

## INTISARI

**Latar Belakang :** Infeksi terkait layanan kesehatan atau HAI (*Health care Associated Infection*) merupakan infeksi yang didapat oleh pasien di layanan kesehatan. Pasien yang terkena infeksi terkait layanan kesehatan memiliki angka morbiditas dan mortalitas lebih tinggi. Ada 5 bakteri yang sering menyebabkan infeksi terkait layanan kesehatan yaitu *Escherichia coli*, *S. aureus*, *Enterococcus spp.*, *Pseudomonas aeruginosa*, dan *Klebsiella spp.* Ruang ICU memiliki angka infeksi terkait layanan kesehatan lebih tinggi dibanding ruangan lain. Penyebaran infeksi terkait layanan kesehatan bisa melalui kontak langsung dengan pasien lain atau melalui peralatan medis seperti ventilator. Dalam mendeteksi bakteri pathogen penyebab infeksi metode kultur merupakan metode yang paling sering digunakan. Metode ini memiliki kekurangan yaitu memerlukan waktu lama untuk bisa mendeteksi patogen. Sementara itu Metode deteksi bakteri dengan 16s rRNA *amplicon sequencing* memiliki keunggulan yaitu waktu yang dibutuhkan relatif cepat, bisa mendeteksi banyak bakteri sekaligus.

**Tujuan :** Untuk mengetahui profil serta kelimpahan bakteri aerob pada permukaan ventilator ruang ICU Rumah Sakit PKU Muhammadiyah Yogyakarta

**Metode :** Penelitian ini merupakan penelitian deskriptif labolatoris yang dilakukan pada ventilator di ruang ICU RS PKU Muhammadiyah Yogyakarta. Penelitian dilakukan dengan metode Amplicon sequencing dengan target sekuensnya adalah 16s rRNA pada region V3-V4

**Hasil :** didapatkan ada 9 bakteri aerob yang memiliki persentase lebih dari 1% pada permukaan ventilator yaitu *Corynebacterium tuberculostrictum*, *Micrococcus luteus* group, *Kocuria rhizophila* group, *Corynebacterium afermentans* group, *Pseudomonas fluorescens* group, *Skermanella rosea*, *Phycococcus dokdonensis* group, *Kocuria Palustris* group dan, *Corynebacterium urealyticum*

**Kesimpulan :** Sampel yang didapatkan memiliki keragaman yang tinggi tetapi ada beberapa bakteri yang dominan. Ada 4 bakteri aerob yang paling dominan yaitu *Corynebacterium tuberculostrictum*, *Micrococcus luteus* group, *Kocuria rhizophila* group, *Corynebacterium afermentans* group

**Kata kunci :** Bakteri aerob, Ventilator, 16s rRNA, ICU, Metagenomik

## ABSTRACT

**Background:** Health care-associated infections (HAI) are infections that are acquired by patients in health services. Patients with health care-associated infections have higher rates of morbidity and mortality. There are 5 bacteria that often cause infections related to health services, namely *Escherichia coli*, *S. aureus*, *Enterococcus spp.*, *Pseudomonas aeruginosa*, and *Klebsiella spp.* The ICU room has a higher infection rate related to health services than other rooms. Spread of healthcare-associated infections through direct contact with other patients or through medical devices such as ventilators. In detecting infectious pathogenic bacteria, culture method is the most frequently used method. This method has the disadvantage that it takes a long time to detect pathogens. Meanwhile, the bacterial detection method with 16s rRNA amplicon sequencing has the advantage that the time required is relatively fast, it can detect many bacteria at once.

**Objective:** To determine the profile and diversity of aerobic bacteria on the surface of the ventilator in the ICU PKU Muhammadiyah Yogyakarta Hospital

**Methods:** This research is a descriptive laboratory study conducted on a ventilator in the ICU room of PKU Muhammadiyah Hospital Yogyakarta. The study was conducted using the Amplicon sequencing method with the target sequence being 16s rRNA in the V3-V4 region.

**Results:** there were 9 aerobic bacteria that had a percentage of more than 1% on the surface of the ventilator, namely *Corynebacterium tuberculostearicum*, *Micrococcus luteus* group, *Kocuria rhizophila* group, *Corynebacterium afermentans* group, *Pseudomonas fluorescens* group, *Skermanella rosea*, *Phycococcus dokdonensis* group, and *Kocuria Palustris* group.

**Conclusion:** The samples obtained have high diversity but there are several dominant bacteria. There are 4 most dominant aerobic bacteria, namely *Corynebacterium tuberculostearicum*, *Micrococcus luteus* group, *Kocuria rhizophila* group, *Corynebacterium afermentans* group.

**Keywords:** Aerobic bacteria, Ventilator, 16s rRNA, ICU, Metagenomics

