

ABSTRAK

IDENTIFIKASI PROFIL BAKTERI AEROB DENGAN METODE AMPLICON SEQUENCING GEN 16S rRNA PADA PEGANGAN TEMPAT TIDUR PASIEN DI ICU RUMAH SAKIT PKU MUHAMMADIYAH YOGYAKARTA

Latar Belakang: Infeksi nosokomial merupakan permasalahan global yang dapat menambah penderitaan pasien. Infeksi nosokomial sering terjadi di ICU dan menjadi penyebab utama morbiditas dan mortalitas di dunia. Bakteri aerob merupakan bakteri yang sering dilaporkan menjadi patogen penyebab infeksi nosokomial. Bakteri aerob penyebab infeksi nosokomial dapat ditemukan pada benda dengan kontaminasi yang tinggi di sekitar pasien, seperti pegangan tempat tidur. Maka dari itu, data awal yang menunjukkan profil dan diversitas bakteri aerob, khususnya yang merupakan patogen, dari sampel pegangan tempat tidur di ICU merupakan hal yang penting untuk diketahui.

Tujuan: Mengidentifikasi profil bakteri aerob yang berada di permukaan pegangan tempat tidur ICU Rumah Sakit PKU Muhammadiyah Yogyakarta.

Metode: Penelitian ini merupakan penelitian deskriptif laboratoris yang dilakukan di ICU RS PKU Muhammadiyah Yogyakarta dengan sampel penelitian berupa bakteri pada permukaan pegangan salah satu tempat tidur di ruang tersebut. Sampel diambil dengan kit swab puritan dan hasilnya dikirim ke Genetika Science Jakarta untuk diproses lebih lanjut. Data mentah yang didapat diolah dengan aplikasi EzBioCloud. Data bakteri hasil olahan yang memenuhi kriteria kemudian dibandingkan dengan hasil bakteri temuan penelitian-penelitian sebelumnya.

Hasil: Kami menemukan 5 spesies dalam 8 besar populasi bakteri di penelitian ini yang terkonfirmasi merupakan bakteri patogen, yaitu: *Acinetobacter Baumannii* (penyebab infeksi kulit dan jaringan lunak, infeksi saluran kemih, meningitis, bakteremia, dan pneumonia), *Moraxella osloensis* (penyebab endokarditis, meningitis, osteomyelitis, septic arthritis, vaginitis, bakteremia, neonatal ophthalmia, infeksi kateter vena sentral, pneumonia, dan endophthalmitis), *Corynebacterium tuberculostearicum* (penyebab infeksi komplikasi pada *pancreatic panniculitis*, rhinosinusitis bakterial, lepra, dan peritonitis), *Corynebacterium afermentans group* (penyebab *cavitary pneumonia*, bakteremia, sepsis, dan abses paru dengan empyema), dan *Acinetobacter colistiniresistens* (penyebab septisemia). Alpha-diversity bakteri yang ada di permukaan pegangan tempat tidur disajikan dalam indeks Shannon menunjukkan bahwa populasi bakteri pada sampel pegangan tempat tidur memiliki diversitas yang tinggi.

Kesimpulan: Lima bakteri patogen dengan proporsi terbesar yang berhasil ditemukan di pegangan tempat tidur dalam penelitian ini berupa: *Acinetobacter Baumannii*, *Moraxella osloensis*, *Corynebacterium tuberculostearicum*, *Corynebacterium afermentans group*, dan *Acinetobacter colistiniresistens*.

Kata Kunci: Bakteri aerob, nosokomial, ICU, amplicon sequencing

ABSTRACT

IDENTIFIKASI PROFIL BAKTERI AEROB DENGAN METODE AMPLICON SEQUENCING GEN 16S rRNA PADA PEGANGAN TEMPAT TIDUR PASIEN DI ICU RUMAH SAKIT PKU MUHAMMADIYAH YOGYAKARTA

Background: Nosocomial infection is a global problem that can add to patients sufferings. Nosocomial infection are commonly occurred in ICU and becomes the main cause of morbidity and mortality in the world. Aerobic bacteria is commonly reported as pathogen causing nosocomial infection. These bacteria can be found on high-contaminated surfaces around patients, such as bedrails. Therefore, it is important to study the profile and diversity of aerobic bacteria, especially the pathogenic ones, on bedrail surface in ICU.

Aim: The aim of the study is to identify the profile of aerobic bacteria on bedrail surface in ICU of PKU Muhammadiyah Yogyakarta hospital.

Method: This is a descriptive laboratory study that was done in ICU of PKU Muhammadiyah Yogyakarta hospital. The study sample are bacteria on one bedrail surface in the ICU. Sample was obtained by swabbing the surface using puritan swab kit and then sent to Genetika Science Jakarta to be processed. Raw data that was obtained was then processed with EzBioCloud application. The processed data that meets the inclusion and exclusion criteria are to be compared with bacteria that were found in earlier studies.

Results: We found that 5 species within 8 bacteria groups with highest population in this study are confirmed as pathogen: *Acinetobacter Baumannii* (causing skin and soft tissue infection, urinary tract infection, meningitis, bacteremia, and pneumonia), *Moraxella osloensis* (causing endocarditis, meningitis, osteomyelitis, septic arthritis, vaginitis, bacteremia, neonatal ophthalmia, central venous catheter infection, pneumonia, and endophthalmitis), *Corynebacterium tuberculostearicum* (causing pancreatic panniculitis complicated infection, bacterial rhinosinusitis, leprosy, and peritonitis), *Corynebacterium afermentans group* (causing cavitary pneumonia, bacteremia, sepsis, and lung abscess with empyema), and *Acinetobacter colistiniresistens* (causing septicemia). High alpha-diversity of the bacteria on bedrail surface is shown by Shannon index.

Conclusion: Five pathogen with highest proportion that are found on bedrail in this study are: *Acinetobacter Baumannii*, *Moraxella osloensis*, *Corynebacterium tuberculostearicum*, *Corynebacterium afermentans group*, dan *Acinetobacter colistiniresistens*.

Keywords: Aerobic bacteria, nosocomial, ICU, amplicon sequencing