

INTISARI

Latar belakang: Angka kejadian resistansi antibiotik semakin meluas dan menjadi ancaman yang sangat serius bagi kesehatan masyarakat di semua negara dalam berbagai sektor. Penyebaran resistansi yang terus meningkat mengharuskan pemerintah di seluruh dunia mulai memberikan perhatian serius dalam mengatasi ancaman tersebut. Salah satu sektor yang berkontribusi pada percepatan penyebaran resistansi adalah sektor peternakan yaitu tingginya penggunaan antibiotik untuk hewan ternak yang berpotensi meningkatkan resiko terjadinya resistansi bakteri pada ternak terhadap antibiotik yang kemudian dapat menyebar baik melalui jalur kontak langsung dengan manusia maupun melalui penyebarannya ke lingkungan.

Tujuan: Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui pola dan resistansi antibiotik di komunitas, mengetahui ada atau tidaknya residu antibiotik di sektor peternakan serta keterkaitan antara pola resistansi antibiotik di komunitas dengan pemberian antibiotik pada peternakan ayam. **Metode:** Desain penelitian ini adalah penelitian deskriptif dengan rancangan *observasional study* dan pendekatan analitik. Penelitian dilakukan dalam dua bagian, bagian pertama yaitu pengambilan data di komunitas dengan sampel pasien rawat jalan di puskesmas Turi dan Pakem, Yogyakarta. Penelitian bagian kedua menggunakan sampel yang terdiri dari peternak untuk mengetahui koloni bakteri pada peternak serta sampel daging, air, dan tanah untuk mengetahui jenis bakteri, resistansi bakteri terhadap antibiotik serta residu antibiotik. Skrining kualitatif residu antibiotik dilakukan dengan metode LC-MS/MS. **Hasil:** Hasil penelitian menunjukkan kelompok penyakit tertinggi adalah respirasi dan kulit masing-masing 41,3%, sedangkan bakteri yang menginfeksi pasien adalah *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pyogenes*, *Klebsiella pneumoniae*, *A. baumannii*, *Klebsiella oxytoca*, *P. aeruginosa*, dan *Streptococcus betahaemolyticus* (diurutkan dari persentase tertinggi hingga terendah). Antibiotik yang diresepkan terdiri dari amoksisilin (63,3%), siprofloksasin (28,6%), metronidazol (6,3%), dan doksisisiklin (1,3%). Resistansi antibiotik terjadi pada beberapa jenis bakteri, meliputi *A. baumannii*, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella oxytoca*, dan *Staphylococcus aureus*. Residu antibiotik yang ditemukan pada sampel daging adalah doksisisiklin, tetrasiklin, sulfakuinoksalin dan penicillin. Pada sampel air diperoleh residu doksisisiklin, tetrasiklin, sulfadiazin, sulfakuinoksalin, enrofloksasin, dan siprofloksasin. Sedangkan pada sampel tanah teridentifikasi enrofloksasin, dan siprofloksasin. **Kesimpulan:** Bakteri penyebab infeksi yang teridentifikasi di komunitas dengan kategori lima (5) terbesar adalah *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus pyogenes*, *Klebsiella pneumoniae*, *Streptococcus betahaemolyticus*, *Pseudomonas aeruginosa* dan *Escherichia coli*. Pada sampel pasien komunitas dan peternakan (daging, air dan tanah) teridentifikasi beberapa bakteri memiliki pola resistansi yang sama antara lain terhadap amoksisilin, tetrasiklin, amoksisiklav, kloramfenikol, levofloksasin, kotrimoksazol dan siprofloksasin.

Kata kunci : resistansi antibiotik, residu antibiotik, antibiotik peternakan, bakteri resisten, komunitas

Lampiran 1. Abstract

ABSTRACT

Background: The incidence of antibiotic resistance is a very serious threat to public health in all countries in various sectors. The growing spread of resistance requires governments around the world to start paying serious attention to tackling the threat. One sector that contributes to the acceleration of the spread of resistance is the livestock sector, namely the high use of antibiotics for livestock which has the potential to increase the risk of bacterial resistance in livestock to antibiotics which can then spread both through direct contact with humans and through their spread to the environment. **Objective:** This study aims to determine the pattern and resistance of antibiotics in the community, determine the presence of antibiotic residues in the livestock sector, and the relationship between the pattern of antibiotic resistance in the community and the administration of antibiotics in chicken farms. **Method:** This research design is a descriptive study with an *observational study* design and an analytical approach. The research was conducted in two parts, the first part is data collection in the community and the second part is in the livestock sector. The sample in the first part is a patient sample taken from prospective outpatients at the puskesmas to obtain data on antibiotic use patterns, types of bacteria, and resistance to antibiotics. The samples in the second part consist of farmers to determine bacterial colonies in farmers and samples of meat, water, and soil to determine the type of bacteria, bacterial resistance to antibiotics, and antibiotic residues. Qualitative screening of antibiotic residues is carried out by the LC-MS/ MS method. **Results:** The results showed the highest disease groups were respiration and skin at 41.3% each while the bacteria that infected patients were *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pyogenes*, *Klebsiella pneumoniae*, *A. baumannii*, *Klebsiella oxytoca*, *P. aeruginosa*, and *Streptococcus betahaemolyticus* (sorted from highest to lowest percentage). Antibiotics prescribed consisted of amoxicillin (63.3%), ciprofloxacin (28.6%), metronidazole (6.3%), and doxycycline (1.3%). The use of amoxicillin antibiotics is given in almost every case of infection. Antibiotic resistance occurs in several types of bacteria, including *A. baumannii*, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella oxytoca*, and *Staphylococcus aureus*. Antibiotic residues found in meat samples were doxycycline, tetracycline, sulfaquinoxaline, and penicillin. In water samples, residues of doxycycline, tetracycline, sulfadiazine, sulfaquinoxaline, enrofloxacin, and ciprofloxacin, were obtained. While the antibiotic identified in soil samples were enrofloxacin and ciprofloxacin **Conclusion:** The bacteria that cause infection identified in communities with the five (5) largest categories are *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus pyogenes*, *Klebsiella pneumonia*, *Streptococcus betahaemotilicus*, *Pseudomonas aeruginosa*, and *Escherichia coli*. In community and livestock patient samples (meat, water, and soil) were identified as having the same resistance pattern in several k antibiotics, namely ampicillin, tetracycline, amoxiclav, chloramphenicol, levofloxacin, cotrimoxazole, and ciprofloxacin.

Keywords: antibiotic resistance, antibiotic residues, livestock antibiotics, resistant bacteria, community