

REVIEW: PENENTUAN KEMATANGAN KOMPOS DENGAN QUINONE PROFILE

Ni Luh Gede Ratna Juliasih^{1*}

¹ Jurusan Kimia FMIPA Universitas Lampung, Bandar Lampung

ratnagede.juliasih@gmail.com

Artikel Info

Diterima
tanggal
31.01.2017

Disetujui
publikasi
tanggal
31.03.2017

Kata kunci :
kompos,
quinone

ABSTRAK

Penggunaan kompos yang berkualitas tidak hanya dapat meningkatkan produktifitas tanaman tetapi juga dapat menjaga kestabilan unsur hara dalam tanah. Oleh karena itu perhatian terhadap kualitas kompos yang meliputi kematangan dan kestabilannya sangatlah penting dilakukan, yaitu melalui monitoring sifat fisik, kimia dan mikroorganisme pada proses pembuatan kompos. Quinone profile merupakan salah satu metode sederhana untuk analisis mikroorganisme dalam kompos. Perubahan quinone profile dapat merepresentasikan perubahan biomass dan keragaman komunitas mikroorganisme, sehingga metode ini dapat digunakan untuk monitoring proses pembuatan kompos.

ABSTRACT

The use of good quality composts not only to improve the productivity of the crops but also to maintain the stability of soil nutrients. Hence the attention to quality which includes maturity and stability of compost is important, through monitoring the physical, chemical and microbial properties in the composting process. Quinones profile is one simple method for microbial community analysis in compost. The change in quinone profile could represent the change in biomass and diversity of microbial community. Therefore, this method can be used for monitoring the composting process.

PENDAHULUAN

Pemanfaatan kompos sebagai pupuk tidak hanya menguntungkan untuk produktivitas tanaman tetapi juga lebih aman terhadap lingkungan dan lebih ekonomis [D'Hosea, dkk 2014]. Mahalnya harga pupuk anorganik (kimia) memberikan masalah ekonomi tersendiri dan penggunaannya secara berlebihan dan terus-menerus akan berdampak negatif terhadap lingkungan, yaitu kerusakan lahan, hilangnya unsur hara tanah, peningkatan keasaman tanah yang berakibat pada banyak unsur hara yang terikat dan tidak dapat dimobilisasi ke tanaman yang akhirnya akan menyebabkan produktivitas tanaman menjadi rendah [Sudiarto, 2008]. Di

sisi lain, penggunaan kompos diketahui dapat meningkatkan produksi tanaman, meningkatkan sifat fisik tanah, kandungan bahan organik, dan menjaga keseimbangan nutrisi tanah yang diperlukan tanaman [D'Hosea dkk, 2014; Gaiind dkk, 2015; Tang dkk 2003]. Oleh karena itu, penggunaan kompos sebagai pengganti pupuk kimia selain dapat menurunkan biaya produksi juga bermanfaat untuk ekosistem tanah.

Kualitas kompos dalam hal ini kematangan dan kestabilan kompos merupakan hal utama yang harus diperhatikan dalam penggunaan kompos di lahan pertanian dan budidaya tanaman, karena dalam beberapa kasus penggunaan kompos yang belum matang dapat menyebabkan efek merusak, seperti keterlambatan dalam perkecambahan dan menghambat proses pembuahan pada tanaman [Juliasih dkk, 2015; Bazzoffi dkk, 1998; Kutsanedzie dkk, 2012]. Oleh karena itu, analisis terhadap kematangan kompos merupakan salah satu aspek penting yang perlu dievaluasi dalam pembuatan kompos.

Penilaian terhadap kualitas dan kematangan kompos umumnya dilakukan berdasarkan sifat fisik dan kimianya, termasuk rasio karbon dan nitrogen (C/N), pH, suhu, kadar air, kapasitas tukar kation, dan kandungan asam humat [Ouedraogo dkk, 2001; Bazzoffi dkk, 1998; Nakasaki dkk, 2003; Kutsanedzie dkk, 2012]. Akan tetapi, evaluasi yang lebih komprehensif diperlukan untuk penentuan kematangan kompos mengingat kompos biasanya diperoleh dari berbagai komposisi limbah organik. Saat ini analisis komunitas mikroorganisme dalam kompos diminati untuk menilai kematangan kompos mengingat komunitas mikroorganisme bertanggung jawab terhadap degradasi bahan organik dalam kompos. Oleh karena itu, analisis terhadap komunitas mikroorganisme dipercaya dapat memberikan pemahaman yang lebih baik terhadap kematangan kompos.

Analisis terhadap komunitas mikroorganisme dalam kompos dapat dilakukan dengan metode molekular termasuk denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE), terminal restriction fragment length polymorphism (T-RFLP), dan fluorescence in situ hybridization (FISH) [Zhao dkk, 2013; Székely dkk, 2009; Iverson dkk, 2009]. Metode-metode molekular tersebut merupakan metoda unggulan dalam resolusi taksonomi, akan tetapi memiliki deviasi yang besar dalam salinan DNA, waktu analisis yang lama serta harus dikerjakan oleh orang yang memiliki keahlian khusus [Sekiguchi dkk, 2001; Osborn dkk, 2000]. Metode lain adalah dengan lipid biomarker seperti quinon profile [Tang dkk, 2006]. Metode ini kurang detail dalam resolusi

taksonomi tetapi lebih sederhana dalam proses analisisnya [Tang dkk, 2006]. Untuk monitoring komunitas mikroorganisme pada kompos yang memerlukan analisis rutin, metode analisis yang sederhana, cepat dan kuantitatif lebih diutamakan daripada resolusi taksonomi suatu komunitas mikroorganisme. Oleh karena itu, quinone profile merupakan metode yang dapat diandalkan untuk penentuan kematangan kompos.

QUINONE PROFILE

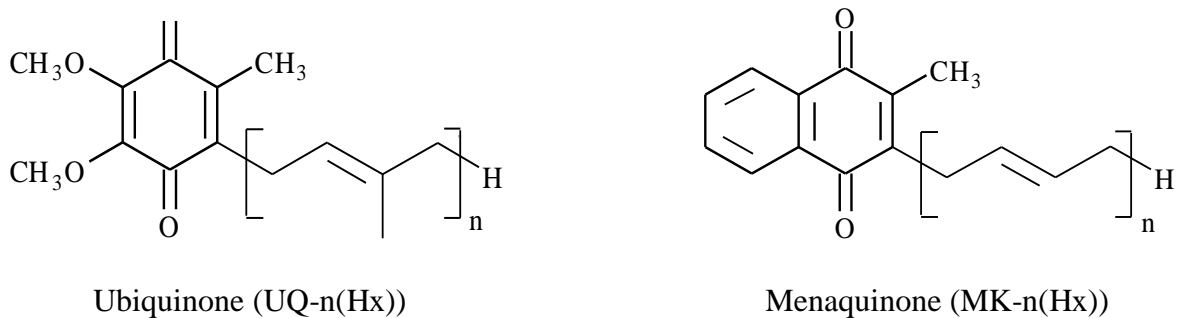
Quinone, merupakan konstituen membran plasma pada mikroorganisme yang esensial dalam sistem pengangkutan elektron, dikelompokkan menjadi dua tipe yaitu : Ubiquinone (UQ; berhubungan dengan 1-metil-2-isoprenyl-3,4-dimethoxy parabenzoquinone) dan menaquinone (MK; berhubungan dengan 1-isoprenyl-2-metil-naphthoquinone), dengan rumus struktur sebagaimana ditunjukkan pada **Gambar 1**. Adapun nomenklatur untuk kedua tipe quinone adalah sebagai berikut : singkatan quinone (UQ untuk ubiquinone dan MK untuk menaquinone) diikuti oleh tanda (-) dan jumlah atau unit isoprenoid pada rantai sampingnya. Sebagai contoh, UQ-8 mengindikasikan suatu ubiquinone dengan delapan unit isoprene pada rantai sampingnya; MK-8(H2) menunjukkan suatu menaquinone dengan delapan unit isoprene pada rantai sampingnya dan satu dari dua ikatan rangkap pada rantai sampingnya jenuh dengan dua atom hydrogen [Collins dkk, 1981; Fujie dkk, 1998; Hendrick dkk, 1986]. Secara umum, satu species atau genus mikroorganisme memiliki satu tipe quinone yang dominan dan setiap perubahan dalam quinone profile dapat mencerminkan perubahan komunitas mikroorganismenya [Collins dkk, 1981; Hiraishi, 1999; Hu dkk, 2001].

Quinone merupakan senyawa lipid terlarut yang terdapat pada hampir semua spesi mikroorganisme. Pada sel prokaryotik, quinone terdapat pada membrane sitoplasma sedangkan pada sel eukaryotik umumnya quinone berasosiasi dengan membrane bagian dalam mitokondria [Hiraishi, 1999]. Gambar 2 menunjukkan quinone dalam membrane sel mikroorganisme.

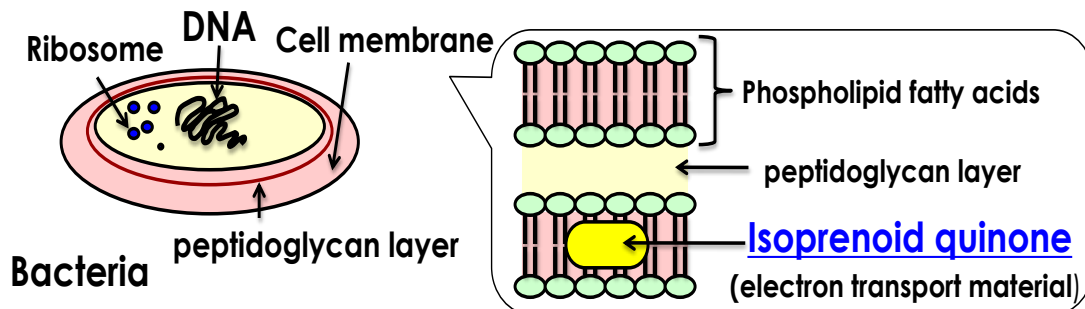
Analisis mikroorganisme dengan quinone profile sesuai untuk mempelajari komunitas mikroorganisme pada sampel lingkungan karena metode ini dapat diterapkan secara simultan untuk analisis mikroorganisme prokaryotik dan eukaryotik dengan lebih sederhana [Tang dkk, 2003]. Selain itu, spesi mikroorganisme dalam fraksi rendah (± 0.001 dalam fraksi mol) di ekosistem juga dapat dikuantifikasi dengan analisis quinone profile. Hal ini memungkinkan

dilakukannya evaluasi terhadap mikroorganisme dengan fraksi rendah yang berperan penting dalam ekosistem [Fujie dkk, 1998; Hu dkk, 1999].

Quinone profile telah digunakan dalam analisis komunitas mikroorganisme pada sampel lingkungan. Hiraishi dkk menggunakan quinone profile untuk identifikasi populasi bakteri dalam active sludge yang diketahui memiliki variasi mikroorganisme yang beragam [Hiraishi dkk, 1997; Hiraishi, 1988], sedangkan Fujie dkk mengaplikasikan quinone profile untuk mengidentifikasi komposisi dan keragaman mikroorganisme pada tanah [Fujie dkk, 1998; Katayama dkk, 1998; Katayama dkk, 2002]. Secara umum penentuan quinone dimulai dari mengekstrak quinone dari sampel dengan campuran kloroform dan methanol dengan perbandingan tertentu dan selanjutnya ekstrak quinone tersebut dianalisis dengan kromatografi cair [Ahn dkk, 2006; Kurishu dkk, 2002].



Gambar 1. Struktur kimia UQ dan MK.



Gambar 2. Quinone pada membrane sel mikroorganisme

PENENTUAN KEMATANGAN KOMPOS DENGAN QUINONE PROFILE

Quinone profile telah digunakan untuk monitoring komunitas mikroorganisme pada proses pembuatan kompos dan produk komposnya [Tang dkk, 2004; Yu dkk, 2007; Tang dkk, 2007; Hiraishi dkk, 2003; Juliasih dkk, 2015]. Secara umum proses pembuatan kompos dapat dibagi menjadi 3 tahap yaitu tahap penghangatan (mesofilik), tahap termofilik dan tahap pendinginan dan pematangan.

Pada tahap penghangatan (mesofilik) akan terjadi peningkatan suhu, berkisar pada suhu 10-45°C. Mikroorganisme akan tumbuh dengan cepat dan bertugas memperkecil ukuran partikel bahan organik sehingga luas permukaan bahan bertambah dan mempercepat proses pengomposan. Keberadaan komunitas mikroorganisme tersebut dapat diketahui dengan analisis quinone profilnya. Perbedaan quinone profile pada tiap tahap pembentukan kompos menunjukkan perbedaan mikroorganisme dalam fasa tersebut. Beberapa penelitian menyebutkan bahwa pada proses awal pembuatan kompos dikarakterisasi dengan tingginya fraksi mol UQ dimana UQ-8, UQ-9 dan UQ-10 ditemukan pada awal proses pengomposan. Proteobacteria diketahui memiliki UQ-8 dan UQ-9, sedangkan UQ-10 diketahui terdapat pada fungi. Konsentrasi UQ akan menurun selama proses pengomposan [Tang dkk, 2004; Hiraishi dkk, 2000]. Tang dkk menggunakan kandungan total quinone (TQ) dan indeks keragaman quinone (DQ= *diversity index*, menunjukkan indeks keragaman mikroorganisme) untuk melihat komposisi mikroorganisme dalam fasa ini dan diperoleh bahwa TQ dan DQ di fasa awal ini lebih rendah dari fasa yang lain, menunjukkan jumlah dan keragaman mikroorganisme pada fasa ini masih rendah [Tang dkk, 2004].

Pada tahap kedua yaitu tahap termofilik, dimana suhu pada tahap ini berkisar 45-60°C atau bahkan lebih pada beberapa proses pengomposan. Selanjutnya proses dekomposisi mulai melambat dan temperatur puncak dicapai. Pada tahap ini mikroorganisme termofilik yang mendominasi. Pada beberapa penelitian diketahui mikroorganisme termofilik seperti genus *Bacillus* merupakan mikroorganisme yang tahan terhadap temperature tinggi di mana mikroorganisme tersebut memiliki MK-7 sebagai dominan quinonnya [Tang dkk, 2003; Tang dkk, 2004; Yu dkk, 2007]. Pada tahap ini mikroorganisme *Thermus Thermophilus* yang memiliki MK-8 sebagai dominan quinonnya juga ditemukan pada kompos yang dianalisis dengan metode molekular 16S-rDNA [Blane dkk, 1999].

Tahap ketiga yaitu tahap pendinginan dan pematangan. Setelah suhu puncak terlewati, tumpukan mencapai kestabilan, dimana bahan lebih mudah terdekomposisikan. Pada tahap ini terjadi penurunan suhu secara bertahap. Fraksi mol sebagian MK berantai panjang dan jenuh meningkat demikian pula dengan keragamannya. Pada beberapa penelitian, di fasa akhir ini terjadi peningkatan fraksi mol pada MK-7(H4), MK-9(H4), MK-9(H6), MK-9(H8), MK-10(H4), dan beberapa spesi MK-n(Hx) yang menunjukkan bahwa pada tahap ini terjadi peningkatan keragaman mikroorganismenya. Keragaman mikroorganisme dapat juga ditentukan dengan menghitung indeks keragaman quinone dalam sampel [Tang dkk, 2003; Tang dkk, 2004; Hiraishi dkk, 2000; Yu dkk, 2003]. Sebaliknya, penurunan fraksi mol terjadi pada MK-7 yang dapat merupakan indikasi adanya suksesi mikroorganisme.

KESIMPULAN

Karena perubahan sifat-sifat fisik dan kimia yang terjadi dalam proses pengomposan sangat berhubungan dengan komunitas mikroorganisme di dalamnya, maka penentuan kematangan kompos dengan memperhatikan perubahan fisika, kimia maupun mikroorganismenya akan memberikan kualitas kompos yang lebih baik. Metode quinone profile yang sederhana ini dapat memudahkan analisis mikroorganisme dalam sampel kompos sehingga diharapkan monitoring pembuatan kompos dan evaluasi kematangannya akan semakin mudah dilakukan. Selanjutnya, perlu dikembangkan metode analisis quinone profile yang lebih ramah lingkungan seperti ekstraksi quinone dengan supercritical fluid extraction karbondioksida (Sc-CO₂).

DAFTAR PUSTAKA

- Ahn, J., Lee, M., dan Kwon, H., 2006, Changes in Respiratory Quinone Profiles of Enhanced Biological Phosphorus Removal Activated Sludge under Different Influent Phosphorus/Carbon Ratio Conditions, *Bioprocess and Biosystems Engineering*, 29(3), 143 – 148.
- Bazzoffi, P., Pellegrini, S., Rocchini, A., Morandi, M., Grasselli, O., 1998, The Effect of Urban Refuse Compost and Different Tractors Tyres on Soil Physical Properties, Soil Erosion and Maize Yield, *Soil & Tillage Research*, 48(4), 275 – 286.

- Blane, M., Marilley, L., dan Beffa, T., 1999, Thermophilic Bacterial Communities in Hot Composts as Revealed by Most Probable Number Counts and Molecular 16S-rDNA Methods, *FEMS Microbiol Ecol.*, 28, 141 – 149.
- Collins, M.D., dan Jones, D., 1981, Distribution of Isoprenoid Quinone Structural Types in Bacteria and Their Taxonomic Implication, *Microbiological Review*, 45(2), 316 – 354.
- D'Hosea, T., Cougnonb, M., Vliegheera, A.D., Vandecasteelea, B., Viaenea, N., Cornelisc, W., Bockstaelea, E.V., dan Reheul, D., 2014, The Positive Relationship between Soil Quality and Crop Production : A Case Study on the Effect of Farm Compost Application, *Applied Soil Ecology*, 75, 189 – 198.
- Fujie, K., Hu, H.Y., Tanaka, H., Urano, K., Saitou, K., dan Katayama, A., 1998, Analysis of Respiratory Quinones in Soil for Characterization of Microbiota, *Soil Science Plant Nutrition*, 44(3), 393 – 404.
- Gaind, S., Singh, Y.V., 2015, Relative Efficiency of Fertilization Practices to Improve Productivity and Phosphorus Balance in Rice-wheat Cropping System, *Journal of Crop Improvement*, 29(1), 23 – 39.
- Hendrick, D.B., White, D.C., 1986, Microbial Respiratory Quinones in the Environment: I. A Sensitive Lipid Chromatographic Method, *Journal Microbiological Methods*, 5, 243 – 254.
- Hiraishi, A., 1988, Respiratory Quinone Profiles as a Tools for Identifying Different Bacterial Populations in Activated Sludge, *The Journal of General and Applied Microbiology*, 34(1), 39 – 56.
- Hiraishi, A., Morishima, Y., dan Takeuchi, J., 1997, Numerical Analysis of Lipoquinone Pattern in Monitoring Bacterial in Wastewater Treatment Systems, *The Journal of General and Applied Microbiology*, 37, 57 – 70.
- Hiraishi, A., 1999, Review Isoprenoid Quinones as Biomarkers of Microbial Populations in the Environment, *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 88(5), 449 – 460.
- Hiraishi, A., Yamanaka, Y., dan Narihiro, T., 2000, Seasonal Microbial Community Dynamics in a Flowerpot-using Personal Composting System for Disposal of Household Biowaste, *Journal of General and Applied Microbiology*, 46(3), 133 – 146.
- Hiraishi, A., Narihiro, T., and Yamanaka, Y., 2003 Microbial Community Dynamics during Start-up Operation of Flowerpot-using Fed Batch Reactors for Composting of Household Biowaste, *Environmental Microbiology*, 5(9), 765 – 776.

- Hu, H.Y., Lim, B.R., Goto, N., dan Fujie K., 2001, Analytical Precision and Repeatability of Respiratory Quinones for Quantitative Study of Microbial Community Structure in Environmental Samples, *Journal of Microbiological Methods*, 47(1), 17 – 24.
- Hu, H.Y., Fujie, K., Nakagome, H., Urano, K., dan Katayama, A., 1999, Quantitative Analysis of the Change in Microbial Diversity in a Bioreactor for Wastewater Treatment Based on Respiratory Quinones, *Water Resources*, 33(15), 3263 – 3270.
- Iverson, S.L., dan Maier, R.M., 2009, Effects of Compost on Colonization of Roots of Plants Grown in Metalliferous Mine Tailings, as Examined by Fluorescence in situ Hybridization, *Applied and Environmental Microbiology*, 75(3), 842 – 847.
- Juliasih, N.L.G.R., Yuan, L.C., Sago, Y., Atsuta, Y., dan Daimon, H., 2015, Supercritical Fluid Extraction of Quinones from Compost for Microbial Community Analysis, *Journal of Chemistry* 2015, Article ID 717616.
- Katayama, A., Hu, H.Y., Nozawa, M., Yamakawa, H., dan Fujie, K., 1998, Long-term Changes in the Microbial Community Structure in Soils Subjected to Different Fertilizing Practices Revealed by Quinone Profile Analysis, *Soil Science and Plant Nutrition*, 44(4), 559 – 569.
- Katayama, A., Hu, H.Y., Nozawa, M., Takahshi, S., dan Fujie, K., 2002, Changes in the Microbial Community Structure in Soils Treated with a Mixture of Glucose and Peptone with Reference to the Respiratory Quinone Profile, *Soil Science and Plant Nutrition*, 48(6), 841 – 846.
- Kutsanedzie, F., Rockson, G.N.K., Aklaku, E.D., dan Achio, S., 2012, Comparisons of Compost Maturity Indicators for Two Field Scale Composting System, *International Research Journal of Applied Basic Sciences*, 3, 713 – 720.
- Kurusu, F., Satoh, H., Mino, T., dan Matsuo, T., 2002, Microbial Community Analysis of Thermophilic Contact Oxidation Process by using Ribosomal RNA Approaches and the Quinone Profile Method, *Water Research*, 36(2), 429 – 438.
- Nakasaki, K., dan Muramoto, T., 2003, Relationship between Organic Matter Decomposition and Odorous Compounds Emission during Thermophilic Composting, *Journal of Chemical Engineering of Japan*, 36(10), 1194 – 1200.
- Osborn, A.M., Moore, E.R.B., dan Timmis, K.N., 2000, An Evaluation of Terminal-Restriction Fragment Length Polymorphism (T-RFLP) Analysis for the Study of Microbial Community Structure and Dynamics, *Environmental Microbiology*, 2, 39 – 50.

- Ouedraogo, E., Mando, A., dan Zombre, N. P., 2001, Use of Compost to Improve Soil Properties and Crop Productivity under Low Input Agricultural System in West Africa. *Agriculture Ecosystem Environment*, 84, 259 – 266.
- Sekiguchi, H., Tomioka, N., Nakahara, T., dan Uchiyama, H., 2001, A Single Band does not always Represent Single Bacterial Strains in Denaturing Gradient Gel Electrophoresis Analysis, *Biotechnology Letters*, 23, 1205 – 1208.
- Sudiarto, B., 2008, Pengelolaan Limbah Peternakan Terpadu dan Agribisnis yang Berwawasan Lingkungan, *Seminar Nasional Teknologi Peternakan dan Veteriner 2008*, Bandung.
- Székely, A.J., Sipos, R., Berta, B., Vajna, B., Hajdú, C., dan Márialigeti, K., 2009, DGGE and T-RFLP Analysis of Bacterial Succession during Mushroom Compost Production and Sequence-aided T-RFLP Profile of Mature Compost. *Microbial Ecology*, 57, 522 – 533.
- Tang, J.C., Inoue, Y., Yasuta, T., Yoshida, S., dan Katayama, A., 2003, Chemical and Microbial Properties of Various Compost Products, *Soil Science and Plant Nutrition*, 49, 273 – 280.
- Tang, J.C., Kanamori, T., Inoue, Y., Yasuta, T., Yoshida, S., dan Katayama, A., 2004, Changes in the Microbial Community Structure during Thermophilic Composting of Manure as Detected by Quinone Profile Method, *Process Biochemistry*, 39, 1999 – 2006.
- Tang, J.C., Maie, N., Tada, Y., dan Katayama, A., 2006, Characterization of the Maturing Process of Cattle Manure Compost, *Process Biochemistry*, 41, 380 – 389.
- Tang, J.C., Shibata, A., Zhou, Q., dan Katayama, A., 2007, Effect of Temperature on Reaction Rate and Microbial Community in Composting of Cattle Manure with Rice Straw. *Journal of Bioscience Bioengineering*, 104(4), 321 – 328.
- Yu, H., Zeng, G., Huang, H., Xi, X., Wang, R., Huang, D., Huang, G., dan Li, J., 2007, Microbial Community Succession and Lignocellulose Degradation during Agricultural Waste Composting, *Biodegradation*, 18(6), 793 – 802.
- Zhao, H.Y., Li, J., Liu, J.J., LÜ, Y.C., Wang, X.F., dan Cui, Z.J., 2013, Microbial Community Dynamics during Biogas Slurry and Cow Manure Compost, *Journal of Integrative Agriculture*, 12, 1087 – 1097.