi Kerja, Gizi Kesmas, (2023). Epidemiologi Intermediate (2024). Penulis dapat dihubungi melalui email: fh.fathimah@gmail.com

Riziq Ilham Nur Fahmi, S. Si, M. Si



Penulis lahir di Pekik Nyaring, pada tanggal 8 Februari 1997. Penulis adalah dosen tetap pada program studi D3 Laboratorium Sains, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Bengkulu. Penulis menyelesaikan pendidikan S1 di Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Bengkulu pada tahun 2019. Pada tahun 2022, penulis menyelesaikan pendidikan S2 di Program Studi Mikrobiologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Institut Pertanian Bogor. Penulis memiliki kompetensi di bidang Bioteknologi Mikroba. Penulis dapat dihubungi melalui email: rilham.fahmi@unib.ac.id

Dova Kelvin Mesrian, S. Si., M. Si



Dova Kelvin Mesrian, S.Si., M.Si. adalah seorang penulis yang menamatkan studi sarjana dan magisternya di Institut Pertanian Bogor. Beliau menempuh studi di departemen biologi dengan fokus riset tentang bioprospeksi mikroorganisme di bidang kesehatan untuk kedua strata pendidikan tersebut. Selain fokus pada aktivitas riset di laboratorium dan tugas akademik di kelas, beliau juga telah memiliki beberapa publikasi internasional terindeks Scopus, memiliki pengalaman sebagai pembicara dalam beberapa konferensi internasional, dan aktif dalam berbagai kegiatan internasional lain seperti *winter* dan *summer course*, baik yang diselenggarakan di dalam maupun luar negeri.

MIKROORGANISME:

INOVASI BIOTEKNOLOGI UNTUK KEHIDUPAN BERKELANJUTAN

Bab pada buku ini menyajikan eksplorasi komprehensif tentang peran strategis mikroorganisme dalam menjawab tantangan global abad ke-21, dari ketahanan pangan, degradasi lingkungan, hingga kebutuhan energi bersih. Tersusun dalam 10 bab yang saling terhubung, buku ini memadukan pemahaman biologis, dimulai dari peran fundamental mikroorganisme dalam ekosistem dan dinamika mikrobioma tanah, berpijak ke aplikasi bioteknologi untuk pertanian berkelanjutan melalui PGRP, dan bioreaktor, bioremediasi, serta bioplastik.

Bab-bab berikutnya mengupas kekayaan mikroorganisme laut sebagai sumber senyawa bioaktif, potensi mikroba dalam industri hijau meliputi bioproduk (biosurfaktan, bioplastik, nutrasetikal dan bioenergi (bioalkohol, biodiesel, biogas, biohidrogen) serta peran mikroorganisme dalam pengelolaan limbah dan kesehatan hewan.

Revolusi genomik dan bioinformatika dibahas secara mendalam melalui pendekatan multi-omiks (genomik, transkriptomik, proteomik, metabolomik, mikrobiomik), yang membuka cakrawala baru dalam memahami dan merekayasa mikroba. Buku ini ditutup dengan visi integrasi bioteknologi mikroorganisme menuju kehidupan berkelanjutan, termasuk kontribusi mikroba dalam kesehatan manusia dan pengembangan ekosistem.

Dengan memadukan dasar ilmiah yang kokoh, studi kasus aplikasi, dan wawasan prospek masa depan, buku ini menjadi referensi esensial bagi mahasiswa, peneliti, praktisi, dan siapa pun yang ingin memahami bagaimana makhluk terkecil di bumi mampu menjadi solusi terbesar bagi peradaban manusia.



Pallantikang, Kabupaten Maros

Website: penerbit.salnesia.id/index.php/press

ISBN 978-634-05-5547-9 (PDF)



9

786340

555479