

Disbiosis Mikrobiota Usus pada Pasien PGK-HD dengan Metode PCR Kuantitatif Pendekatan Analisis Delta Ct = Gut Microbial Dysbiosis in CKD-HD Patients using Quantitative-PCR Method and Delta Ct Approach Analysis

Vina Corry, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20525165&lokasi=lokal>

Abstrak

Penyakit ginjal kronik (PGK) sudah menjadi masalah kesehatan global dengan prevalensi dan insidensi gagal ginjal yang meningkat dan memberikan prognosis buruk. Salah satu penyebab beratnya morbiditas pada PGK adalah terjadinya disbiosis mikroflora usus yaitu peningkatan flora patogen dibandingkan dengan flora normal pada pasien PGK dengan hemodialisis (PGK-HD). Studi ini bertujuan untuk mendapatkan pola mikrobiota usus pada pasien PGK dengan hemodialisis dengan metode kuantitatif PCR dengan pendekatan analisis Ct. Desain penelitian potong lintang dengan 71 subjek pasien PGK usia >18 tahun dengan hemodialisis rutin di RS. Umum Pusat Nasional Dr. Cipto Mangokusumo. Sampel berupa feses yang disimpan di suhu -20oC selama kurang dari setahun. Ekstraksi dan purifikasi DNA dengan teknik pengikatan silika dan metode buffer kit Exgene Stool DNA, Bioneer. Pengukuran konsentrasi DNA dengan spektrofotometer NanoVue dilanjutkan dengan standarisasi konsentrasi DNA dengan pengenceran sampel berdasarkan konsentrasi DNA terkecil. Pemeriksaan real-time q-PCR mesin Bioneer ExicyclerTM 96 dengan menggunakan 13 macam primer yaitu E.coli, Parasuterella excrementihominis, Prevotella, Bacteroides, Bifidobacterium, L.casei, L.acidophillus, Enterococcus faecalis, Enterococcus faecium, Clostridium difficile, Clostridium cocoides, Akkermansia muciniphila dan Beta-actin sebagai housekeeping gene (HKG). Hasil penelitian didapatkan dominasi mikrobiota usus E. coli dan rasio F/B pasien PGK-HD 2,76. Terdapat hubungan bermakna antara hipertensi dengan rasio F/B 9,35 4,0. Penelitian ini merupakan penelitian pertama tentang disbiosis mikrobiota usus pada pasien PGK dengan hemodialisis di Indonesia dengan menggunakan sampel feses dengan metode PCR kuantitatif pendekatan analisis Ct. Dengan diketahui profil mikrobiota usus pada PGK dapat dijadikan saran pemberian suplementasi probiotik Bifidobacteria, sehingga diharapkan dapat meningkatkan konsentrasi mikrobiota filum Bacteroides.

.....Chronic kidney disease (CKD) has become a global health problem with increasing in prevalence and incidence of kidney failure. One of the causes of severe morbidity in CKD is the occurrence of intestinal microflora dysbiosis, an increase in pathogenic flora compared to normal flora in CKD patients with hemodialysis (CKD-HD). This study aims to obtain patterns of gut microbiota in CKD patients on hemodialysis by quantitative PCR method with Ct approach analysis The design was a cross-sectional study with 71 CKD patients aged >18 years with routine hemodialysis in the hospital. General National Center Dr. Cipto Mangokusumo. Samples are feces that are stored at -20oC for less than one year. Extraction and purification of DNA with silica binding techniques using Exgene Stool DNA buffer kit method, Bioneer. Measurement of DNA concentration with the NanoVue spectrophotometer, followed by standardization of DNA concentration by diluting the sample based on the smallest DNA concentration. Real-time q-PCR examination of the Boneer ExicyclerTM 96 machine using 13 kinds of primers, namely E.coli, Parasuterella excrementihominis, Prevotella, Bacteroides, Bifidobacterium, L.casei, L.acidophillus, Enterococcus faecalis, Enterococcus faecium, Clostridium difficile, Clostridium cocoides, Akkermansia muciniphila and Beta-actin

as a housekeeping gene (HKG). There was the dominance of the gut microbiota of *E. coli* and the F/B ratio of CKD-HD patients 2.76. There is a significant relationship between hypertension and the F/B ratio of 9.35 ± 4.0 . This study is the first study on gut microbial dysbiosis in CKD patients on hemodialysis in Indonesia using stool samples using quantitative PCR method with Ct approach analysis. Knowing the gut microbiota profile in CKD, can be used as a suggestion for Bifidobacteria probiotic supplementation, as is expected to increase the concentration of the Bacteroides phylum microbiota.