

INTISARI

Kelapa sawit merupakan salah satu komoditas penting di Indonesia namun pengolahannya menghasilkan limbah berupa *palm oil mill effluent* (*POME*) yang dapat menyebabkan pencemaran lingkungan. Kementerian Lingkungan Hidup menentukan batas maksimal konsentrasi *POME* 350 g/L sedangkan luaran dari pabrik sebesar 15.000 – 100.000 g/L. *POME* mengandung banyak material organik yang dapat digunakan oleh mikroorganisme sebagai bahan baku pembuatan biogas jika diberi perlakuan yang tepat, yaitu peruraian anaerobik termofilik. Proses peruraian anaerobik dipengaruhi konsentrasi substrat. Oleh karena itu, penelitian pendahuluan ini bertujuan untuk mengetahui pengaruh konsentrasi *POME* 16.000, 11.000 dan 5.000 mg sCOD/L terhadap kinerja proses anaerobik dalam menghasilkan biogas beserta dinamika komunitas mikroorganismenya.

Penelitian ini menggunakan bioreaktor berupa botol Duran berukuran 1 L dan pengangas air untuk mempertahankan suhu termofilik (55°C). Inokulum yang digunakan adalah *digested cow manure* (*DCM*) kemudian *POME* sebagai substrat difermentasi secara kontinu. Biogas ditampung dalam *gas bag* dan dianalisis dengan *gas analyzer* untuk mengukur kadar metana. Sampel cairan dari dalam bioreaktor digunakan untuk analisis kadar COD, nilai VFA dan DNA. Analisis DNA menggunakan amplifikasi gen penyandi 16 sRNA yang dilanjutkan dengan *next generation sequencing*.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa reaktor dengan konsentrasi *POME* 16.000 dan 11.000 mg sCOD/L tidak berbeda signifikan dalam menghasilkan gas metana. Arkaebakteri metanogen yang mendominasi adalah *Methanothermobacter*. Konsentrasi *POME* 5.000 mg sCOD/L menghasilkan metana paling sedikit karena pertumbuhan *Methanothermobacter* terhambat oleh sedikitnya material organik serta akumulasi asam yang dihasilkan bakteri asetogen dan asidogen. Dinamika komunitas mikroorganisme selama proses peruraian bergeser menuju komunitas yang didominasi oleh *Methanothermobacter* dari yang semula didominasi oleh bakteri hidrolitik dan asidogen.

Kata kunci: biogas, *palm oil mill effluent*, anaerobik termofilik, metagenomik

ABSTRACT

Palm oil is one of the important commodities in Indonesia. Its processing produces palm oil mill effluent (POME) which can cause environmental pollution. The Ministry of Environment determines the maximum concentration of POME at 350 g/L while the output from the palm oil factory is 15,000 – 100,000 g/L. POME waste contains organic materials that can be used by microorganisms for biogas production by thermophilic anaerobic digestion. Substrate concentration affects anaerobic digestion process. Therefore, this study aims to determine the effect of POME concentrations of 16,000, 11,000 and 5,000 mg sCOD/L on the performance of the anaerobic process in producing biogas and the dynamics of the microorganism community.

This study used a modified bioreactor in the form of a 1 L Duran bottle and a water bath to maintain the thermophilic temperature (55 °C). The inoculum used is digested cow manure (DCM) and POME as a substrate have been fermented continuously. The biogas has been collected in a gas bag and analyzed with a gas analyzer to measure the methane content. Liquid samples from the bioreactor was collected for analysis of COD levels, VFA values and DNA. The DNA samples were analyzed with 16 sRNA metagenomic analysis.

The results showed that the reactors with POME concentrations of 16,000 and 11,000 mg sCOD/L were not significantly different in producing methane gas because of the methanogenic archaeobacteria *Methanothermobacter*. POME concentration of 5,000 mg sCOD/L produced the least amount of methane because the growth of *Methanothermobacter* was inhibited by low organic material input and the accumulation of acid produced by acetogenic and acidogenic bacteria. The dynamics of the microorganism community during the decomposition process shifted towards a community dominated by *Methanothermobacter* from which was originally dominated by hydrolytic and acidogenous bacteria.

Keywords: biogas, *palm oil mill effluent*, anaerobic thermophilic, metagenomic