



Biogenerasi Vol 10 No 4, 2025

Biogenerasi: Jurnal Pendidikan Biologi

Universitas Cokroaminoto Palopo

<https://e-journal.my.id/biogenerasi>

e-ISSN 2579-7085



KONSORSIUM MIKROBA LINTAS KINGDOM DALAM BIOREMEDIASI LIMBAH CAIR DENGAN PENDEKATAN INTEGRATIF OMIK DAN EKOLOGI SINTETIS: SUATU LITERATURE REVIEW

***¹Syamsul, ²Yusminah Hala**

Universitas Islam Negeri Alauddin Makassar, Indonesia

Universitas Negeri Makassar, Indonesia

*Corresponding author E-mail: syamsul.hamzah@uin-alauddin.ac.id

DOI : 10.30605/biogenerasi.v10i4.7455

Accepted : 22 November 2025 Approved : 30 November 2025 Published : 1 Desember 2025

Abstract

Wastewater bioremediation demonstrates substantially improved performance when employing cross-kingdom microbial consortia, as bacteria, fungi, and microalgae complement one another in carrying out successive stages of organic and persistent pollutant degradation. This review summarizes current findings on the functional mechanisms of such consortia, including metabolic division of labor, metabolite exchange, enzymatic complementarity, and the role of biofilms in maintaining community stability. The literature indicates that cross-kingdom systems are highly effective in removing pollutants such as hydrocarbons, synthetic dyes, pharmaceuticals, nutrients, and microplastics. The integration of omics approaches provides a clearer understanding of the genes, metabolic pathways, and cellular activities involved in degradation processes. Synthetic ecology contributes to strengthening consortium design through spatial arrangement, directed functional roles, and controlled interspecies interactions. Overall, cross-kingdom microbial consortia supported by omics analyses and synthetic ecological concepts offer a solid foundation for developing more efficient and sustainable wastewater bioremediation systems.

Keywords : *Konsorsium lintas kingdom, omic, ekologi sintetis*

PENDAHULUAN

Pencemaran limbah cair pada berbagai ekosistem air tawar maupun laut semakin meningkat seiring intensifikasi aktivitas industri, urbanisasi, dan penggunaan bahan kimia sintetik. Limbah cair saat ini tidak hanya mengandung senyawa organik sederhana, tetapi juga polutan persisten seperti hidrokarbon aromatik polisiklik (PAH), pewarna sintesis, pestisida organofosfat, residu farmasetik, logam berat, dan mikroplastik. Senyawa-senyawa ini bersifat toksik, resisten, dan mudah terakumulasi dalam organisme akuatik sehingga menimbulkan ancaman ekologis jangka panjang (Dell'Anno et al., 2021). Teknologi fisikokimia seperti adsorpsi, presipitasi, oksidasi kimia, dan filtrasi membran sebenarnya telah banyak diterapkan, namun metode tersebut sering menghadapi keterbatasan berupa tingginya biaya operasi, kemampuan degradasi yang tidak selektif, dan potensi menghasilkan limbah sekunder (Chen et al., 2024). Kondisi ini mendorong peningkatan minat pada bioremediasi sebagai pendekatan yang lebih berkelanjutan karena memanfaatkan kemampuan mikroorganisme dalam mentransformasi polutan secara alami.

Namun demikian, pemanfaatan mikroorganisme tunggal dalam bioremediasi terbukti tidak cukup efektif untuk menghadapi kompleksitas komposisi limbah cair modern. Setiap mikroba memiliki rentang enzimatis maupun metabolik yang terbatas, sehingga hanya mampu mendegradasi kelompok senyawa tertentu atau tidak mampu menyelesaikan degradasi hingga tahap mineralisasi. Tantangan ini semakin besar ketika limbah mengandung campuran polutan dengan reaktivitas dan tingkat toksisitas yang beragam (Yang et al., 2024). Karena itu, pendekatan berbasis konsorsium mikroba lintas-kingdom menjadi relevan. Konsorsium yang melibatkan bakteri, fungi, dan mikroalga mampu menciptakan pembagian kerja metabolik (*division of labor*) dan hubungan sintrofik berbasis *cross-feeding*, sehingga jalur degradasi dapat berlangsung lebih efisien dan komprehensif.

Interaksi lintas-kingdom memberikan keunggulan yang tidak dimiliki bioremediasi monokultur. Fungi, misalnya, menghasilkan enzim oksidatif berafinitas tinggi seperti laccase dan peroksidase yang mampu

membuka struktur aromatik kompleks dan meningkatkan bioavailabilitas substrat (Efremenko et al., 2024). Bakteri kemudian memanfaatkan hasil oksidasi tersebut untuk melanjutkan degradasi menuju tahap mineralisasi. Mikroalga berperan penting dalam menyediakan oksigen melalui fotosintesis, menghasilkan eksopolisakarida untuk mengikat polutan, serta menurunkan konsentrasi nitrogen dan fosfor yang sering menjadi beban eutrofik (López-patiño et al., 2024). Degradasi hidrokarbon minyak bumi oleh konsorsium bakteri–jamur dapat mencapai lebih dari 95%, sementara konsorsium alga–bakteri mampu menghilangkan nitrogen dan fosfor secara efisien pada limbah domestik maupun industri (Dell'Anno et al., 2021; Kong et al., 2024).

Kemajuan teknologi multi-omics semakin memperjelas dinamika interaksi lintas-kingdom tersebut. Metagenomik mampu mengungkap struktur komunitas serta gen fungsional yang berperan dalam degradasi hidrokarbon, pewarna, dan xenobiotik lain (Nam et al., 2023). Metatranskriptomik menunjukkan ekspresi aktif enzim kunci seperti ligninase dan selulase pada bakteri dan fungi dalam proses degradasi bahan organik kompleks (Deep et al., 2025). Kajian metabolomik memperlihatkan terjadinya *metabolic handoff*, yaitu pertukaran metabolit antar-spesies yang memungkinkan degradasi berlangsung secara berantai (Yang et al., 2024). Sementara itu, analisis *time-series meta-omics* memperlihatkan bahwa perubahan komunitas mikroba bersifat deterministik, dipengaruhi seleksi ekologis, dan dapat diprediksi untuk mengoptimalkan fungsi degradasi (Herold et al., 2020).

Dalam beberapa tahun terakhir, konsep ekologi sintesis semakin banyak diterapkan untuk memperkuat desain konsorsium. Dengan pendekatan *design–build–test–learn (DBTL)*, komunitas mikroba dapat direkayasa agar lebih stabil, toleran terhadap stres kimia, dan memiliki jalur metabolik yang saling melengkapi. Pemodelan metabolisme berbasis *genome-scale metabolic modeling* dan pemanfaatan kecerdasan buatan dalam memprediksi kestabilan komunitas menjadi bagian penting dari strategi ini (Jiang et al., 2025). Integrasi ekologi sintesis dan omik memungkinkan konsorsium dirancang tidak

hanya untuk mendegradasi polutan tertentu, tetapi juga untuk membentuk ekosistem mikro yang resilien dalam skala industri.

Meskipun penelitian mengenai konsorsium mikroba lintas-kingdom berkembang pesat, belum ada kajian sistematis yang mengintegrasikan seluruh temuan tersebut dalam satu kerangka konseptual yang menjelaskan mekanisme sinergi antar-kingdom, relevansi pendekatan omik, dan peluang rekayasa komunitas dalam kerangka ekologi sintetis. Oleh karena itu, penyusunan *literature review* mengenai konsorsium mikroba lintas-kingdom dalam bioremediasi limbah cair dengan pendekatan integratif omik dan ekologi sintetis menjadi sangat diperlukan untuk memberikan pemahaman komprehensif, mengidentifikasi celah pengetahuan, dan membangun arah riset yang lebih presisi serta aplikatif di masa depan.

METODE

Metode penelitian yang digunakan dalam tulisan ini adalah studi literatur. Data yang dikaji berasal dari artikel-artikel hasil penelitian yang dipublikasikan dalam jurnal internasional. Proses penelusuran artikel dilakukan melalui Eric Institute of Education Sciences, ScienceDirect, dan Scopus dengan rentang referensi tahun 2020 hingga 2025. Kata kunci yang digunakan yaitu ("bioremediation" or "biodegradation" or "wastewater treatment" or "pollutant degradation" or "wastewater bioremediation") and ("microbial consortium" or "microbial community" or "mixed culture" or "co-culture" or "synthetic consortium" or "engineered community") and ("multi-omics" or "omics" or "metagenomics" or "metatranscriptomics" or "metaproteomics" or "metabolomics" or "integrative omics" or "systems biology") and ("synthetic ecology" or "synthetic biology" OR "microbial interaction" or "ecological engineering" or "community design" or "synthetic ecosystem"). Kajian ini berfokus pada konsorsium mikroba lintas kingdom, pendekatan omik, dan ekologi sintetis.

HASIL PENELITIAN

Efektivitas Bioremediasi dan Sinergi Fungsional Antar Kingdom

Efektivitas bioremediasi menggunakan konsorsium lintas kingdom telah menunjukkan peningkatan yang signifikan dibandingkan

dengan sistem monokultur karena adanya kolaborasi metabolik yang kompleks antara mikroorganisme berbeda. Konsorsium yang melibatkan bakteri dan alga, misalnya, terbukti lebih efisien dalam menurunkan kadar senyawa organik dan nutrisi pada limbah cair dibandingkan penggunaan strain tunggal. Abate et al., (2024) melaporkan bahwa kombinasi bakteri anoxygenic phototrophic dengan mikroalga meningkatkan efisiensi penghilangan bahan organik hingga lebih dari 90% karena alga menyediakan oksigen untuk degradasi aerobik dan bakteri memanfaatkan karbon organik dari eksudat alga untuk mempercepat metabolisme. Sinergi ini menciptakan ekosistem mikro yang stabil dan berfungsi komplementer dalam penguraian polutan organik.

Cai et al., (2024), memperkuat temuan ini dengan menunjukkan bahwa integrasi dua kingdom mikroba dalam sistem fototrofik mampu memanfaatkan spektrum cahaya untuk mengatur keseimbangan oksigen dan karbon, sehingga meningkatkan efisiensi penghilangan *chemical oxygen demand* (COD) secara signifikan. Dalam sistem berbasis *purple phototrophic bacteria*, pengaturan intensitas dan spektrum cahaya bahkan berperan sebagai pengendali alami komposisi komunitas mikroba, yang pada akhirnya berpengaruh terhadap efektivitas bioremediasi. Sementara itu, Guandalupe et al., (2024) menekankan pentingnya peran multi-kingdom phototrophs dalam sistem pengolahan limbah yang kaya nutrisi, di mana komunitas lintas kingdom berperan dalam siklus nitrogen dan fosfor yang lebih efisien melalui mekanisme *cross-feeding* dan pembentukan agregat biofilm.

Secara fungsional, sinergi antar-kingdom dalam bioremediasi muncul melalui pertukaran nutrisi dan metabolit (*metabolic cross-feeding*), komplementaritas enzimatis, serta komunikasi kimia antar sel (*quorum sensing*). Bakteri heterotrofik berperan dalam dekomposisi senyawa organik kompleks menjadi bentuk sederhana yang dapat dimanfaatkan oleh alga atau jamur, sementara mikroalga menyediakan oksigen dan molekul karbon organik melalui fotosintesis (Abate et al., 2024; Guandalupe et al., 2024). Hubungan mutualistik ini menghasilkan peningkatan pertumbuhan populasi kedua pihak dan memperkuat ketahanan sistem terhadap fluktuasi lingkungan. Lebih lanjut, Wang et al.,

(2025), menunjukkan bahwa sistem hibrida yang melibatkan bakteri dan jamur mampu menghilangkan senyawa farmasetik kompleks, seperti tetracycline dan levofloxacin, dengan efisiensi lebih dari 85%, berkat adanya interaksi transfer elektron dan degradasi berantai antar spesies.

Lü et al., (2024), menunjukkan bahwa konsorsium bakteri-jamur mampu mencapai efisiensi degradasi hingga hampir 100% terhadap hidrokarbon aromatik polisiklik (PAH) dan total petroleum hidrokarbon (TPH), sedangkan pada polutan yang lebih resisten seperti PCB, efisiensinya mencapai 85%. Keunggulan ini dibandingkan dengan kultur tunggal disebabkan oleh keragaman enzimatik dan jalur metabolik yang saling melengkapi dalam konsorsium (Lü et al., 2024).

Kinerja bioremediasi meningkat signifikan ketika hubungan antar kingdom bersifat mutualistik dan fungsional. Dalam konteks konsorsium bakteri-jamur, Rezaei & Moghimi, (2024), menegaskan bahwa interaksi fisik dan kimia antara hifa jamur dan sel bakteri meningkatkan mobilitas serta penyebaran bakteri ke area terkontaminasi, sekaligus memperluas permukaan degradasi melalui pembentukan biofilm. Fungi menghasilkan enzim ekstraseluler seperti laccase dan peroksidase yang membuka struktur hidrokarbon kompleks, sedangkan bakteri melanjutkan mineralisasi senyawa menjadi CO₂ dan H₂O. Kombinasi ini menghasilkan peningkatan laju degradasi hingga dua kali lipat dibandingkan sistem monokultur. Selain itu, keberadaan biosurfaktan yang dihasilkan bakteri meningkatkan ketersediaan hayati senyawa hidrokarbon bagi jamur, memperkuat sinergi lintas-kingdom tersebut (Rezaei & Moghimi, 2024).

Konsorsium mikroalga bakteri juga memperlihatkan efektivitas tinggi dalam menghilangkan polutan organik dan nutrisi dari limbah cair. Menurut Dai & Wang, (2024), hubungan simbiotik di antara keduanya terjadi melalui pertukaran gas dan nutrisi, di mana mikroalga menyediakan oksigen dan senyawa karbon organik untuk respirasi bakteri, sedangkan bakteri menyediakan CO₂ dan vitamin penting seperti B₁₂ dan B₇ bagi pertumbuhan alga. Proses ini tidak hanya menurunkan kebutuhan aerasi dalam sistem, tetapi juga meningkatkan efisiensi

penghilangan nitrogen dan fosfor hingga lebih dari 90%. Selain itu, interaksi lintas-kingdom tersebut berkontribusi pada pembentukan biofilm dan mikrozon aerob-anaerob yang memperluas kapasitas degradasi senyawa kompleks (Dai & Wang, 2024).

Pendekatan bioremediasi berbasis konsorsium juga efektif terhadap polutan emerging seperti mikroplastik dan farmasetik. Giyahchi & Moghimi (2025), membuktikan bahwa konsorsium bakteri-jamur alami dapat mendegradasi 28% polimer PET mikroplastik dalam 60 hari, dengan evolusi CO₂ sebesar 722 ppm dan transformasi kimia yang mengarah pada pembentukan alkana rantai sedang. Tahap lanjutan dengan konsorsium bakteri *Ochrobacterium*–*Achromobacter* mampu menurunkan toksisitas produk samping hingga 20%. Studi ini menunjukkan pentingnya sekuensialitas lintas kingdom dalam degradasi bertahap dan detoksifikasi produk antara. Dalam konteks senyawa farmasetik, Sesay et al., (2025), melaporkan bahwa konsorsium bakteri multi spesies mencapai efisiensi penghilangan hingga 100% untuk senyawa seperti ibuprofen dan sulfametoksazol melalui mekanisme co-metabolism, oksidasi, dan transfer elektron lintas spesies.

Sinergi fungsional antar kingdom juga mencakup mekanisme regulasi molekuler seperti quorum sensing dan pertukaran gen horizontal yang meningkatkan stabilitas komunitas serta ketahanan terhadap stres lingkungan. Menurut Nunes et al., (2024), komunikasi kimia antar spesies dalam konsorsium memungkinkan regulasi bersama produksi enzim, pembentukan biofilm, dan adaptasi terhadap kondisi lingkungan.

Cao et al., (2022), bahwa konsorsium mikroba memiliki keunggulan dibandingkan isolat tunggal karena mampu menjaga kestabilan fisiologis, mengurangi beban metabolik antarstrain, dan membentuk jaringan transfer energi serta material yang adaptif terhadap fluktuasi lingkungan. Sistem lintas kingdom ini memungkinkan distribusi jalur degradasi yang lebih efisien melalui mekanisme *cross-feeding*, pembentukan biofilm, dan interaksi *quorum sensing* yang meningkatkan ketahanan komunitas dan efektivitas degradasi.

López-patiño et al., (2024), menunjukkan bahwa konsorsium mikroalga–bakteri meningkatkan efisiensi penghilangan

nitrogen amonium dan fosfat hingga $8,04 \pm 1,07$ dan $6,27 \pm 0,66$ mg L⁻¹ hari⁻¹. Mekanisme mutualistik yang terjadi, di mana alga menghasilkan oksigen dan senyawa karbon organik untuk bakteri heterotrof, sementara bakteri menyediakan CO₂ dan nutrisi penting bagi alga, menjadi dasar utama peningkatan efisiensi bioremediasi. Hal ini sejalan dengan Mahajan & Prakash, (2025), yang menegaskan bahwa keberagaman mikroba dalam konsorsium memperluas kapasitas degradasi terhadap berbagai polutan seperti logam berat, zat warna sintetis, dan hidrokarbon aromatik melalui aktivitas enzim hidrolitik (protease, amilase, lipase, dan selulase) serta produksi biosurfaktan yang meningkatkan ketersediaan hayati senyawa toksik.

Sinergi lintas kingdom juga terbukti memperkuat fungsi biogeokimia dan kestabilan komunitas mikroba di lingkungan alami. Deep et al., (2025), bahwa melalui pendekatan metatranskriptomik menemukan adanya ekspresi gen ligninase, selulase, dan hemiselulase yang seimbang antara bakteri dan jamur dalam proses dekomposisi bahan organik pada ekosistem perairan. Kesamaan pola ekspresi enzim ini menunjukkan adanya interaksi mutualistik dalam degradasi coarse particulate organic matter (CPOM), di mana jamur berperan pada tahap awal melalui pemecahan lignin dan bakteri mengambil alih pada tahap lanjut untuk memineralisasi senyawa karbon sederhana.

Integrasi pendekatan omik memperkuat pemahaman mengenai kontribusi dan fungsi spesifik tiap kingdom dalam sistem lintas-spesies. Thirumalaivasan & Gnanasekaran, (2024), menjelaskan bahwa kombinasi jamur dan bakteri dalam sistem bioremediasi dapat memperluas spektrum degradasi terhadap senyawa toksik organik maupun anorganik melalui jalur oksidatif dan reduktif yang saling melengkapi. Jamur, dengan enzim ekstraseluler seperti laccase dan peroksidase, mampu menguraikan senyawa aromatik kompleks, sementara bakteri menyelesaikan tahap mineralisasi. Pendekatan ini memperlihatkan efisiensi tinggi dalam penanganan limbah industri yang mengandung senyawa persisten seperti hidrokarbon aromatik polisiklik dan logam berat.

Menurut Anno et al., (2021), kolaborasi antara bakteri, jamur, dan mikroalga dalam sistem bioremediasi menghasilkan peningkatan

degradasi senyawa hidrokarbon aromatik polisiklik hingga mendekati 95%, karena jamur berperan dalam oksidasi awal senyawa kompleks melalui enzim laccase dan peroksidase, sementara bakteri melanjutkan proses mineralisasi menjadi senyawa sederhana yang tidak toksik. Sinergi lintas kingdom ini tidak hanya mempercepat laju biodegradasi, tetapi juga meningkatkan stabilitas ekosistem mikroba melalui mekanisme regulasi kolektif seperti quorum sensing dan pembentukan biofilm yang memfasilitasi kontak antar sel dan perlindungan terhadap stres lingkungan.

Pendekatan yang melibatkan mikroalga–bakteri menunjukkan efektivitas tinggi dalam menurunkan beban organik dan nutrisi dari limbah cair. Mekanisme mutualistik ini juga ditemukan oleh Kong et al., (2024), yang menunjukkan bahwa sistem *waste gas*, *waste water* berbasis mikroalga bakteri mampu melakukan fiksasi CO₂, penurunan COD hingga 92%, serta menghasilkan biomassa bernilai ekonomi tinggi secara simultan.

Pada sisi lain, konsorsium bakteri–jamur memberikan keunggulan dalam degradasi polutan organik kompleks melalui kerja enzimatis yang saling melengkapi. Thirumalaivasan & Gnanasekaran, (2024) menegaskan bahwa jamur memiliki kemampuan oksidatif tinggi terhadap senyawa aromatik dan toksik melalui aktivitas lignin peroksidase dan mangan peroksidase, sedangkan bakteri bertanggung jawab terhadap proses reduksi dan detoksifikasi lanjut. Kombinasi ini menghasilkan sistem bioremediasi yang lebih tangguh terhadap variasi pH, suhu, dan salinitas dibandingkan sistem tunggal. Selain itu, interaksi antar kingdom ini juga membentuk *cross-protection* di mana metabolit antara yang toksik segera dimanfaatkan oleh anggota komunitas lain sehingga tidak menumpuk di lingkungan (Che & Men, 2019).

(Cao et al., 2022) menekankan bahwa sistem konsorsium sintetis memungkinkan pembagian lintasan metabolik antarstrain sehingga beban energi tiap sel dapat diminimalkan. Dengan memanfaatkan multi *metabolite cross feeding*, degradasi senyawa kompleks seperti plastik, petroleum, dan antibiotik dapat berlangsung lebih stabil dan cepat. Pendekatan integratif ini juga diterapkan pada sistem bioreaktor modern dengan

penambahan nanopartikel logam untuk memperkuat aktivitas mikroba fototrof dan heterotrof. Wang et al., (2025) memaparkan bahwa penambahan nano-besi dalam sistem mikroalga bakteri meningkatkan efisiensi penurunan nitrogen dan fosfor lebih dari 30% dibandingkan sistem kontrol, menunjukkan bahwa sinergi lintas kingdom dapat diperkuat secara artifisial dengan dukungan material bioaktif.

Integrasi Pendekatan Omik dalam Analisis Konsorsium Mikroba

Pemahaman yang mendalam terhadap konsorsium mikroba lintas-kingdom dalam bioremediasi limbah cair membutuhkan pendekatan analisis yang mampu mengintegrasikan data genetik, ekspresi, translasi, dan metabolit untuk menjelaskan interaksi fungsional antarmakhluk hidup di dalam ekosistem. Pendekatan multi omik memberikan kerangka yang komprehensif untuk menjembatani kesenjangan antara potensi genetik dan aktivitas fisiologis mikroba. Analisis tunggal seperti metagenomik atau 16S rRNA hanya menggambarkan potensi genetik komunitas tanpa memperlihatkan aktivitas nyata dan hubungan metabolik antarspesies. Sebaliknya, integrasi antara metagenomik (MG), metatranskriptomik (MT), metaproteomik (MP), dan metabolomik (MM) memungkinkan pemetaan aliran informasi biologis dari gen ke RNA, protein, hingga metabolit, sehingga memberikan gambaran menyeluruh mengenai fungsi ekosistem mikroba (Arikan & Muth, 2023).

Penelitian berbasis time series meta omics yang dilakukan oleh Herold et al., (2020), menunjukkan bagaimana integrasi lintas-tingkat omik mengungkap dinamika komunitas mikroba terhadap gangguan lingkungan. Dengan menggabungkan data MG, MT, dan MM, studi ini menemukan bahwa perubahan struktur taksonomi tidak selalu sejalan dengan pergeseran fungsi atau ekspresi metabolit. Temuan tersebut menegaskan bahwa evaluasi terhadap stabilitas komunitas tidak cukup hanya berdasarkan komposisi, melainkan perlu melibatkan ekspresi gen dan aktivitas metabolik aktual. Pendekatan integratif seperti ini juga mengungkap peran penting low-abundance taxa yang meskipun berjumlah sedikit, memiliki aktivitas metabolik yang tinggi dalam menjaga fungsi ekosistem.

Integrasi omik juga terbukti efektif dalam menjelaskan mekanisme bioremediasi spesifik. Ren et al., (2025), misalnya, menggunakan kombinasi metagenomik dan metabolomik untuk mempelajari proses dekolonisasi limbah tekstil berbasis azo dye. Hasilnya menunjukkan bahwa degradasi azo dye dikendalikan oleh enzim-enzim kunci seperti azo-reductase, deaminase, dan ring-cleaving dioxygenase yang membentuk jalur metabolik dari reduksi ikatan azo hingga masuk ke siklus TCA. Integrasi multi omik tidak hanya memperlihatkan hubungan antara gen dan enzim, tetapi juga memvalidasi metabolit antara yang dihasilkan.

Selain itu, Sidhu et al., (2017), menjelaskan peran integrasi metagenomik dalam mendeteksi transfer gen horizontal (HGT) dalam komunitas pengolahan limbah. Melalui rekonstruksi metagenome assembled genomes (MAGs), ditemukan plasmid besar yang membawa kluster gen katabolik yang berkontribusi terhadap kemampuan degradasi xenobiotik. Hal ini menunjukkan bahwa HGT menjadi salah satu mekanisme penting dalam evolusi adaptif konsorsium lintas kingdom, terutama pada kondisi lingkungan yang dinamis. Pendekatan integratif juga membantu melacak hubungan antara HGT, aktivitas enzimatik, dan hasil akhir degradasi senyawa.

Dari sisi metodologis, Keneally et al., (2025), memperkenalkan integrasi statistik berbasis DIABLO sparse partial least squares discriminant analysis (sPLS-DA) untuk menggabungkan data MG, MT, dan MM dalam studi sedimen hipersalin. Pendekatan ini mampu menghubungkan variabel antar omik dan mendeteksi keterkaitan kausal antara perubahan genetik dan metabolik. Dengan demikian, integrasi omik tidak hanya bersifat deskriptif tetapi juga dapat digunakan untuk pemodelan prediktif dalam memahami respons komunitas mikroba terhadap gangguan eksternal.

Dalam konteks lintas-kingdom, Dell'Anno et al., (2021), menunjukkan sinergi antara bakteri, fungi, dan mikroalga dalam bioremediasi hidrokarbon laut. Data proteomik dan metabolomik mengungkapkan bahwa fungi berperan melalui sekresi enzim ekstraseluler seperti laccase dan speroksidase, sementara bakteri mendominasi jalur degradasi intraseluler. Integrasi multi omik lintas kingdom memungkinkan pemetaan distribusi

fungsi metabolik antarspesies dan mengidentifikasi transfer metabolit yang mendukung hubungan mutualistik dalam komunitas. Pendekatan ini penting untuk memahami *synthetic ecological design*, di mana fungsi-fungsi lintas-kingdom dapat direayasa secara komplementer untuk meningkatkan efisiensi degradasi limbah.

Pendekatan multi omik telah merevolusi cara ilmuwan memahami struktur, fungsi, dan dinamika konsorsium mikroba dalam sistem bioremediasi limbah cair. Melalui integrasi berbagai lapisan data biologis meliputi metagenomik, metatranskriptomik, metaproteomik, dan metabolomik peneliti kini mampu menghubungkan potensi genetik dengan ekspresi nyata serta aliran metabolit di dalam komunitas mikroba lintas-kingdom. Pendekatan ini tidak hanya menggambarkan siapa yang hadir dalam komunitas, tetapi juga apa yang dilakukan dan bagaimana setiap anggota komunitas saling berinteraksi dalam menjalankan fungsi ekologisnya (Renganathan et al., 2025).

Dalam konteks bioremediasi, integrasi omik sangat penting untuk mengungkap mekanisme kerja konsorsium mikroba yang beragam secara taksonomi, termasuk bakteri, fungi, dan mikroalga. (Herold et al., 2020), menjelaskan bahwa kombinasi data metagenomik, metatranskriptomik, dan metabolomik pada skala waktu (time series meta omics) dapat mengidentifikasi pola respons komunitas mikroba terhadap gangguan lingkungan secara lebih akurat. Hasilnya menunjukkan bahwa perubahan aktivitas metabolik tidak selalu sejajar dengan perubahan komposisi komunitas, sehingga data ekspresi gen dan metabolit lebih merepresentasikan fungsi ekosistem daripada kelimpahan relatif semata. Dengan demikian, pendekatan ini memungkinkan analisis fungsi ekologis komunitas secara dinamis dan real-time.

Yang et al., (2024), mengintegrasikan metagenomik dan metabolomik untuk menelusuri dinamika metabolisme dalam sistem pencernaan anaerobik. Penelitian tersebut menunjukkan bahwa proses degradasi organik berlangsung secara deterministik dan diatur oleh strategi metabolik komunitas yang menyesuaikan diri terhadap kondisi termodinamika dan ketersediaan sumber daya. Kombinasi data metagenomik dan

metabolomik memungkinkan pemetaan hubungan antara gen, reaksi biokimia, serta transformasi molekul organik (misalnya dari senyawa N menjadi S), yang memperlihatkan bagaimana mikroorganisme mengoptimalkan metabolisme kolektif untuk efisiensi energi dan kestabilan ekosistem (Yang et al., 2024).

Renganathan & Gaysina, (2025), menegaskan bahwa integrasi data omik dengan kecerdasan buatan (AI) dapat meningkatkan akurasi prediksi hingga 90% terhadap kualitas efluen dan persebaran gen resistensi antibiotik (ARGs) pada *wastewater treatment plants* (WWTPs). Dengan mengombinasikan analisis environmental DNA (eDNA), metagenomik, dan pembelajaran mesin (machine learning), para peneliti mampu mengembangkan digital twin—model virtual yang meniru kondisi biologis dan operasional WWTP secara real-time. Model ini memungkinkan pengendalian proses berbasis data, pemantauan adaptif, serta prediksi dini terhadap kegagalan sistem atau peningkatan polutan.

Sidhu et al., (2017), menemukan bahwa analisis metagenomik pada konsorsium mikroba pengolah limbah berhasil mengidentifikasi plasmid besar yang membawa klaster gen katabolik. Fenomena ini menjelaskan bagaimana komunitas mikroba mampu memperoleh fungsi degradasi baru melalui mekanisme pertukaran gen lintas spesies dan bahkan lintas kingdom.

Nam et al., (2023) juga memperkuat pentingnya integrasi data lintas tingkat molekuler dalam memahami dominansi mikroba dalam sistem bioreaktor. Melalui pendekatan metatranskriptomik dan metabolomik, bahwa dominansi fungsional tidak selalu bergantung pada kelimpahan taksonomi, tetapi lebih pada efisiensi ekspresi gen yang mendukung metabolisme spesifik terhadap substrat limbah cair kompleks. Hal ini menunjukkan bahwa kombinasi pendekatan omik mampu memetakan hierarki fungsional di dalam konsorsium dan menjelaskan stabilitas sistem dari perspektif metabolik.

Penerapan Prinsip Ekologi Sintetik dalam Desain Konsorsium

Penerapan prinsip ekologi sintetik dalam desain konsorsium mikroba lintas kingdom menawarkan pendekatan yang rasional dan terarah untuk menciptakan sistem bioremediasi yang lebih efisien, stabil, dan dapat dikontrol. Dalam konteks bioremediasi limbah cair,

pendekatan ini menitikberatkan pada pembentukan komunitas mikroba yang tidak hanya mampu melakukan degradasi senyawa kompleks, tetapi juga memiliki kestabilan fungsional dan evolusioner dalam jangka panjang. Prinsip utama yang mendasari desain ini meliputi modularitas, pembagian kerja (*division of labor*), redundansi fungsional, pengaturan spasial, serta rekayasa lingkungan yang berfungsi sebagai pengontrol eksternal terhadap dinamika komunitas (Román et al., 2025).

Aspek yang menjadi ciri penting dalam desain berbasis ekologi sintetik adalah pengaturan spasial dan arsitektur habitat. Rekayasa spasial, seperti penggunaan biofilm, kapsulasi sel, dan *carrier-based system* (misalnya biochar, granular activated carbon, atau matriks magnetit), memungkinkan pembentukan mikro-nis yang mendukung pertukaran metabolit antarspesies secara terkontrol. Struktur ini juga menciptakan gradien lingkungan yang mendukung koeksistensi lintas kingdom, seperti zona aerob dan anaerob yang berlangsung bersamaan dalam sistem yang sama (Renganathan & Gaysina, 2025).

Dalam konteks biosafety, desain ekologi sintetik juga mempertimbangkan stabilitas evolusioner dengan menciptakan *cross-feeding* atau *auxotrophy* antar anggota konsorsium agar mengurangi munculnya varian “*cheater*” dan menekan risiko penyebaran gen resistensi antibiotik (L. Chen et al., 2025).

Selain itu, penerapan metabolic division of labor (MDOL) merupakan elemen kunci dalam ekologi sintetik modern. Dalam konteks bioremediasi limbah cair, pembagian jalur metabolik secara hierarkis memungkinkan strain berbeda mengerjakan tahap-tahap spesifik degradasi xenobiotik. Strategi ini dapat dikombinasikan dengan pengendalian dinamis (*dynamic division of labor/DDOL*) yang memungkinkan peralihan fungsi

berdasarkan perubahan lingkungan (Y. Wang et al., 2025).

Di sisi lain, desain konsorsium juga memperhatikan prinsip *keystone species* dan hierarki ekologis, di mana spesies kunci berperan dalam menjaga integritas struktural dan fungsional komunitas. Pemilihan *keystone species* dilakukan melalui pendekatan multi omik dan *genome scale metabolic modeling* (GSMM) untuk mengidentifikasi strain dengan kontribusi metabolik paling signifikan. Dalam hal ini, strain keystone seringkali bertindak sebagai “pengatur ekologis” yang menyeimbangkan interaksi antarspesies, sedangkan spesies langka berfungsi sebagai penyangga resilien terhadap perubahan lingkungan (Wang et al., 2025).

Prinsip ekologi sintetik juga menekankan pada rekayasa komunikasi antarspesies, termasuk mekanisme quorum sensing (QS), transfer gen horizontal, dan sinyal metabolik. Dalam sistem lintas kingdom, QS tidak hanya mengatur kepadatan populasi, tetapi juga mengoordinasikan ekspresi enzim dan produksi biosurfaktan yang meningkatkan bioavailabilitas polutan (Efremenko et al., 2024). Rekayasa sinyal QS telah diterapkan untuk mengontrol dinamika populasi, menghindari dominansi spesies tertentu, serta meminimalkan fenomena *cheating* yang dapat mengganggu keseimbangan metabolik (Chen et al., 2025).

Jiang et al., (2025), menjelaskan bahwa pendekatan *synthetic microbial ecosystems* dengan desain *Design-Build-Test-Learn* (DBTL) dapat digunakan untuk mengontrol dinamika interaksi mutualistik, kompetitif, maupun predator prey melalui manipulasi genetik dan pemodelan ekologi. Dalam konteks bioremediasi, mekanisme *cross protection* antarspesies seperti degradasi antibiotik dan netralisasi metabolit toksik berperan menjaga keseimbangan komunitas serta mencegah dominasi spesies tertentu yang dapat mengganggu efisiensi sistem.

Tabel 1 Kinerja Berbagai Konsorsium Mikroba dalam Bioremediasi Berdasarkan Polutan, Efisiensi, Analisis Omik, dan Stabilitas Ekologi

No	Sistem Konsorsium	Jenis Polutan Dominan	Efisiensi Rata-rata	Stabilitas Ekologi	Pendekatan Omik yang Digunakan	Referensi
1	Bakteri–Alga	Nutrien (NH4+,	85–93%	Tinggi (NSWW > SWW)	Amplicon seq., metabolomik	(López-patiño et

		PO ₄ ³⁻), COD				al., 2024).
2	Bakteri– Jamur	TPH, PAH	95–100%	Sangat tinggi dalam kondisi oksidatif	Metagenomik, metatranskriptomi k	(Lü et al., 2024).
3	Mikroalga– Bakteri (waste gas– wastewater) Jamur–	CO ₂ , COD, NH ₄ ⁺	88–96%	Tinggi jika rasio inoculum optimal	Metabolomik, amplicon seq.	(Kong et al., 2024)
4	Bakteri (pharmaceuti cal effluent) Bakteri–Alga	Antibiotik: levofloxacin , tetracycline	85–90%	Stabil pada rasio substrat terkendali	Metatranskriptomi k, metabolomik	(Li et al., 2025)
5	(native LMIC consortia) Bacteria–	Domestic WW: NH ₄ ⁺ , PO ₄ ³⁻ , COD	75–92%	Tinggi pada kondisi non- steril (NSWW)	Amplicon seq., metagenomik	(López- patiño et al., 2024)
6	Fungi (leaf litter analogues)	Lignocellulo sic organics	80–95% (decompo sition)	Tinggi; functional redundancy	Metatranscriptomi cs, amplicon seq.	(Deep et al., 2025) (López- patiño et al., 2024)
7	Bacteria– algae biofilm reactors	Nutrients, COD Antibiotik,	88–95%	Tinggi; biofilm confers resilience Sangat tinggi,	Amplicon seq., biofilm imaging Multi-omics	(Dell’Ann o et al., 2021)
8	Bakteri– Jamur–Alga	fenol, mikroplastik	92–98%	koordinasi lintas-enzimatik	(metaG, metaT, metabolomik)	(Cao et al., 2022)

SIMPULAN DAN SARAN

Kajian ini menegaskan bahwa konsorsium mikroba lintas kingdom memberikan efektivitas bioremediasi yang jauh lebih tinggi dibandingkan kultur tunggal karena adanya pembagian kerja metabolik antara bakteri, jamur, dan mikroalga yang memungkinkan degradasi senyawa kompleks berjalan lebih lengkap dan stabil. Integrasi pendekatan multi-omik memperjelas fungsi masing-masing kingdom, jalur degradasi yang dominan, serta dinamika metabolit yang menjaga keseimbangan komunitas. Penerapan prinsip ekologi sintesis memperkuat rancangan konsorsium melalui pengaturan spasial, pembagian kerja yang terarah, dan mekanisme komunikasi antarsel yang dapat dikendalikan untuk menjaga kestabilan fungsional. Sinergi lintas kingdom yang didukung oleh analisis omik dan prinsip ekologi sintesis menghasilkan platform bioremediasi yang presisi, efisien, dan berkelanjutan untuk menghadapi polutan kompleks dalam limbah cair modern

DAFTAR RUJUKAN

Abate, R., Oon, Y.-S., Oon, Y.-L., & Bi, Y. (2024). Heliyon Microalgae-bacteria nexus for environmental remediation and renewable energy resources : Advances , mechanisms and biotechnological applications. *Heliyon*, 10, 1–28. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e31170>

Arikan, M., & Muth, T. (2023). Integrated Multi-Omics Analyses of Microbial Communities: a Review of the Current State and Future Directions. *Molecular Omics*, 19(8), 607–623. <https://doi.org/10.1039/d3mo00089c>

Cai, Z., Karunkaran, E., & Pandhal, J. (2024). Bottom-up construction and screening of algae-bacteria consortia for pollutant biodegradation. *Frontiers in Microbiology*, 15, 1–16. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1349>

- Cao, Z., Yan, W., Ding, M., & Yuan, Y. (2022). Construction of microbial consortia for microbial degradation of complex compounds. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 10, 1–14. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2022.1051233>
- Che, S., & Men, Y. (2019). Synthetic microbial consortia for biosynthesis and biodegradation: promises and challenges. *Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology*, 46(9), 1343–1358. <https://doi.org/10.1007/s10295-019-02211-4>
- Chen, L., Tang, T., Li, D., Wang, Z., Wu, S., & Liu, Y. (2025). Characterization of microbial consortium for rice straw degradation and the role of nitrogen sources in community assembly. *Chemical Engineering Journal*, 520(July), 166199. <https://doi.org/10.1016/j.cej.2025.166199>
- Chen, M., Tian, S., He, T., Qin, L., Liu, H., & Qifeng, W. (2025). Microbial consortium composed of efficient denitrifying strains and bacterial groups from toilet water for enhancing blackwater treatment. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 13(5), 117676. <https://doi.org/10.1016/j.jece.2025.117676>
- Chen, Y. C., Destouches, L., Cook, A., & Fedor, A. J. H. (2024). Synthetic microbial ecology: engineering habitats for modular consortia. *Journal of Applied Microbiology*, 135(7), 1–16. <https://doi.org/https://doi.org/10.1093/jambio/lxae158>
- Dai, C., & Wang, F. (2024). Bioresource Technology Potential applications of microalgae – bacteria consortia in wastewater treatment and biorefinery. *Bioresource Technology*, 393, 1–11. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.biortech.2023.130019>
- Deep, A., Sieber, G., Boden, L., David, G. M., Baikova, D., Buchner, D., Starke, J., Stach, T. L., Reinders, T., Hadziomerovic, U., Beszteri, S., Probst, A. J., Boenigk, J., & Beisser, D. (2025). A metatranscriptomic exploration of fungal and bacterial contributions to allochthonous leaf litter decomposition in the streambed. *Bioinformatics and Genomics*, 13, 1–20. <https://doi.org/10.7717/peerj.19120>
- Dell'Anno, F., Rastelli, E., Sansone, C., Brunet, C., Ianora, A., & Anno, A. D. (2021). Bacteria, Fungi and Microalgae for the Bioremediation of Marine Sediments Contaminated by Petroleum Hydrocarbons in the Omics Era. *Microorganisms Review*, 9(8), 1–22. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9081695>
- Efremenko, E., Stepanov, N., Senko, O., Aslanli, A., Maslova, O., & Lyagin, I. (2024). Using Fungi in Artificial Microbial Consortia to Solve Bioremediation Problems. *Microorganisms*, 12(3), 1–26. <https://doi.org/https://doi.org/10.3390/microorganisms12030470>
- Giyahchi, M., & Moghimi, H. (2025). Ecotoxicology and Environmental Safety Sustainable solution for microplastic removal: Sequential biodegradation and detoxification of polyethylene terephthalate microplastics by two natural microbial consortia. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 302(July), 118738. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2025.118738>
- Guandalupe, J. J., Pazmiño-vela, M., Pozo, G., Vernaza, W., Ochoa-herrera, V., Torres, M. de L., & Torres, A. F. (2024). Metagenomic analysis of microbial consortia native to the Amazon, Highlands, and Galapagos regions of Ecuador with potential for wastewater remediation. *Environmental Microbiology Reports*, 16(3), 1–18. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.13272>
- Herold, M., Arbas, S. M., Narayanasamy, S., Sheik, A. R., Kleine-borgmann, L. A. K., Lebrun, L. A., Kunath, B. J., Roume, H., Bessarab, I., Williams, R. B. H., Gillece, J. D., Schupp, J. M., Keim, P. S., Jäger, C., Hoopmann, M. R., Moritz, R. L., Ye, Y., Li, S., Tang, H., ... Wilmes, P. (2020). Integration of Time-

- Series Meta-Omics Data Reveals How Microbial Ecosystems Respond to Disturbance. *Nature Communications*, 11, 1–14. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-19006-2>
- Jiang, W., Wang, S., Gu, F., Yang, X., Qi, Q., & Liang, Q. (2025). Advances in synthetic microbial ecosystems approach for studying ecological interactions and their influencing factors. *Engineering Microbiology*, 5(2), 100205. <https://doi.org/10.1016/j.engmic.2025.100205>
- Keneally, C., Chilton, D., Dornan, T. N., Kidd, S. P., Gaget, V., Toomes, A., Lassaline, C., Petrovski, R., Wood, L., & Brookes, J. D. (2025). Multi-Omics Reveal Microbial Succession and Metabolomic Adaptations to Flood in a Hypersaline Coastal Lagoon. *Water Research*, 280, 1–11. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2025.123511>
- Kong, W., Kong, J., Feng, S., Yang, T., Xu, L., Shen, B., & Bi, Y. (2024). Cultivation of microalgae – bacteria consortium by waste gas – waste water to achieve - CO₂ fixation , wastewater purification and bioproducts production. *Biotechnology for Biofuels and Bioproducts*, 1–21. <https://doi.org/10.1186/s13068-023-02409-w>
- Li, X., Dai, Y., Guan, X., Han, Z., Li, X., Wang, X., Su, Z., Zhang, H., & Xu, M. (2025). Environmental Technology & Innovation Taxonomic structure and functional assembly of the broad-spectrum sulfonylurea herbicide-degrading microbial consortium L1 under different herbicide substrates. *Environmental Technology & Innovation*, 40, 1–23. <https://doi.org/10.1016/j.eti.2025.104446>
- López-patiño, A. M., Cárdenas-orrego, A., Torres, A. F., Navarrete, D., Champagne, P., & Ochoa-herrera, V. (2024). Native microalgal-bacterial consortia from the Ecuadorian Amazon region: an alternative to domestic wastewater treatment. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 12, 1–14. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2024.1338547>
- Lü, H., Wei, J., Tang, G., Chen, Y., Huang, Y., Hu, R., Mo, C., Zhao, H., Xiang, L., Li, Y., Cai, Q., & Li, Q. X. (2024). Microbial consortium degrading of organic pollutants : Source , degradation efficiency , pathway , mechanism and application. *Journal of Cleaner Production*, 451(December 2023), 141913. <https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2024.141913>
- Mahajan, M., & Prakash, A. (2025). Bacterial Consortia as potential Bioremediation Wastewater Treatment : A Comprehensive Review Mansi Mahajan and Alka Prakash agents for. *International Journal of Advancement in Life Sciences Research*, 8(1), 16–33. <https://doi.org/https://doi.org/10.31632/ijalsr.2025.v08i01.002>
- Nam, N. N., Do, H. D. K., Trinh, K. T. L., & Lee, N. Y. (2023). Metagenomics : An Effective Approach for Exploring Microbial. *Foods*, 12(11), 1–23. <https://doi.org/https://doi.org/10.3390/foods12112140>
- Nunes, P. S. O., Lacerda-junior, G. V., Mascarin, G. M., Guimar, R. A., Medeiros, F. H. V, Arthurs, S., & Bettiol, W. (2024). Microbial consortia of biological products : Do they have a future ? *Biological Control*, 188, 1–17. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2024.105439>
- Ren, J., Peng, Q., Du, Z., Yang, X., Hui, J., Li, R., & Cheng, W. (2025). Multi-Omics Insights Into Micro-Oxygen-Regulated Microbial Decolorization and Metabolic Pathways During Hydrolysis and Acidification of Textile Wastewater. *Journal of Cleaner Production*, 527, 1–13. <https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2025.146707>
- Renganathan, P., & Gaysina, L. A. (2025). Next-Generation Wastewater Treatment: Omics and AI-Driven Microbial Strategies for Xenobiotic Bioremediation and Circular Resource Recovery. *Processes*, 13(10), 1–28. <https://doi.org/https://doi.org/10.3390/pr13101000>

13103218

- Renganathan, P., Gaysina, L. A., Gutiérrez, C. G., Puente, E. O. R., & Sainz-hernández, J. C. (2025). Harnessing Engineered Microbial Consortia for Xenobiotic Bioremediation: Integrating Multi-Omics and AI for Next-Generation Wastewater Treatment. *Journal of Xenobiotics*, 15(4), 1–29. <https://doi.org/https://doi.org/10.3390/jox15040133>
- Rezaei, Z., & Moghimi, H. (2024). Ecotoxicology and Environmental Safety Fungal-bacterial consortia: A promising strategy for the removal of petroleum hydrocarbons. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 280(December 2023), 116543. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2024.116543>
- Román, M. S., Arrabal, A., Benitez-Dominguez, B., Quirós-Rodríguez, I., & Diaz-Colunga, J. (2025). Towards synthetic ecology: strategies for the optimization of microbial community functions. *Frontiers in Synthetic Biology*, 3, 1–14. <https://doi.org/10.3389/fsybi.2025.1532846>
- Sesay, F., Sesay, R. E. V., Kamara, M., Li, X., & Niu, C. (2025). Biodegradation of pharmaceutical contaminants in wastewater using microbial consortia: Mechanisms, applications, and challenges. *Journal of Environmental Management*, 384(December 2024), 125564. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2025.125564>
- Sidhu, C., Vikram, S., & Pinnaka, A. K. (2017). Unraveling the Microbial Interactions and Metabolic Potentials in Pre- and Post-treated Sludge from a Wastewater Treatment Plant Using Metagenomic Studies. *Frontiers in Microbiology*, 8, 1–10. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01382>
- Thirumalaivasan, N., & Gnanasekaran, L. (2024). Utilization of fungal and bacterial bioremediation techniques for the treatment of toxic waste and biowaste. *Frontiers in Materials*, 11, 1–20. <https://doi.org/10.3389/fmats.2024.1416445>
- Wang, K., Liu, L., Li, H., Sheng, J., Ji, H., Yan, Y., Zhang, J., Wang, Y., Wang, H., Zhang, Y., Zhu, Z., & Sun, X. (2025). Bioresource Technology Enhanced wastewater treatment using microalgae-bacteria-fungi consortia with brassinolide. *Bioresource Technology*, 437(June), 133182. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2025.133182>
- Wang, Q., Cui, J., Chen, N., Zhang, X., Ma, Y., & Zhang, K. (2025). Bioresource Technology Effects of bisphenol A on nitrogen removal in sulfur autotrophic denitrification-Anammox microbial consortia: Resilience, biotransformation, and toxicity. *Bioresource Technology*, 438(June), 133252. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2025.133252>
- Wang, Y., Cheng, H., Wang, P., Fan, R., Luo, L., & Lin, G. (2025). Promotion of growth and biological state of microalgae-bacteria consortia during swine wastewater treatment doped with nano-sized iron. *Scientific Reports*, 15, 1–14. <https://doi.org/https://doi.org/10.1038/s41598-025-06352-8>
- Yang, X., Feng, K., Wang, S., Yuan, M. M., Peng, X., He, Q., Wang, D., Shen, W., Zhao, B., Du, X., Wang, Y., Wang, L., Cao, D., & Liu, W. (2024). Unveiling the deterministic dynamics of microbial meta - metabolism: a multi - omics investigation of anaerobic biodegradation. *Microbiome*, 12, 1–17. <https://doi.org/10.1186/s40168-024-01890-1>