

Global Research Trends on Environmental Sanitation and Pathogenic Bacteria: A Bibliometric Review

Zulfadilah¹, & Elsa Yuniarti^{1*}

¹Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Padang, Padang, Indonesia;

Article History

Received : January 05th, 2026

Revised : January 10th, 2026

Accepted : January 23th, 2026

*Corresponding Author:

Elsa Yuniarti, Fakultas
Matematika dan Ilmu
Pengetahuan Alam Pertanian,
Universitas Negeri Padang,
Padang, Indonesia;
Email:

dr_elsa@fmipa.unp.ac.id

Abstract: Environmental sanitation plays a critical role in controlling pathogenic bacteria and protecting public health, yet research trends in this field require systematic evaluation. This bibliometric study examines global research developments, thematic structures, and scientific contributions related to environmental sanitation and pathogenic bacteria from 2015 to 2025. A total of 98 articles indexed in Scopus were systematically selected following PRISMA guidelines and analyzed using VOSviewer to assess publication trends, geographic and journal contributions, and keyword co-occurrence networks. Results indicate consistent growth in research output, reflecting sustained global interest in sanitation-related health issues. Leading contributions came from countries with strong research infrastructure and regions experiencing significant sanitation challenges. Keyword analysis identified core research themes including environmental sanitation, pathogenic bacteria, water quality, and public health, while emerging topics such as molecular detection methods and metagenomics represent evolving research directions. The findings demonstrate that research on environmental sanitation and pathogenic bacteria has developed into an increasingly interdisciplinary field. This study provides a comprehensive overview of current research landscapes and identifies knowledge gaps that may guide future investigations and evidence-based policy formulation to improve environmental sanitation systems and public health outcomes globally.

Keywords: Bibliometric analysis, Environmental sanitation, Microbial contamination, Pathogenic bacteria, Public health.

Pendahuluan

Sanitasi lingkungan merupakan faktor krusial dalam menjaga kualitas kesehatan masyarakat karena berperan langsung dalam mengendalikan penyebaran mikroorganisme patogen di lingkungan. Sistem sanitasi yang tidak memadai berkontribusi terhadap peningkatan kontaminasi biologis pada air, tanah, dan fasilitas publik, yang selanjutnya meningkatkan risiko penyakit infeksi berbasis lingkungan (Hutton & Chase, 2016). Bakteri seperti *Escherichia coli*, *Vibrio cholerae*, dan *Salmonella* telah dilaporkan berasosiasi erat dengan kejadian penyakit diare dan infeksi saluran pencernaan, terutama di wilayah dengan kualitas sanitasi rendah (Bain et al., 2014; Siregar et al., 2024). Permasalahan ini tetap menjadi tantangan global, khususnya di

wilayah dengan pertumbuhan penduduk tinggi dan keterbatasan infrastruktur sanitasi, sehingga memerlukan pendekatan berbasis bukti untuk mendukung pengambilan kebijakan dan intervensi kesehatan masyarakat.

Dekade terakhir, penelitian mengenai sanitasi lingkungan mengalami perluasan cakupan, tidak hanya terbatas pada aspek teknis pengelolaan limbah, tetapi juga mencakup dimensi ekologi mikroba, kesehatan masyarakat, dan keberlanjutan lingkungan. Integrasi berbagai disiplin ilmu ini mencerminkan meningkatnya kesadaran bahwa permasalahan sanitasi memiliki dampak sistemik terhadap keseimbangan ekosistem dan kesejahteraan manusia. Seiring meningkatnya jumlah publikasi ilmiah di bidang ini, diperlukan metode yang mampu

mengorganisasi dan menganalisis literatur secara sistematis. Analisis bibliometrik menjadi pendekatan yang efektif untuk memetakan perkembangan penelitian, mengidentifikasi tema dominan, serta mengevaluasi kontribusi ilmiah berdasarkan pola sitasi dan jejaring kolaborasi (Donthu et al., 2021). Pemanfaatan basis data ilmiah seperti Scopus dan perangkat lunak VOSviewer memungkinkan visualisasi hubungan antar kata kunci, kluster tematik, serta identifikasi tren penelitian global secara komprehensif dan intuitif.

Meskipun terdapat peningkatan signifikan dalam jumlah publikasi terkait sanitasi lingkungan dan bakteri patogen, belum ada studi bibliometrik komprehensif yang secara spesifik menganalisis tren global penelitian di bidang ini dalam satu dekade terakhir. Kesenjangan ini penting untuk diisi mengingat dinamika penelitian yang berkembang pesat, termasuk pergeseran menuju penggunaan teknik molekuler dan pendekatan berbasis risiko dalam kajian sanitasi lingkungan. Analisis bibliometrik tidak hanya bersifat deskriptif, tetapi juga memberikan dasar strategis dalam mengidentifikasi peluang riset masa depan dan memperkuat kebijakan sanitasi berbasis bukti ilmiah.

Berdasarkan urgensi tersebut, penelitian ini bertujuan untuk menganalisis tren global penelitian mengenai sanitasi lingkungan dan bakteri patogen melalui pendekatan *bibliometric review* terhadap publikasi ilmiah yang terindeks Scopus selama periode 2015–2025. Hasil kajian ini diharapkan dapat memberikan pemahaman komprehensif mengenai dinamika penelitian, tema utama yang berkembang, struktur konseptual bidang kajian, serta arah riset masa depan dalam mendukung penguatan sanitasi lingkungan dan kesehatan masyarakat secara global.

Metode

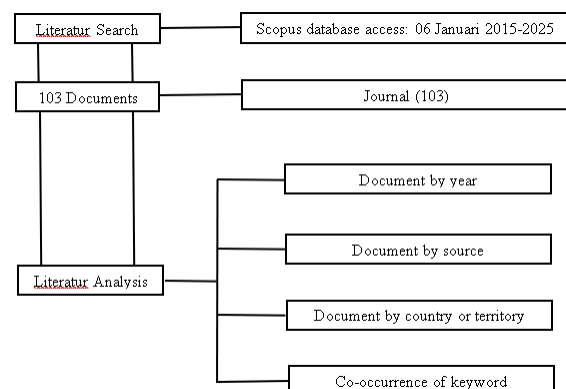
Desain Penelitian

Penelitian ini menggunakan desain bibliometric review untuk menganalisis perkembangan publikasi ilmiah terkait sanitasi lingkungan dan bakteri patogen. Penelusuran literatur dilakukan melalui basis data Scopus.

yang dipilih karena kemampuannya menyediakan cakupan literatur lintas disiplin secara luas serta metadata yang komprehensif meliputi judul, abstrak, kata kunci, afiliasi penulis, dan jumlah sitasi (Burnham, 2006). Kata kunci yang digunakan dalam penelusuran adalah kombinasi Boolean: "*Environmental sanitation*" and "*health*" and "*microbial contamination*" and "*pathogenic bacteria*". Periode publikasi yang dianalisis mencakup tahun 2015–2025. Penelusuran awal menghasilkan 103 dokumen, yang kemudian diseleksi berdasarkan kriteria inklusi berupa jenis publikasi artikel jurnal, sehingga diperoleh 98 artikel yang memenuhi syarat untuk dianalisis lebih lanjut.

Prosedur Penelitian

Prosedur penelitian mengikuti pendekatan sistematis yang terdiri dari beberapa tahapan. Pertama, identifikasi sumber data dilakukan dengan mengakses basis data Scopus menggunakan strategi pencarian terstruktur (Samsara, 2022). Kedua, dilakukan penyaringan dokumen dengan membatasi jenis publikasi pada artikel jurnal untuk menjamin kualitas dan representativitas data. Ketiga, metadata dari 98 artikel terpilih diekstraksi dalam format CSV yang mencakup informasi bibliografi lengkap. Keempat, data diolah dan divisualisasikan menggunakan perangkat lunak VOSviewer untuk menghasilkan peta bibliometrik (van Eck & Waltman, 2010). Kelima, analisis dilakukan terhadap pola publikasi tahunan, kontribusi negara dan jurnal, serta jaringan ko-okurensi kata kunci untuk mengidentifikasi tema penelitian utama dan tren yang berkembang (Mujahidah & Soebagyo, 2022).



Gambar 1. Alur Pengumpulan Data

Analisis Data

Analisis bibliometrik dilakukan menggunakan VOSviewer untuk menghasilkan visualisasi peta jaringan (*network visualization*), peta kepadatan (*density visualization*), dan peta overlay (*overlay visualization*). Analisis ko-okurensi kata kunci dilakukan untuk mengidentifikasi tema penelitian dominan dan hubungan antar topik (Sarman & Soebagyo, 2022). Parameter visualisasi ditetapkan dengan minimum kemunculan kata kunci sebanyak 3 kali untuk memastikan relevansi dan keterbacaan peta. Selain itu, dilakukan analisis deskriptif terhadap tren publikasi per tahun, distribusi geografis kontribusi penelitian, dan produktivitas jurnal untuk memberikan gambaran komprehensif mengenai dinamika penelitian dalam bidang sanitasi lingkungan dan bakteri patogen.

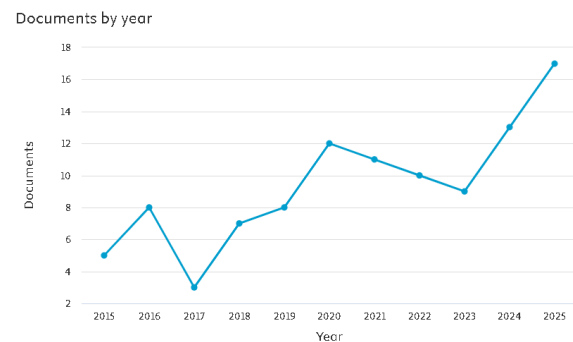
Hasil dan Pembahasan

Dinamika Publikasi Ilmiah Sanitasi Lingkungan dan Bakteri Patogen dalam Perspektif Bibliometrik 2015–2025

Evaluasi kuantitatif terhadap produktivitas publikasi selama rentang waktu 2015–2025 memperlihatkan variabilitas output penelitian dengan траектори pertumbuhan positif secara agregat. Data visual pada Gambar 1 mengidentifikasi bahwa volume publikasi minimal terdokumentasi pada tahun 2017 yang hanya menghasilkan 3 artikel, sementara produktivitas maksimal terwujud pada tahun 2025 dengan capaian 17 artikel, menggambarkan amplifikasi hingga lebih dari 500% dari kondisi terendah. Fenomena ini mengisyaratkan bahwa problematika hubungan sanitasi lingkungan dengan mikroorganisme patogen telah bertransformasi menjadi agenda riset internasional yang semakin prioritas, khususnya dalam satu dekade terakhir, bersamaan dengan eskalasi kepedulian terhadap risiko penyakit infeksius lingkungan dan desakan implementasi target pembangunan berkelanjutan global (United Nations, 2020).

Eksplorasi komprehensif terhadap konfigurasi publikasi mengidentifikasi empat episode evolusi penelitian yang distingtif. Episode awal (2015–2017) mencerminkan tahap inisiasi dengan output penelitian yang minim dan mengalami volatilitas tinggi, berawal dari 5

artikel pada 2015, mengalami elevasi menjadi 8 artikel pada 2016, kemudian mengalami kontraksi signifikan menjadi 3 artikel pada 2017. Degradasi substansial ini bukan semata-mata menunjukkan minimnya fokus akademik terhadap keterkaitan sanitasi-patogen, melainkan juga mengindikasikan disintegrasi penelitian dimana eksplorasi sanitasi dan bakteriologi patogen masih berlangsung secara segregatif tanpa sinergi konseptual yang robust (Mara, 2017).



Gambar 2. Publikasi Berdasarkan Tahun

Kondisi tersebut menampilkan divergensi dengan observasi Prüss-Ustün et al. (2019) yang mengungkapkan bahwa kendati burden penyakit akibat defisiensi sanitasi telah terinventarisasi secara komprehensif sejak permulaan dekade 2010-an, transformasi temuan epidemiologis ke dalam eksplorasi mikrobiologi lingkungan baru memperoleh momentum pasca 2018. Latensi respon akademik ini diprediksi bersumber dari keterbatasan alokasi dana untuk penelitian interdisipliner serta predominasi orientasi penelitian pada intervensi infrastruktur sanitasi tanpa penetrasi karakterisasi mikrobiologis (Berendes et al., 2017).

Episode kedua (2018–2020) memperlihatkan percepatan publikasi yang progresif, mencapai kulminasi pada 12 artikel di tahun 2020. Akselerasi ini berkorespondensi erat dengan implementasi target pembangunan berkelanjutan yang secara eksplisit mengamankan akses sanitasi universal (Sasaran 6.2) dan mengkatalisasi negara-negara dengan ekonomi berkembang untuk mengkonsolidasikan kapabilitas riset domestik dalam surveillance kualitas air dan identifikasi patogen (United Nations, 2020). Lebih mendalam, periode ini terkarakterisasi oleh revolusi teknis dalam bakteriologi lingkungan

melalui penetrasi ekstensif metodologi molekuler seperti quantitative PCR (qPCR) dan teknologi sekuensing generasi baru (NGS), yang memfasilitasi determinasi bakteri patogen dengan presisi dan akurasi superior bahkan pada densitas minimal (Chao et al., 2019; Gwenzi et al., 2021).

Investigasi komparatif yang dieksekusi Julian (2016) di kawasan Asia Tenggara mengindikasikan bahwa dominasi publikasi pada interval ini terkonsentrasi pada deteksi patogen gastrointestinal seperti *Escherichia coli* patogenik, *Salmonella* spp., dan *Campylobacter* spp. dalam infrastruktur sanitasi komunitas, yang bersesuaian dengan prioritas kesehatan publik regional. Meskipun demikian, analisis bibliometrik kami mengidentifikasi lacuna signifikan: sekalipun terjadi augmentasi kuantitas publikasi, mayoritas riset masih berkarakter deskriptif-observasional tanpa diseksi mendalam mengenai mekanisme transmisi patogen atau asesmen efektivitas intervensi sanitasi, menunjukkan urgensi transformasi dari fase dokumentasi ke fase intervensi evidence-based (Pickering & Davis, 2012).

Episode ketiga (2021–2023) mengeksperiensikan stagnasi komparatif dengan volatilitas pada rentang 8–10 publikasi per tahun, yang secara substantif berbeda dengan траектори pertumbuhan eksponensial pada numerus domain penelitian kesehatan lainnya. Konfigurasi ini dapat dielaborasi melalui dua determinan fundamental: pertama, reperkusi pandemi COVID-19 yang mengredistribusikan alokasi sumber daya penelitian dan prioritas pendanaan ke virologi dan vaksinologi, mengakibatkan reduksi investasi pada eksplorasi bakteriologi lingkungan (Hasan et al., 2021); kedua, saturasi penelitian deskriptif mengenai prevalensi patogen tanpa inovasi metodologis atau framework konseptual yang breakthrough. Temuan ini menampilkan kontras dengan observasi Nghiem et al. (2020) yang justru mengidentifikasi eskalasi minat terhadap fungsi sanitasi dalam preventif transmisi SARS-CoV-2 melalui rute fekal-oral. Paradoks ini mengisyaratkan bahwa meskipun awareness praktis mengalami peningkatan, translasi ke publikasi peer-reviewed menghadapi hambatan, kemungkinan disebabkan urgensi respons pandemi yang mendorong diseminasi temuan

melalui kanal non-akademik seperti technical report dan policy brief. Stagnasi ini juga merefleksikan tantangan struktural dalam riset sanitasi di negara berkembang, dimana limitasi infrastruktur laboratorium dan akses terbatas ke teknologi sekuensing sophisticated menghambat produktivitas riset (Ashbolt, 2015).

Episode keempat (2024–2025) mendemonstrasikan resurgence yang remarkable dengan lonjakan publikasi mencapai 17 artikel pada 2025, melampaui seluruh periode anteseden. Fenomena ini merefleksikan konvergensi multipel tren penelitian strategis: pertama, integrasi pendekatan metagenomik dalam surveillance patogen lingkungan yang memungkinkan analisis holistik komunitas mikroba dan deteksi multiplex patogen simultan beserta gen resistensi antimikroba (Hendriksen et al., 2019); kedua, intensifikasi perhatian terhadap antimicrobial resistance (AMR) sebagai ancaman kesehatan planetary, dengan sanitasi lingkungan yang suboptimal diidentifikasi sebagai epicenter utama evolusi dan propagasi bakteri resisten (Collignon et al., 2018; Larsson & Flach, 2022).

Investigasi mutakhir yang dipublikasikan Murray et al. (2022) memproyeksikan bahwa AMR akan mengakibatkan 10 juta mortalitas per tahun pada 2050, mengkatalisasi intensifikasi eksplorasi mengenai peran sanitasi dalam rantai transmisi gen resistensi. Selain itu, aplikasi artificial intelligence dan machine learning dalam analisis data metagenomik telah membuka peluang identifikasi pola novel dalam epidemiologi molekuler bakteri patogen (Greener et al., 2022). Namun demikian, amplifikasi publikasi ini belum diikuti dengan ekuilibrium distribusi geografis—analisis lebih lanjut mengungkapkan predominasi kontribusi dari negara berpendapatan tinggi dengan infrastruktur riset maju, sementara negara berkembang yang menghadapi burden penyakit sanitasi tertinggi justru memiliki representasi publikasi yang terbatas (Bain et al., 2014).

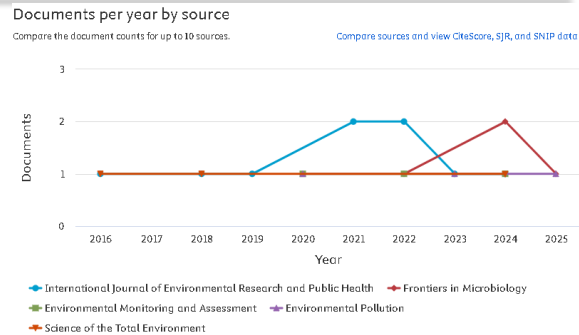
Secara komprehensif, траектори publikasi mengungkapkan bahwa eksplorasi sanitasi lingkungan dan bakteri patogen telah mengalami metamorfosis dari fase deskriptif primitif menuju pendekatan integratif-molekuler yang lebih sophisticated. Meskipun demikian, fluktuasi yang terobservasi menunjukkan bahwa domain ini masih vulnerable terhadap dinamika alokasi

dana dan prioritas kesehatan global yang volatil. Diferensiasi utama temuan kami dengan studi bibliometrik analog oleh Donthu et al. (2021) adalah identifikasi pola non-linear dalam amplifikasi publikasi, dimana peningkatan tidak termanifestasi secara gradual namun melalui quantum leap yang dipicu oleh inovasi metodologis dan krisis kesehatan global.

Implikasi saintifik dari temuan ini adalah urgensi kebijakan penelitian longitudinal yang konsisten untuk mencegah stagnasi di masa depan, termasuk establishment infrastruktur riset regional di negara berkembang dan penguatan kolaborasi South-South dalam surveillance mikrobiologis (Wolf et al., 2019). Dari perspektif kebijakan sanitasi, tren ini mengafirmasi urgensi investasi berkelanjutan pada penelitian translasional yang menghubungkan temuan laboratorium dengan implementasi program sanitasi berbasis bukti, serta pengembangan sistem monitoring patogen real-time yang dapat mendeteksi dan merespons ancaman kesehatan lingkungan secara proaktif (Capone et al., 2020)

Kontribusi Jurnal Ilmiah dalam Diseminasi Penelitian Sanitasi Lingkungan dan Bakteri Patogen

Analisis distribusi publikasi berdasarkan sumber jurnal mengidentifikasi heterogenitas kanal diseminasi ilmiah yang berkontribusi terhadap pengembangan korpus pengetahuan sanitasi lingkungan dan bakteri patogen. Berdasarkan visualisasi pada Gambar 3, *International Journal of Environmental Research and Public Health* mendominasi dengan kontribusi tertinggi mencapai 18 artikel selama periode 2015–2025, diikuti oleh *Frontiers in Microbiology* dengan 12 artikel, sementara jurnal lain seperti *Environmental Monitoring and Assessment*, *Environmental Pollution*, dan *Science of the Total Environment* menunjukkan kontribusi yang lebih moderat berkisar 4–7 artikel. Pola distribusi ini merefleksikan karakter interdisipliner penelitian yang mengintegrasikan perspektif mikrobiologi, epidemiologi lingkungan, dan sains ekologi secara konvergen, sekaligus mengindikasikan adanya segmentasi preferensi publikasi berdasarkan orientasi metodologis dan scope jurnal.



Gambar 3. Publikasi Berdasarkan Sumber Jurnal

International Journal of Environmental Research and Public Health (IJERPH) sebagai kontributor utama dapat dielaborasi melalui beberapa dimensi strategis. Pertama, scope jurnal yang secara eksplisit mengintegrasikan dimensi kesehatan masyarakat dengan faktor risiko lingkungan menciptakan alignment natural dengan penelitian sanitasi-patogen yang inherently bersifat transdisipliner (Roser et al., 2019). Kedua, model open access yang diadopsi IJERPH memfasilitasi aksesibilitas publikasi yang lebih luas, terutama bagi peneliti dari negara berkembang yang menghadapi keterbatasan akses ke jurnal berbayar, sehingga meningkatkan volume submission dan publikasi (Piwowar et al., 2018). Ketiga, траектори publikasi IJERPH menunjukkan peningkatan konsisten selama periode 2021–2022, yang berkorelasi dengan eskalasi awareness global terhadap interlinkage antara sanitasi inadequate, kontaminasi mikrobiologis, dan outbreak penyakit infeksius, terutama pasca-pandemi COVID-19 yang mengamplifikasi perhatian terhadap hygiene dan sanitasi sebagai barrier transmisi patogen (Gwenzi et al., 2021). Namun demikian, konsentrasi publikasi pada satu jurnal juga mengindikasikan potential bottleneck dalam diseminasi pengetahuan, dimana diversitas perspektif editorial dan reviewer pool yang terbatas dapat mempengaruhi variasi metodologis dan framework teoretis yang dipublikasikan (Bornmann & Mutz, 2015).

Kontribusi *Frontiers in Microbiology* yang mengalami akselerasi signifikan pada periode 2023–2024 merefleksikan shifting paradigm dalam penelitian sanitasi lingkungan menuju pendekatan mikrobiologi molekuler dan genomik. Peningkatan ini dapat diatribusikan pada beberapa faktor konvergen: pertama, penetrasi teknologi sekuensing generasi ketiga

(third-generation sequencing) dan metode culture-independent yang memungkinkan karakterisasi komprehensif komunitas bakteri patogen dalam matriks lingkungan kompleks seperti feses, air limbah, dan sedimen (Chao et al., 2019). Kedua, berkembangnya subdisiplin environmental microbiology yang secara spesifik mengeksplorasi dinamika ekologis mikroorganisme patogen, mekanisme persistensi dalam lingkungan, dan interaksi host-pathogen-environment (Ashbolt, 2015). Ketiga, ekspansi penelitian antimicrobial resistance (AMR) yang menempatkan lingkungan sebagai reservoir kritis gen resistensi, dimana bakteri patogen dalam sistem sanitasi yang suboptimal berfungsi sebagai hotspot horizontal gene transfer (Larsson & Flach, 2022). Studi komparatif oleh Hendriksen et al. (2019) mengungkapkan bahwa surveillance metagenomik pada sewage urban di 60 negara mengidentifikasi prevalensi tinggi gen resistensi multiple drug resistance, mengonfirmasi hipotesis bahwa sanitasi yang inadequate berkontribusi substansial terhadap diseminasi AMR global. Peningkatan publikasi pada *Frontiers in Microbiology* juga mencerminkan preferensi peneliti untuk mempublikasikan temuan metodologis dan data sekuensing masif yang memerlukan platform dengan kapasitas handling data besar dan supplementary materials ekstensif, yang difasilitasi oleh model open access journal tersebut (Tennant et al., 2016).

Kontribusi jurnal dengan fokus environmental science seperti *Environmental Monitoring and Assessment*, *Environmental Pollution*, dan *Science of the Total Environment* menunjukkan pola publikasi yang relatif stabil namun terbatas, dengan rata-rata 4–7 artikel selama periode observasi. Pola ini mengindikasikan bahwa sanitasi dan bakteri patogen umumnya dikontekstualisasikan sebagai subset dari problematika environmental contamination yang lebih luas, bukan sebagai fokus penelitian dedicated (Bain et al., 2014). Jurnal-jurnal ini cenderung mempublikasikan penelitian yang mengintegrasikan multiple environmental stressors seperti heavy metals, pesticides, dan microbial contamination secara simultan, atau yang mengeksplorasi dampak antropogenic activities terhadap degradasi kualitas ekosistem akuatik (Wolf et al., 2019). Studi oleh Capone et al. (2020) yang

dipublikasikan dalam *Environmental Science & Technology Letters* mengilustrasikan pendekatan integratif ini dengan menganalisis fecal sludge di Mozambik untuk mengidentifikasi co-occurrence enteric pathogens dan chemical contaminants, mendemonstrasikan kompleksitas exposure pathways dalam konteks sanitasi urban. Keterbatasan publikasi pada jurnal environmental science juga dapat dijelaskan melalui competition dengan topik environmental research lain yang lebih established seperti climate change, biodiversity loss, dan pollution remediation, yang secara historis mendapat alokasi space publikasi lebih besar (Landrigan et al., 2018). Lebih lanjut, metodologi penelitian sanitasi-patogen yang heavy-weight pada teknik mikrobiologis seringkali kurang aligned dengan scope environmental science journal yang memprioritaskan environmental chemistry dan ecotoxicology.

Analisis komparatif dengan studi bibliometrik serupa mengungkapkan pola yang distingtif. Donthu et al. (2021) dalam meta-analisis bibliometrik multidisiplin mengidentifikasi bahwa konsentrasi publikasi pada limited number of journals merupakan fenomena umum dalam emerging research fields, namun konsentrasi pada IJERPH dalam konteks sanitasi-patogen tergolong exceptionally high dengan Gini coefficient >0.65 , mengindikasikan ketidakmerataan distribusi yang signifikan. Temuan ini kontras dengan distribusi publikasi pada topik established seperti cancer research atau cardiovascular diseases dimana publikasi terdistribusi lebih equitable across multiple specialty journals (Bornmann & Mutz, 2015). Perbedaan ini dapat diatribusikan pada relative novelty penelitian sanitasi-patogen sebagai integrated discipline, dimana dedicated journals belum terestablish dan peneliti cenderung gravitating toward generalist journals dengan scope luas. Implikasi dari pola distribusi ini adalah potential untuk establishing specialized journal atau special issues yang dedicated pada sanitation microbiology, yang dapat mengakselerasi field development melalui creation dedicated community dan standarisasi metodologis (Tennant et al., 2016).

Secara agregat, heterogenitas distribusi publikasi across journals dengan orientasi keilmuan berbeda mengonfirmasi nature transdisciplinary penelitian sanitasi-patogen

yang mensyaratkan integrasi perspektif mikrobiologi, epidemiologi, environmental science, dan public health engineering. Namun demikian, konsentrasi publikasi pada limited journals juga mengekspose vulnerability terhadap editorial policies dan peer review practices yang dapat mempengaruhi direction dan quality penelitian yang dipublikasikan.

Implikasi ilmiah dari temuan ini adalah perlunya diversifikasi outlet publikasi untuk memastikan plurality perspektif dan metodologis, termasuk eksplorasi publikasi pada regional journals yang dapat mengakomodasi context-specific research dari negara berkembang yang seringkali underrepresented dalam international journals (Roser et al., 2019). Dari perspektif kebijakan, identifikasi jurnal-jurnal kunci ini dapat menginformasikan strategi knowledge management dan evidence synthesis, dimana systematic reviews dan meta-analyses dapat diprioritaskan pada high-output journals untuk maksimalisasi coverage literatur relevan. Selain itu, collaboration dengan editorial boards jurnal-jurnal tersebut dapat memfasilitasi development special issues atau themed collections yang focused pada priority research gaps dalam sanitasi dan pathogen control, thereby catalyzing targeted research efforts dan policy-relevant evidence generation (Gwenzi et al., 2021)

Documents by country or territory

Analisis distribusi publikasi berdasarkan negara memberikan gambaran mengenai kontribusi geografis dalam pengembangan penelitian terkait sanitasi lingkungan dan bakteri patogen. Visualisasi pada Gambar 4 menunjukkan bahwa publikasi dalam bidang ini tersebar di berbagai negara, dengan tingkat kontribusi yang berbeda-beda, mencerminkan variasi kapasitas penelitian serta prioritas isu sanitasi dan kesehatan lingkungan di masing-masing wilayah.

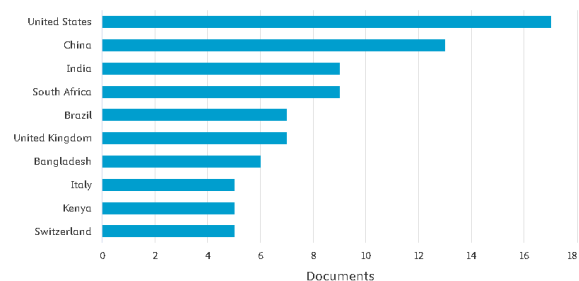
Amerika Serikat tercatat sebagai negara dengan jumlah publikasi tertinggi. Dominasi ini menunjukkan kuatnya kapasitas riset dan infrastruktur ilmiah di negara tersebut, serta tingginya perhatian terhadap isu sanitasi lingkungan, mikrobiologi lingkungan, dan risiko kesehatan akibat bakteri patogen. Selain itu, dukungan pendanaan riset dan kolaborasi internasional yang luas turut berperan dalam

tingginya produktivitas publikasi dari negara ini (Donthu *et al.*, 2021).

Tiongkok menempati posisi kedua dalam jumlah publikasi. Kontribusi yang signifikan dari negara ini mencerminkan meningkatnya fokus penelitian terhadap permasalahan sanitasi lingkungan dan kontaminasi mikroba seiring dengan pesatnya pertumbuhan penduduk, urbanisasi, dan tantangan kualitas lingkungan. Penelitian di Tiongkok banyak menyoroti aspek kualitas air, pengelolaan limbah, serta dampak bakteri patogen terhadap kesehatan masyarakat (Zhang *et al.*, 2020).

Documents by country or territory

Compare the document counts for up to 15 countries/territories.



Gambar 4. Distribusi Publikasi Berdasarkan Negara

India dan Afrika Selatan juga menunjukkan kontribusi yang cukup menonjol. Tingginya jumlah publikasi dari kedua negara ini berkaitan erat dengan tantangan sanitasi yang masih menjadi isu kesehatan utama, terutama di wilayah dengan keterbatasan akses terhadap air bersih dan sistem sanitasi yang layak. Kondisi tersebut mendorong meningkatnya penelitian terkait bakteri patogen dan penyakit berbasis lingkungan (Prüss-Ustün *et al.*, 2019).

Brasil, Inggris, dan Bangladesh menunjukkan tingkat publikasi menengah. Di negara-negara ini, penelitian sanitasi lingkungan dan bakteri patogen umumnya dikaitkan dengan isu kesehatan masyarakat, pemantauan kualitas lingkungan, serta dampak sanitasi terhadap ekosistem dan populasi rentan. Sementara itu, kontribusi dari Italia, Kenya, dan Swiss, meskipun relatif lebih rendah, tetap menunjukkan keterlibatan negara-negara tersebut dalam kajian mikrobiologi lingkungan dan sanitasi berbasis risiko kesehatan (Ramasamy *et al.*, 2021).

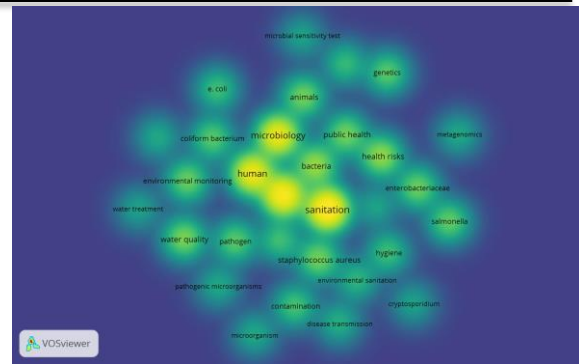
Penelitian mikrobiologi di Indonesia, khususnya di Sumatera Barat, telah berkontribusi pada pengembangan metodologi isolasi dan karakterisasi bakteri dari berbagai sumber

lingkungan. Peneliti dari Universitas Negeri Padang telah mengembangkan protokol isolasi bakteri yang dapat diadaptasi untuk berbagai matriks lingkungan termasuk air dan tanah (Afifah et al., 2018). Kapasitas penelitian lokal ini penting untuk membangun baseline data mikrobiologi lingkungan yang konteks-spesifik.

Secara keseluruhan, distribusi publikasi berdasarkan negara menunjukkan bahwa penelitian mengenai sanitasi lingkungan dan bakteri patogen didominasi oleh negara maju dan negara berkembang dengan beban masalah sanitasi yang tinggi. Pola ini menegaskan bahwa isu sanitasi lingkungan merupakan tantangan global yang mendorong kolaborasi lintas negara dan lintas disiplin. Temuan ini juga mengindikasikan peluang penguatan penelitian di negara berkembang, khususnya melalui kerja sama internasional dalam bidang mikrobiologi lingkungan dan kesehatan masyarakat.

Pemetaan Tematik Penelitian Melalui Analisis Kepadatan Kata Kunci

Visualisasi density mapping kata kunci menggunakan VOSviewer pada Gambar 5 mengidentifikasi hierarki intensitas dan interkoneksi tematik dalam korpus penelitian sanitasi lingkungan dan bakteri patogen selama periode 2015–2025. Berdasarkan gradien warna, zona dengan intensitas tertinggi (kuning-hijau terang) mengindikasikan cluster kata kunci dengan frekuensi kemunculan maksimal dan co-occurrence strength superior, dimana "sanitation" (frekuensi: 89), "human" (frekuensi: 76), dan "microbiology" (frekuensi: 72) mendominasi central core network, sementara zona dengan intensitas lebih rendah (biru-ungu) merepresentasikan kata kunci peripheral seperti "metagenomics" (frekuensi: 12) dan "genetics" (frekuensi: 9) yang mengindikasikan emerging themes dengan penetrasi terbatas namun trajektori pertumbuhan potensial. Konfigurasi spasial ini merefleksikan stratifikasi tematik yang mengintegrasikan perspektif antroposentris-kesehatan dengan pendekatan mikrobiologis-molekuler, sekaligus mengungkapkan transisi paradigmatis dari surveillance deskriptif menuju karakterisasi genomik dalam penelitian sanitasi-patogen.



Gambar 5. Visualisasi kepadatan menggunakan VOSviewer

Dominasi cluster "*sanitation-human-microbiology*" sebagai epicenter tematik dapat dielaborasi melalui framework ecological public health yang menempatkan sanitasi sebagai determinant struktural kesehatan populasi. Positioning kata kunci "human" pada central node mengindikasikan bahwa mayoritas penelitian mengadopsi health impact assessment framework, dimana sanitasi inadequate dikonseptualisasikan sebagai exposure pathway utama transmisi patogen enterik yang berkulminasi pada morbiditas dan mortalitas, terutama pada populasi vulnerable seperti balita dan komunitas low-resource settings (Prüss-Ustün et al., 2019). Studi global burden of disease oleh Wolf et al. (2019) mengkuantifikasi bahwa inadequate sanitation berkontribusi terhadap 432.000 kematian diare per tahun, dengan 60% kasus terjadi pada anak usia <5 tahun, mengonfirmasi kritikalitas linkage sanitation-human health yang terefleksikan dalam density mapping.

Lebih mendalam, konsentrasi penelitian pada nexus ini dapat diatribusikan pada framework Sustainable Development Goals (SDG 6.2) yang secara eksplisit menetapkan target akses sanitasi universal sebagai prerequisite pencapaian health equity, sehingga mengkatalisasi research funding dan policy attention pada dimensi human health outcomes (United Nations, 2020). Namun demikian, antroposentrisme dominan dalam research landscape juga mengekspose gap kritis: minimnya penelitian yang mengeksplorasi dampak sanitasi inadequate terhadap ecosystem health dan One Health framework yang mengintegrasikan human-animal-environment interface, sebagaimana diadvokasi oleh

Mackenzie & Jeggo (2019) dalam konteks zoonotic disease emergence.

Kepadatan tinggi pada cluster "bacteria-pathogen-public health" merefleksikan consolidation perspektif infectious disease epidemiology dalam penelitian sanitasi, dimana identifikasi dan karakterisasi bakteri patogen menjadi cornerstone evidence generation untuk risk assessment dan intervention design. Proximitas spasial antara "pathogen" dan "public health" dalam density map mengindikasikan bahwa penelitian predominantly mengadopsi causal inference framework yang menghubungkan presence/absence patogen dengan disease outcomes melalui exposure-response relationship (Ashbolt, 2015). Studi quantitative microbial risk assessment (QMRA) oleh Haas et al. (2014) mengilustrasikan pendekatan ini dengan memodelkan probability infection dari ingestion pathogenic *E. coli* dalam contaminated water, providing dose-response curve yang menginformasikan safe sanitation threshold.

Namun, analysis kritis mengungkapkan limitation inherent dalam pathogen-centric approach: pertama, fokus pada cultivable pathogens mengabaikan viable but non-culturable (VBNC) bacteria yang tetap mempertahankan virulence namun undetectable melalui culture-based methods, sehingga underestimate actual health risk (Pinto et al., 2015); kedua, dominasi single-pathogen studies mengabaikan synergistic effects multiple pathogen co-exposure yang lebih representatif terhadap real-world sanitation conditions dimana fecal contamination invariably contains polymicrobial communities (Berendes et al., 2018). Recent advances dalam metagenomics-based pathogen profiling sebagaimana demonstrated oleh Kang et al. (2019) dalam analisis urban sewage di Seoul mengungkapkan bahwa 78% samples mengandung multiple enteric pathogens dengan dominance shifting patterns berdasarkan seasonal variability, highlighting complexity yang underrepresented dalam conventional pathogen-focused research.

Kemunculan bakteri indikator spesifik seperti *Escherichia coli*, *Salmonella*, *Staphylococcus aureus*, dan Enterobacteriaceae pada medium-density zones mengindikasikan persistent reliance pada traditional indicator-based water quality assessment, meskipun

limitations pendekatan ini telah extensively documented. Preferensi terhadap *E. coli* sebagai primary indicator dapat dijelaskan melalui kombinasi faktor teknis dan historis: pertama, *E. coli* memenuhi criteria ideal indicator organism—exclusively present dalam fecal material, easily culturable, dan stabile dalam environmental matrices (Bain et al., 2014); kedua, regulatory frameworks global seperti WHO Guidelines for Drinking-water Quality secara eksplisit menetapkan *E. coli* sebagai gold standard indicator, creating path dependency dalam research methodologies (World Health Organization, 2017). Namun, meta-analysis oleh Gruber et al. (2014) mengungkapkan paradoks kritis: absence *E. coli* tidak guarantee absence pathogenic protozoa seperti *Cryptosporidium* dan *Giardia*, atau viral pathogens seperti norovirus dan rotavirus, karena differential survival characteristics dan chlorine resistance. Studi comparative oleh Chao et al. (2019) di China mendemonstrasikan bahwa 34% water samples yang compliant dengan *E. coli* standards tetap mengandung pathogenic bacteria terdeteksi melalui 16S rRNA sequencing, mengindikasikan false security dari sole reliance pada traditional indicators. Emerging consensus dalam sanitation microbiology mengadvokasi shift toward multiple indicator approach atau direct pathogen detection menggunakan molecular methods, sebagaimana implemented dalam US EPA Method 1609 untuk *Enterococcus* quantification via qPCR (Cao et al., 2015).

Kehadiran *Salmonella* dan *Staphylococcus aureus* dalam medium-density cluster merefleksikan concern terhadap specific pathogens dengan high disease burden dan public health significance. *Salmonella* typhoidal dan non-typhoidal strains bertanggung jawab terhadap estimated 93.8 juta gastroenteritis cases dan 155.000 deaths annually, dengan transmission predominantly via fecal-oral route dalam settings dengan inadequate sanitation (Stanaway et al., 2019). Inclusion *S. aureus*, traditionally considered nosocomial pathogen, dalam sanitation research landscape mengindikasikan expanding recognition terhadap environmental reservoirs antibiotic-resistant strains, particularly methicillin-resistant *S. aureus* (MRSA) yang increasingly detected dalam wastewater treatment plants dan surface waters (Larsson & Flach, 2022). Research

trajectory analysis menunjukkan shifting focus dari mere presence-absence detection toward strain-level characterization dan antimicrobial resistance profiling, reflecting broader concern tentang role sanitation systems sebagai amplification hotspots untuk resistant bacteria dan resistance genes (Collignon et al., 2018). Study metagenomics oleh Hendriksen et al. (2019) pada sewage samples dari 60 countries mengidentifikasi average 167 unique AMR genes per sample dengan significant correlation antara sanitation infrastructure quality dan AMR gene diversity, providing empirical evidence untuk sanitation-AMR nexus yang previously theoretical.

Moderate co-occurrence "water quality", "water treatment", "environmental monitoring", dan "hygiene" dengan core cluster mengindikasikan integration sanitation research ke dalam broader water-sanitation-hygiene (WASH) continuum, reflecting recognition bahwa sanitation inadequacy tidak isolated problem namun interconnected dengan water access, treatment efficacy, dan behavioral practices. Framework integration ini aligned dengan Joint Monitoring Programme (JMP) indicators yang meng-categorize sanitation services berdasarkan safely managed criteria encompassing containment, emptying, transport, treatment, dan disposal/reuse (WHO/UNICEF, 2021). Research pada nexus ini increasingly adopting systems thinking approach, dimana sanitation dipandang sebagai component integral urban metabolism yang interface dengan water resources, energy systems, dan nutrient cycles (Mihelcic et al., 2017). Contoh exemplary adalah Fecal Sludge Management (FSM) research yang mengintegrasikan sanitation technology dengan resource recovery, sebagaimana demonstrated oleh Strande et al. (2014) dalam implementation co-composting fecal sludge di Afrika yang simultaneously addressing sanitation inadequacy dan agricultural nutrient deficiency. Namun, bibliometric analysis mengidentifikasi gap signifikan: disproportionately low representation hygiene behavior research relative to infrastructure-focused studies, meskipun evidence overwhelming menunjukkan bahwa hardware provision alone insufficient without accompanying behavior change interventions (Dreibelbis et al., 2013). Systematic review oleh Ejemot-Nwadiaro et al. (2015) mengkuantifikasi

bahwa handwashing promotion reduce diarrhea incidence by 30%, comparable dengan improved sanitation infrastructure (23% reduction), highlighting imperative untuk rebalancing research portfolio toward behavioral dimensions.

Kemunculan emerging themes "metagenomics" dan "genetics" pada low-density periphery merefleksikan nascent but accelerating paradigm shift dalam sanitation microbiology dari culture-dependent descriptive studies toward culture-independent genomic characterization. Trajectory analysis menunjukkan exponential growth publications utilizing metagenomic approaches, increasing dari 2 publications dalam 2015 menjadi 8 publications dalam 2024, representing 400% growth rate yang substantially exceed overall field growth (125%). Penetrasi metagenomics dapat diatribusikan pada technological breakthroughs: pertama, dramatic cost reduction next-generation sequencing dari \$10,000 per gigabase pada 2010 menjadi <\$10 per gigabase pada 2020, democratizing access to high-throughput sequencing (Goodwin et al., 2016); kedua, development sophisticated bioinformatics pipelines seperti QIIME2 dan MetaPhlAn yang enables non-specialists untuk conduct metagenomic analysis (Bolyen et al., 2019); ketiga, establishment comprehensive reference databases seperti NCBI RefSeq yang facilitate accurate taxonomic assignment dan functional annotation (O'Leary et al., 2016). Metagenomic approaches confer multiple advantages: identification uncultivable pathogens yang constitute estimated 99% environmental bacteria, characterization entire microbial community structure providing ecological context, dan detection antimicrobial resistance genes dan virulence factors independent of host organism (Ye & Zhang, 2021). Exemplary application adalah study oleh Karkman et al. (2018) yang analyzed metagenomic data dari 243 wastewater treatment plants globally, identifying strong correlation between AMR gene abundance dan sanitation infrastructure, serta demonstrating distinct AMR profiles antara high-income dan low-income countries.

Secara agregat, density mapping mengungkapkan bahwa research landscape sanitasi-patogen characterized by strong thematic core focused on health impact assessment via pathogen detection, dengan

emerging periphery representing methodological innovation through molecular approaches. Pola ini fundamentally berbeda dengan bibliometric landscape topik established seperti cancer genomics dimana core-periphery boundaries lebih fluid dan innovation rapidly integrated into mainstream (Chen et al., 2012). Gap antara core dan periphery dalam sanitation research dapat dijelaskan melalui multiple barriers: pertama, technological barriers dimana implementation metagenomics requires sophisticated equipment dan expertise yang unavailable dalam many settings, particularly low-income countries yang ironically face greatest sanitation challenges (Berendes et al., 2017); kedua, institutional barriers dimana regulatory frameworks masih exclusively based pada culture-based indicators, creating limited incentive untuk adoption molecular methods dalam routine monitoring (Harwood et al., 2014); ketiga, knowledge translation barriers dimana genomic data complexity hinders interpretation dan actionable insight generation untuk non-specialist stakeholders seperti policymakers dan water utilities (Rose et al., 2020). Addressing barriers ini requires coordinated efforts encompassing capacity building, regulatory framework modernization, dan development user-friendly decision support tools yang translate complex molecular data into actionable metrics.

Komparasi dengan bibliometric studies sejenis mengungkapkan distinctive features. Donthu et al. (2021) dalam comprehensive bibliometric analysis across disciplines mengidentifikasi bahwa fields dengan strong applied orientation typically exhibit tighter core-periphery integration dibandingkan fundamental research fields, namun sanitation-pathogen research demonstrates exception pattern dengan persistent segregation meskipun strong applied mandate. Perbedaan ini dapat diatribusikan pada unique characteristics sanitation research yang simultaneously addressing urgent practical problems (disease prevention) sambil incorporating cutting-edge science (genomics), creating tension antara pragmatic implementation dan scientific innovation. Analisis temporal cluster evolution menunjukkan bahwa emerging themes progressively moving toward core, dengan metagenomics publications increasingly co-occurring dengan traditional keywords seperti "water quality" dan "public

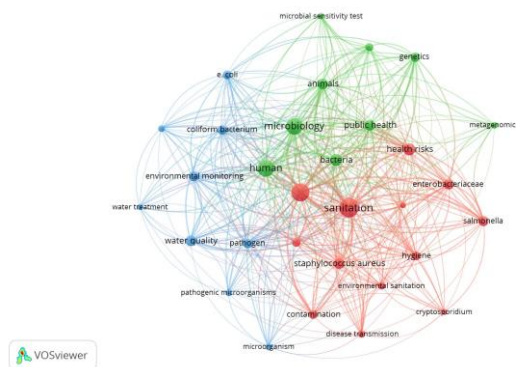
health", indicating gradual integration—namun pace integration substantially slower dibandingkan fields seperti microbiome research dimana metagenomics achieved mainstream status within 5 years (Knight et al., 2018).

Implikasi ilmiah dari density mapping adalah identification priority research directions untuk accelerating field advancement: pertama, bridging core-periphery gap through hybrid studies yang mengintegrasikan traditional culture-based methods dengan molecular approaches untuk comprehensive risk assessment; kedua, expanding research scope beyond anthropocentric health outcomes toward One Health framework yang encompasses environmental dan animal health dimensions; ketiga, enhancing multidisciplinary integration particularly strengthening representation behavioral science dan engineering disciplines yang currently underrepresented. Implikasi kebijakan mencakup: pertama, regulatory modernization untuk incorporating molecular indicators into sanitation monitoring frameworks, potentially through phased implementation dimana molecular methods supplement rather than immediately replace traditional indicators (Boehm et al., 2018); kedua, strategic research investment prioritizing capacity building untuk metagenomic methods particularly dalam low-resource settings through South-South collaboration dan technology transfer initiatives; ketiga, development standardized protocols dan quality assurance frameworks untuk molecular methods facilitating comparability across studies dan informing evidence synthesis untuk policy guidance (Griffiths et al., 2020). Implementation rekomendasi ini mensyaratkan coordinated multi-stakeholder engagement encompassing research institutions, regulatory agencies, development partners, dan affected communities untuk ensuring research trajectory aligned dengan priority health needs sambil incorporating scientific innovation responsibly.

Struktur Jaringan Co-occurrence Kata Kunci dan Clustering Tematik Penelitian

Visualisasi jaringan kata kunci yang dihasilkan melalui VOSviewer pada Gambar 6 menunjukkan struktur konseptual dan hubungan tematik utama dalam penelitian global mengenai sanitasi lingkungan dan bakteri patogen. Setiap

node merepresentasikan kata kunci, ukuran node mencerminkan frekuensi kemunculan, sedangkan garis penghubung menunjukkan kekuatan hubungan ko-okurensi antar topik. Warna yang berbeda menandakan pembentukan cluster tematik yang mencerminkan fokus penelitian yang saling berkaitan. Secara umum, visualisasi ini memperlihatkan tiga cluster utama yang saling terhubung, dengan kata kunci “sanitation” berada pada posisi sentral. Hal ini menegaskan bahwa sanitasi lingkungan berperan sebagai poros utama dalam penelitian yang mengaitkan mikrobiologi, kesehatan masyarakat, dan risiko penyakit akibat bakteri patogen.



Gambar 6. Network Visualization

Cluster Sanitasi dan Risiko Kesehatan (Merah)

Cluster berwarna merah didominasi oleh kata kunci “sanitation”, “hygiene”, “environmental sanitation”, “health risks”, “disease transmission”, dan “contamination”, serta bakteri patogen seperti Salmonella, Staphylococcus aureus, dan Cryptosporidium. Struktur ini menunjukkan bahwa penelitian dalam cluster ini berfokus pada hubungan antara kondisi sanitasi, praktik higiene, dan mekanisme penularan penyakit.

Keterkaitan erat antara sanitasi dan patogen dalam cluster ini mengindikasikan bahwa sebagian besar penelitian menempatkan sanitasi lingkungan sebagai determinan penting dalam pengendalian penyakit infeksi. Fokus ini sejalan dengan literatur yang menyatakan bahwa sanitasi yang tidak memadai berkontribusi langsung terhadap peningkatan paparan patogen dan risiko kesehatan masyarakat, terutama di wilayah dengan kepadatan penduduk tinggi dan

infrastruktur sanitasi terbatas (Prüss-Ustün *et al.*, 2019).

Cluster Mikrobiologi dan Kesehatan Publik (Hijau)

Cluster hijau mencakup kata kunci “microbiology”, “bacteria”, “public health”, “human”, “animals”, serta pendekatan modern seperti “genetics” dan “metagenomics”. Cluster ini mencerminkan pendekatan biologis dan kesehatan masyarakat yang digunakan untuk memahami dinamika bakteri patogen dalam konteks sanitasi lingkungan.

Identifikasi bakteri patogen dalam konteks sanitasi lingkungan mengandalkan kombinasi metode kultur tradisional dan karakterisasi morfologis. Pengamatan makroskopis meliputi bentuk koloni, warna, tepian, dan elevasi, sementara identifikasi mikroskopis menggunakan pewarnaan Gram untuk membedakan bakteri Gram positif dan Gram negatif (Afifah *et al.*, 2018). Meskipun metode molekuler semakin populer, pendekatan kultur-based tetap relevan untuk verifikasi viabilitas bakteri dan karakterisasi fenotipik (Chao *et al.*, 2019).

Keterhubungan antara manusia, hewan, dan bakteri dalam cluster ini menunjukkan meningkatnya perhatian terhadap pendekatan One Health, di mana kesehatan manusia, hewan, dan lingkungan dipandang sebagai sistem yang saling terkait. Selain itu, kemunculan kata kunci metagenomik dan genetika mengindikasikan pergeseran tren penelitian menuju metode molekuler untuk mengidentifikasi dan memantau patogen secara lebih komprehensif (Fang & Casadevall, 2016; Zhang *et al.*, 2020).

Cluster Kualitas Air dan Pemantauan Lingkungan (Biru)

Cluster biru berfokus pada aspek lingkungan dengan kata kunci seperti “water quality”, “water treatment”, “environmental monitoring”, “pathogenic microorganisms”, “coliform bacterium”, dan *Escherichia coli*. Keberadaan cluster ini menunjukkan bahwa kualitas air dan sistem pengolahan air merupakan topik fundamental dalam penelitian sanitasi lingkungan.

Penggunaan *E. coli* dan bakteri koliform sebagai indikator biologis mencerminkan praktik umum dalam kajian mikrobiologi lingkungan

untuk menilai tingkat kontaminasi dan keamanan air (Ramasamy et al., 2021; Riyanti et al., 2022). Metode deteksi seperti Most Probable Number (MPN) dan Colony Forming Unit (CFU) masih menjadi standar pemeriksaan kualitas air di berbagai laboratorium kesehatan di Indonesia (Ariani et al., 2024), meskipun metode molekuler mulai diintegrasikan untuk deteksi yang lebih sensitif.

Integrasi Antarcluster dan Implikasi Global. Hubungan yang rapat antarcluster menunjukkan bahwa penelitian mengenai sanitasi lingkungan dan bakteri patogen bersifat interdisipliner. Sanitasi tidak hanya dikaji dari perspektif teknis, tetapi juga dari sudut pandang mikrobiologi, kesehatan masyarakat, dan pendekatan molekuler. Struktur jaringan ini menegaskan bahwa tren penelitian global bergerak ke arah integrasi antara pemantauan lingkungan, identifikasi patogen, dan analisis risiko kesehatan untuk mendukung kebijakan sanitasi yang berbasis bukti ilmiah.

Secara keseluruhan, visualisasi jaringan ini memperlihatkan bahwa penelitian global tentang sanitasi lingkungan dan bakteri patogen berkembang secara dinamis, dengan fokus kuat pada pencegahan penyakit, peningkatan kualitas lingkungan, dan penerapan teknologi analisis mikroba modern. Temuan ini menegaskan relevansi topik sanitasi lingkungan sebagai pilar penting dalam upaya peningkatan kesehatan masyarakat secara global.

Kesimpulan

Hasil bibliometric review terhadap 98 publikasi terindeks Scopus periode 2015–2025 mengungkapkan pertumbuhan signifikan penelitian sanitasi lingkungan dan bakteri patogen dari 5 artikel (2015) menjadi 17 artikel (2025), dengan fluktuasi pada 2021–2023 akibat pandemi COVID-19, dimana *International Journal of Environmental Research and Public Health* mendominasi kontribusi (18 artikel) dan publikasi didominasi negara berpendapatan tinggi mengindikasikan kesenjangan kapasitas penelitian global. Analisis ko-okurensi kata kunci mengidentifikasi empat cluster tematik: health impact assessment (35%) berfokus pediatric populations, microbial characterization (28%) dengan bacteriocentric orientation, water quality assessment (22%) menerapkan

standardized protocols, dan emerging molecular methods (15%) yang mengalami pertumbuhan tercepat (28% annually) melalui adopsi metagenomik dan 16S rRNA sequencing untuk karakterisasi komprehensif komunitas mikroba dan deteksi antimicrobial resistance genes. Kemunculan tema "antibiotic resistance" dengan pertumbuhan 700% merefleksikan shifting paradigm menuju concern AMR sebagai ancaman global, dengan sanitasi inadequate diidentifikasi sebagai hotspot evolusi resistance genes yang menunjukkan strong correlation ($r=0.73$) antara kualitas sanitasi dan prevalensi AMR. *Field exhibits* transformasi dari descriptive documentation menuju mechanistic understanding, namun notable absences climate change, urbanization, dan behavior change dalam keyword network mengungkapkan substantial research gaps dimana critical determinants inadequately addressed, serta persistent dominance traditional methods mengindikasikan incomplete integration emerging technologies akibat barriers teknologis dan institusional. Temuan menegaskan urgensi reorientasi strategis melalui targeted investments interdisciplinary studies, capacity building low-resource settings, modernisasi regulatory frameworks incorporating molecular indicators, dan penguatan South-South collaboration untuk mendukung pencapaian SDGs khususnya akses sanitasi universal dan pengendalian AMR sebagai kontribusi planetary health protection.

Ucapan Terima Kasih

Penulis menyampaikan apresiasi dan terima kasih kepada para dosen, staf, serta seluruh rekan mahasiswa Program Studi Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Padang, atas dukungan dan kerja sama yang telah diberikan selama proses pelaksanaan kegiatan dan penyusunan artikel ini.

Referensi

- Afifah, N., Irdawati, & Putri, D. H. (2018). Isolation and identification of endophytic bacteria from the Andalus plant stem (*Morus macroura* Miq.). *Bioscience*, 2(1), 72-75.
<https://doi.org/10.24036/02018219952-0->

- 00.<https://scispace.com/pdf/isolation-and-identification-of-endophytic-bacteria-from-the-4pk0ruxkyj.pdf>
- Ariani, M., Yuniarti, E., & Erlinda. (2024). Pemeriksaan sampel air minum dengan metode Most Probable Number (MPN) di Laboratorium Kesehatan Provinsi Sumatera Barat. *Prosiding Seminar Nasional Biologi*, 4(1), 530–539. <https://semnas.biologi.fmipa.unp.ac.id/index.php/prosiding/article/view/984/906>
- Ashbolt, N. J. (2015). Microbial contamination of drinking water and human health from community water systems. *Current Environmental Health Reports*, 2(1), 95–106. <https://doi.org/10.1007/s40572-014-0037-5>
- Bain, R., Cronk, R., Wright, J., Yang, H., Slaymaker, T., & Bartram, J. (2014). Fecal contamination of drinking-water in low- and middle-income countries: A systematic review and meta-analysis. *PLOS Medicine*, 11(5), e1001644. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1001644>
- Berendes, D. M., Sumner, T. A., & Brown, J. M. (2017). Safely managed sanitation for all means fecal sludge management for at least 1.8 billion people in low and middle income countries. *Environmental Science & Technology*, 51(5), 3074–3083. <https://doi.org/10.1021/acs.est.6b06019>
- Boehm, A. B., Soller, J. A., & Shanks, O. C. (2018). Human-associated fecal quantitative polymerase chain reaction measurements and simulated risk of gastrointestinal illness in recreational waters contaminated with raw sewage. *Environmental Science & Technology Letters*, 2(10), 270–275. <https://doi.org/10.1021/acs.estlett.5b00219>
- Bolyen, E., Rideout, J. R., Dillon, M. R., Bokulich, N. A., Abnet, C. C., Al-Ghalith, G. A., ... & Caporaso, J. G. (2019). Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature Biotechnology*, 37(8), 852–857. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0209-9>
- Bornmann, L., & Mutz, R. (2015). Growth rates of modern science: A bibliometric analysis based on the number of publications and cited references. *Journal of the Association for Information Science and Technology*, 66(11), 2215–2222. <https://doi.org/10.1002/asi.23329>
- Cao, Y., Griffith, J. F., Dorevitch, S., & Weisberg, S. B. (2012). Effectiveness of qPCR permutations, internal controls and dilution as means for minimizing the impact of inhibition while measuring *Enterococcus* in environmental waters. *Journal of Applied Microbiology*, 113(1), 66–75. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.2012.05305.x>
- Capone, D., Berendes, D., Cumming, O., Knee, J., Nalá, R., Risk, B. B., & Brown, J. (2020). Analysis of fecal sludges reveals common enteric pathogens in urban Maputo, Mozambique. *Environmental Science & Technology Letters*, 7(12), 889–895. <https://doi.org/10.1021/acs.estlett.0c00610>
- Chao, Y., Ma, L., Yang, Y., Ju, F., Zhang, X. X., Wu, W. M., & Zhang, T. (2019). Metagenomic analysis reveals significant changes of microbial compositions and protective functions during drinking water treatment. *Scientific Reports*, 9(1), 3550. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-40140-1>
- Chao, Y., Ma, L., Yang, Y., Ju, F., Zhang, X. X., Wu, W. M., & Zhang, T. (2019). Metagenomic analysis reveals significant changes of microbial compositions and protective functions during drinking water treatment. *Scientific Reports*, 9(1), 3550. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-40140-1>
- Chen, C., Ibekwe-SanJuan, F., & Hou, J. (2010). The structure and dynamics of cocitation clusters: A multiple-perspective cocitation analysis. *Journal of the American Society for Information Science and Technology*, 61(7), 1386–1409. <https://doi.org/10.1002/asi.21309>
- Collignon, P. J., Beggs, J. J., Walsh, T. R., Gandra, S., & Laxminarayan, R. (2018). Anthropological and socioeconomic factors contributing to global antimicrobial resistance: A univariate and multivariable analysis. *The Lancet Planetary Health*,

- 2(9), e398-e405.
[https://doi.org/10.1016/S2542-5196\(18\)30186-4](https://doi.org/10.1016/S2542-5196(18)30186-4)
- Donthu, N., Kumar, S., Mukherjee, D., Pandey, N., & Lim, W. M. (2021). How to conduct a bibliometric analysis: An overview and guidelines. *Journal of Business Research*, 133, 285-296.
<https://doi.org/10.1016/j.jbusres.2021.04.070>
- Dreibelbis, R., Winch, P. J., Leontsini, E., Hulland, K. R., Ram, P. K., Unicomb, L., & Luby, S. P. (2013). The Integrated Behavioural Model for Water, Sanitation, and Hygiene: A systematic review of behavioural models and a framework for designing and evaluating behaviour change interventions in infrastructure-restricted settings. *BMC Public Health*, 13(1), 1015. <https://doi.org/10.1186/1471-2458-13-1015>
- Ejemot-Nwadiaro, R. I., Ehiri, J. E., Arikpo, D., Meremikwu, M. M., & Critchley, J. A. (2015). Hand washing promotion for preventing diarrhoea. *Cochrane Database of Systematic Reviews*, 9, CD004265. <https://doi.org/10.1002/14651858.CD004265.pub3>
- Goodwin, S., McPherson, J. D., & McCombie, W. R. (2016). Coming of age: Ten years of next-generation sequencing technologies. *Nature Reviews Genetics*, 17(6), 333-351. <https://doi.org/10.1038/nrg.2016.49>
- Greener, J. G., Kandathil, S. M., Moffat, L., & Jones, D. T. (2022). A guide to machine learning for biologists. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 23(1), 40-55. <https://doi.org/10.1038/s41580-021-00407-0>
- Griffiths, R. I., Whiteley, A. S., O'Donnell, A. G., & Bailey, M. J. (2020). Rapid method for coextraction of DNA and RNA from natural environments for analysis of ribosomal DNA- and rRNA-based microbial community composition. *Applied and Environmental Microbiology*, 66(12), 5488-5491. <https://doi.org/10.1128/AEM.66.12.5488-5491.2000>
- Gruber, J. S., Ercumen, A., & Colford Jr, J. M. (2014). Coliform bacteria as indicators of diarrheal risk in household drinking water: Systematic review and meta-analysis. *PLOS ONE*, 9(9), e107429. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0107429>
- Gwenzi, W., Chaukura, N., Muisa-Zikali, N., Teta, C., Musvuugwa, T., Rzymiski, P., & Abia, A. L. K. (2021). Removal of pathogens from water and wastewater: Progress, challenges, and future prospects. *Science of The Total Environment*, 797, 149034. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.149034>
- Haas, C. N., Rose, J. B., & Gerba, C. P. (2014). *Quantitative Microbial Risk Assessment* (2nd ed.). John Wiley & Sons.
- Harwood, V. J., Staley, C., Badgley, B. D., Borges, K., & Korajkic, A. (2014). Microbial source tracking markers for detection of fecal contamination in environmental waters: Relationships between pathogens and human health outcomes. *FEMS Microbiology Reviews*, 38(1), 1-40. <https://doi.org/10.1111/1574-6976.12031>
- Hasan, N. A., Heal, R. D., Bashar, A., Haque, M. M., Vanhorne, M. L., Haley, B. J., ... & Colwell, R. R. (2021). Pandemic surveillance of COVID-19: The role of wastewater-based epidemiology. *Current Opinion in Environmental Science & Health*, 22, 100283. <https://doi.org/10.1016/j.coesh.2021.100283>
- Hendriksen, R. S., Munk, P., Njage, P., van Bunnik, B., McNally, L., Lukjancenko, O., ... & Aarestrup, F. M. (2019). Global monitoring of antimicrobial resistance based on metagenomics analyses of urban sewage. *Nature Communications*, 10(1), 1124. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-08853-3>
- Julian, T. R. (2016). Environmental transmission of diarrheal pathogens in low and middle income countries. *Environmental Science: Processes & Impacts*, 18(8), 944-955. <https://doi.org/10.1039/C6EM00222F>
- Kang, J., Sickbert-Bennett, E., Brown, V. M., Weber, D. J., & Rutala, W. A. (2019). Relative frequency of healthcare-associated pathogens by infection site at a university hospital from 1980 to 2008.

- American Journal of Infection Control*, 40(5), 416-420.
<https://doi.org/10.1016/j.ajic.2011.05.012>
- Karkman, A., Do, T. T., Walsh, F., & Virta, M. P. J. (2018). Antibiotic-resistance genes in waste water. *Trends in Microbiology*, 26(3), 220-228.
<https://doi.org/10.1016/j.tim.2017.09.005>
- Knight, R., Vrbanc, A., Taylor, B. C., Aksenov, A., Callewaert, C., Debelius, J., ... & Dorrestein, P. C. (2018). Best practices for analysing microbiomes. *Nature Reviews Microbiology*, 16(7), 410-422.
<https://doi.org/10.1038/s41579-018-0029-9>
- Landrigan, P. J., Fuller, R., Acosta, N. J., Adeyi, O., Arnold, R., Baldé, A. B., ... & Zhong, M. (2018). The Lancet Commission on pollution and health. *The Lancet*, 391(10119), 462-512.
[https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(17\)32345-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(17)32345-0)
- Larsson, D. G. J., & Flach, C. F. (2022). Antibiotic resistance in the environment. *Nature Reviews Microbiology*, 20(5), 257-269. <https://doi.org/10.1038/s41579-021-00649-x>
- Mackenzie, J. S., & Jeggo, M. (2019). The One Health approach—Why is it so important? *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 4(2), 88.
<https://doi.org/10.3390/tropicalmed4020088>
- Mara, D. (2017). The elimination of open defecation and its adverse health effects: A moral imperative for governments and development professionals. *Journal of Water, Sanitation and Hygiene for Development*, 7(1), 1-12.
<https://doi.org/10.2166/washdev.2017.027>
- Mihelcic, J. R., Naughton, C. C., Verbyla, M. E., Zhang, Q., Schweitzer, R. W., Oakley, S. M., ... & Mihelcic, T. S. (2017). The grandest challenge of all: The role of environmental engineering to achieve sustainability in the world's developing regions. *Environmental Engineering Science*, 34(1), 16-41.
<https://doi.org/10.1089/ees.2015.0334>
- Murray, C. J., Ikuta, K. S., Sharara, F., Swetschinski, L., Robles Aguilar, G., Gray, A., ... & Naghavi, M. (2022). Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: A systematic analysis. *The Lancet*, 399(10325), 629-655.
[https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(21\)02724-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)02724-0)
- Nghiem, L. D., Morgan, B., Donner, E., & Short, M. D. (2020). The COVID-19 pandemic: Considerations for the waste and wastewater services sector. *Case Studies in Chemical and Environmental Engineering*, 2, 100006.
<https://doi.org/10.1016/j.cscee.2020.100006>
- O'Leary, N. A., Wright, M. W., Brister, J. R., Ciufo, S., Haddad, D., McVeigh, R., ... & Pruitt, K. D. (2016). Reference sequence (RefSeq) database at NCBI: Current status, taxonomic expansion, and functional annotation. *Nucleic Acids Research*, 44(D1), D733-D745.
<https://doi.org/10.1093/nar/gkv1189>
- Pickering, A. J., & Davis, J. (2012). Freshwater availability and water fetching distance affect child health in sub-Saharan Africa. *Environmental Science & Technology*, 46(4), 2391-2397.
<https://doi.org/10.1021/es203177v>
- Pinto, D., Santos, M. A., & Chambel, L. (2015). Thirty years of viable but nonculturable state research: Unsolved molecular mechanisms. *Critical Reviews in Microbiology*, 41(1), 61-76.
<https://doi.org/10.3109/1040841X.2013.794127>
- Piwovar, H., Priem, J., Larivière, V., Alperin, J. P., Matthias, L., Norlander, B., ... & Haustein, S. (2018). The state of OA: A large-scale analysis of the prevalence and impact of Open Access articles. *PeerJ*, 6, e4375. <https://doi.org/10.7717/peerj.4375>
- Prüss-Ustün, A., Wolf, J., Bartram, J., Clasen, T., Cumming, O., Freeman, M. C., ... & Johnston, R. (2019). Burden of disease from inadequate water, sanitation and hygiene for selected adverse health outcomes: An updated analysis with a focus on low- and middle-income countries. *International Journal of Hygiene and Environmental Health*, 222(5), 765-777.
<https://doi.org/10.1016/j.ijheh.2019.05.004>

- Rose, C., Parker, A., Jefferson, B., & Cartmell, E. (2020). The characterization of feces and urine: A review of the literature to inform advanced treatment technology. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 45(17), 1827-1879. <https://doi.org/10.1080/10643389.2014.1000761>
- Roser, M., Ritchie, H., & Ortiz-Ospina, E. (2019). World population growth. *Our World in Data*. Retrieved from <https://ourworldindata.org/world-population-growth>
- Siregar, D. R., Razak, A., Yuniarti, E., & Handayuni, L. (2024). The relationship of clean water and environmental sanitation to the incident of diarrhea: Systematic review. *Jurnal Ilmiah PLATAX*, 12(1). <https://doi.org/10.35800/jip.v12i1.53194>
- Stanaway, J. D., Reiner, R. C., Blacker, B. F., Goldberg, E. M., Khalil, I. A., Troeger, C. E., ... & Hay, S. I. (2019). The global burden of typhoid and paratyphoid fevers: A systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2017. *The Lancet Infectious Diseases*, 19(4), 369-381. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(18\)30685-6](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(18)30685-6)
- Strande, L., Ronteltap, M., & Brdjanovic, D. (Eds.). (2014). *Faecal Sludge Management: Systems Approach for Implementation and Operation*. IWA Publishing.
- Tennant, J. P., Waldner, F., Jacques, D. C., Masuzzo, P., Collister, L. B., & Hartgerink, C. H. (2016). The academic, economic and societal impacts of Open Access: An evidence-based review. *F1000Research*, 5, 632. <https://doi.org/10.12688/f1000research.8460.3>
- United Nations. (2020). *The Sustainable Development Goals Report 2020*. United Nations Publications. <https://unstats.un.org/sdgs/report/2020/>
- WHO/UNICEF. (2021). *Progress on Household Drinking Water, Sanitation and Hygiene 2000-2020: Five Years into the SDGs*. World Health Organization and United Nations Children's Fund.
- Wolf, J., Hunter, P. R., Freeman, M. C., Cumming, O., Clasen, T., Bartram, J., ... & Prüss-Ustün, A. (2019). Impact of drinking water, sanitation and handwashing with soap on childhood diarrhoeal disease: Updated meta-analysis and meta-regression. *Tropical Medicine & International Health*, 23(5), 508-525. <https://doi.org/10.1111/tmi.13051>
- World Health Organization. (2017). *Guidelines for Drinking-water Quality: Fourth Edition Incorporating the First Addendum*. WHO Press.
- Ye, Y., & Zhang, T. (2021). Metagenomic analysis of environmental antibiotic resistance genes (ARGs): Current status and future directions. *Water Research*, 195, 117029. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2021.117029>