

IDENTIFIKASI BAKTERI ANAEROB FAKULTATIF PADA PEGANGAN TEMPAT TIDUR PASIEN DI ICU RS PKU MUHAMMADIYAH YOGYAKARTA DENGAN METODE *AMPLICON SEQUENCING*

Fitrah Hidayati Amirullah

INTISARI

Latar Belakang: Infeksi nosokomial atau dikenal juga dengan istilah *Healthcare-associated Infections* (HAI) merupakan persoalan serius yang dapat menyebabkan kematian pasien baik secara langsung maupun tidak langsung. Mikroorganisme yang berpotensi menyebabkan infeksi nosokomial antara lain adalah bakteri anaerob fakultatif karena memiliki angka resistensi tinggi. Resistensi bakteri umumnya lebih tinggi di ICU (*Intensive Care Unit*) dibandingkan area perawatan lainnya di rumah sakit. Oleh karena itu, sangat diperlukan data awal yang menunjukkan profil bakteri anaerob fakultatif yang berasal dari spesimen lingkungan unit perawatan intensif di rumah sakit utamanya pegangan tempat tidur (*bedrail*) pasien di ICU. Identifikasi bakteri menggunakan metode berbasis bioinformatika merupakan metode yang belum banyak dilakukan. Metode ini merupakan metode yang menjanjikan karena memiliki beberapa keuntungan dibandingkan dengan metode konvensional kultur bakteri.

Tujuan: Mengetahui profil bakteri anaerob fakultatif yang terdapat pada pegangan tempat tidur (*bedrail*) pasien di ICU RS PKU Muhammadiyah Yogyakarta.

Metode: Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah *amplicon sequencing 16S rRNA*. Sampel didapatkan dengan cara mengusap (*swab*) pada permukaan pegangan tempat tidur (*bedrail*) pasien di ICU RS PKU Muhammadiyah Yogyakarta.

Hasil: Ditemukan dua puluh dua spesies bakteri pada sampel pegangan tempat tidur (*bedrail*), dari sepuluh besar spesies bakteri dengan jumlah dan proporsi terbanyak didapatkan tiga bakteri anaerob fakultatif yang terdiri dari beberapa subspecies, yaitu *Staphylococcus aureus group*, *Paracoccus denitrificans group* dan *Corynebacterium afermentans group*.

Kesimpulan: Pada pegangan tempat tidur (*bedrail*) pasien di ICU RS PKU Muhammadiyah Yogyakarta didapatkan bakteri anaerob fakultatif dengan subspecies yang beragam.

Kata Kunci: *Bedrail*, ICU, HAI, bakteri anaerob fakultatif, *amplicon sequencing*

IDENTIFICATION OF ANAEROBIC FACULTATIVE BACTERIA ON PATIENT BEDRAIL IN ICU OF RS PKU MUHAMMADIYAH YOGYAKARTA USING *AMPLICON SEQUENCING* METHOD

Fitrah Hidayati Amirullah

ABSTRACT

Background: Nosocomial infection or also known as Healthcare-associated Infections (HAI) is a serious problem that can cause death of patients both directly and indirectly. Microorganisms that have the potential to cause nosocomial infections include facultative anaerobic bacteria because they have a high resistance rate. Bacterial resistance is generally higher in the ICU (Intensive Care Unit) compared to other treatment areas in the hospital. Therefore, preliminary data are needed to show the profile of anaerobic facultative bacteria from environmental specimens of the intensive care units at the hospital especially the bedrail of patient in the ICU. Identification of bacteria using bioinformatics-based methods is a method that has not been done much. This method is a promising method because it has several advantages compared to conventional methods of bacterial culture.

Objective: To find out profile of facultative anaerobic bacteria on the patient's bedrail in ICU of RS PKU Muhammadiyah Yogyakarta.

Methods: Amplicon sequencing 16S rRNA is used in this study. Samples were obtained by swabbing on the surface of the patient's bedrail in ICU of RS PKU Muhammadiyah Yogyakarta.

Results: Twenty-two species of bacteria were found in the bedrail samples, from the top ten species of bacteria with the highest number and proportion obtained facultative anaerobic bacteria consisting of several subspecies, namely *Staphylococcus aureus* group, *Paracoccus denitrificans* group and *Corynebacterium afermentans* group.

Conclusion: There were facultative anaerobic bacteria with various subspecies obtained on the patient's bedrail in ICU of RS PKU Muhammadiyah Yogyakarta.

Keywords: Bedrail, ICU, HAI, facultative anaerobic bacteria, amplicon sequencing