

Karakteristik Mikrobiom Jamur dan Bakteri pada Saluran Napas Bawah Pasien Terkait TB Paru Menggunakan Nanopore Sequencing = Characteristics of the Fungal and Bacterial Microbiome in the Lower Respiratory Tract TB-Related Patients Using Nanopore Sequencing

Humaira Yusva, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920549918&lokasi=lokal>

Abstrak

Infeksi tuberkulosis (TB) masih menjadi masalah kesehatan global, termasuk di Indonesia. Pada pasien TB infeksi jamur paru sering terlewat karena kurangnya manifestasi klinis yang spesifik. Terapi obat anti-TB (OAT) dapat mengakibatkan perubahan profil mikrobiota jamur maupun bakteri di dalam tubuh pasien. Identifikasi mikrobiota jamur dan bakteri dengan metode mikroskopik dan kultur kurang sensitif, memerlukan waktu lama, dan kurang spesifik sehingga berpotensi menyebabkan diagnosis yang kurang optimal. Pemeriksaan berbasis molekular, termasuk metode sekuensing nanopore, memberikan hasil lebih sensitif, cepat dan akurat. Penelitian ini adalah bagian dari penelitian sebelumnya dan bertujuan untuk mengetahui komposisi mikrobiom bakteri dan jamur pada pasien terkait TB paru menggunakan sekuensing nanopore. Pemilihan pasien dilakukan secara consecutive sampling pada kasus TB paru dan bekas TB sesuai kriteria inklusi. Ekstraksi DNA sputum pasien dilakukan di laboratorium Parasitologi FKUI, dilanjutkan dengan pemeriksaan sekuensing menggunakan nanopore. Analisis bioinformatika menggunakan pipeline Kraken 2 dan Minimap 2 dilakukan pada 22 sampel sputum yang diteliti. Komposisi mikrobiom bakteri terdapat 3 spesies dominan, yaitu *Haemophilus parainfluenzae*, *Neisseria perflava* dan *Streptococcus toyakuensis*. Analisis sekuensing jamur belum dapat menentukan identifikasinya karena keterbatasan teknis penelitian, belum ada metode standar yang baku, serta kemungkinan kompetisi alamiah bakteri yang lebih mendominasi. Hasil identifikasi jamur berdasarkan pemeriksaan mikologi klasik menunjukkan *Candida albicans*, *Candida glabrata*, dan *Aspergillus fumigatus* sebagai spesies jamur terbanyak, diikuti *Aspergillus niger*, *Talaromyces* sp., *Candida parapsilosis*, *Candida krusei*, dan *Candida tropicalis*. Hubungan antara komposisi mikrobiom jamur dengan hasil pemeriksaan mikologi klasik pada penelitian ini belum dapat diketahui sehingga diperlukan penelitian lebih lanjut.

.....Tuberculosis (TB) infection is still a global health problem, including in Indonesia. In TB patients, pulmonary fungal infections are often missed because of the lack of specific clinical manifestations. Anti-TB drug therapy can cause changes in the fungal and bacterial microbiome profile in the patient's body. Identifying fungal and bacterial microbiomes using microscopic and culture methods is less sensitive, time-consuming, and less specific, potentially leading to an inadequate diagnosis. Molecular-based examinations, including the nanopore sequencing method, provide more sensitive, fast and accurate results. This study is part of previous study that aims to determine the composition of fungal and bacterial microbiome in related-pulmonary TB patients using nanopore sequencing. The patients recruitment was conducted by consecutive sampling on pulmonary TB and previous TB cases according to the inclusion criteria. Sputum DNA extraction was carried out in the Parasitology Laboratory FMUI, followed by nanopore sequencing assay. Bioinformatics analysis using the Kraken 2 and Minimap 2 pipeline was carried out on the 22 sputum samples studied. The bacterial microbiome composition showed three dominant species: *Haemophilus parainfluenzae*, *Neisseria perflava* dan *Streptococcus toyakuensis*. The sequencing analysis has not been

able to determine fungal identification due to technical limitations, the absence of an agreed standard method, and the possibility of bacterial dominance. The classical mycological assay revealed *Candida albicans*, *Candida glabrata*, and *Aspergillus fumigatus* as the most common fungal species identified, followed by *Aspergillus niger*, *Talaromyces*, *Candida parapsilosis*, *Candida krusei*, and *Candida tropicalis*. The correlation of fungal microbiome composition and classical mycological results cannot yet be determined, so further study is mandatory.