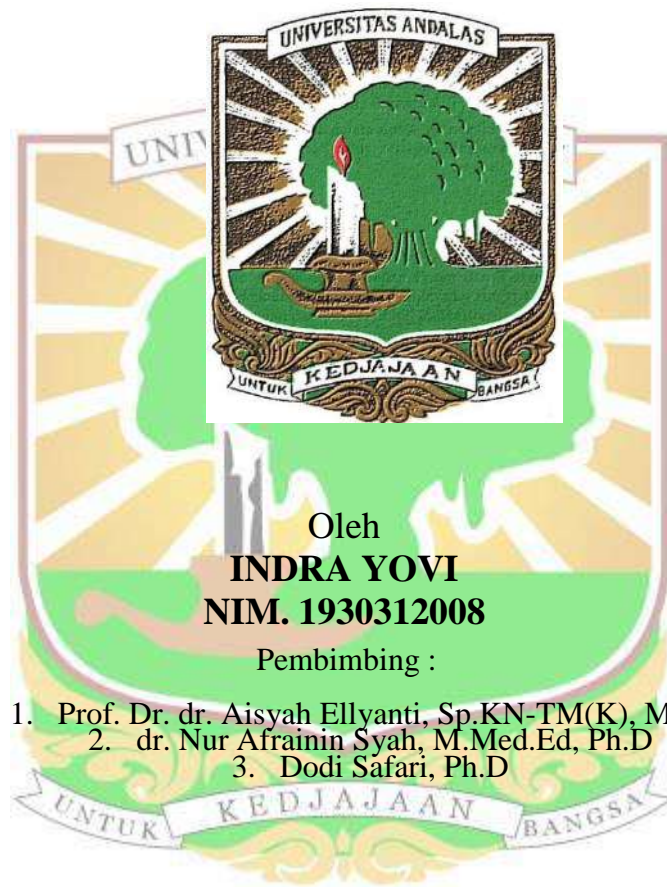


**DISERTASI**

**ANALISIS PERBEDAAN MIKROORGANISME PENYEBAB  
EMPIEMA TORAKS ANTARA METODE BIAKAN DENGAN  
METODE METAGENOMIK**



Oleh  
**INDRA YOVI**  
**NIM. 1930312008**

Pembimbing :

1. Prof. Dr. dr. Aisyah Ellyanti, Sp.KN-TM(K), M.Kes
2. dr. Nur Afrainin Syah, M.Med.Ed, Ph.D
3. Dodi Safari, Ph.D

**PROGRAM STUDI ILMU BIOMEDIS PROGRAM DOKTOR  
FAKULTAS KEDOKTERAN  
UNIVERSITAS ANDALAS  
PADANG  
2024**

## ABSTRAK

### ANALISIS PERBEDAAN MIKROORGANISME PENYEBAB EMPIEMA TORAKS ANTARA METODE BIAKAN DENGAN METODE METAGENOMIK

Indra Yovi

**Tujuan:** Disertasi ini bertujuan untuk menganalisis mikrobiom penyebab empiema toraks menggunakan metode metagenomik dan membandingkannya dengan hasil biakan konvensional, guna meningkatkan akurasi diagnosis dan optimalisasi terapi antibiotik.

**Metode:** Penelitian ini melibatkan 30 pasien yang terdiagnosis empiema toraks di rumah sakit di Pekanbaru, Provinsi Riau, Indonesia. Sampel cairan pleura dikumpulkan untuk dilakukan analisis kultur (dikultur dalam botol kultur darah aerobik dan anaerobik serta diidentifikasi menggunakan *Vitek 2 compact system*) dan untuk analisis metagenomik menggunakan MinION R9.4.1, dengan pelabelan taksonomi menggunakan database dari Kraken2 NCBI untuk 16S, 18S, 28S, dan ITS. Sampel yang teridentifikasi mengandung sekuens jamur, dilakukan konfirmasi dengan menggunakan *Internal Transcribed Spacer* (ITS). Analisis kesesuaian etiologi dari empiema toraks dilakukan berdasarkan metode kultur konvensional dan metagenomik, diikuti dengan uji statistik menggunakan uji Kappa. Data klinis dari pasien juga dikumpulkan dan dianalisis.

**Hasil:** Metode biakan menunjukkan tingkat kepositifan 40%, dengan bakteri Gram negatif (*Klebsiella pneumoniae* dan *Pseudomonas aeruginosa*) mendominasi. Metagenomik menunjukkan tingkat kepositifan 56,7%, mengidentifikasi mikroorganisme yang lebih beragam, termasuk jamur (29,4% kelimpahan), bakteri gram negatif lainnya (26,5%), dan bakteri anaerob (22,5%). Perbandingan kedua metode menunjukkan kesesuaian total 44% dan kesesuaian parsial 20%, dengan 37% ketidaksesuaian dengan nilai koefisien Kappa 0.416 dengan nilai  $p = 0.016$  ( $p < 0.05$ ) artinya tingkat kesesuaian hasil metagenomik dengan hasil kultur masuk kategori moderate dan bermakna secara statistik.

**Kesimpulan:** Metagenomik menawarkan keunggulan signifikan dalam mendeteksi mikrobiom penyebab empiema toraks, khususnya jamur dan bakteri anaerob, yang sering terlewatkan oleh metode biakan konvensional. Hal ini berpotensi meningkatkan akurasi diagnosis dan optimalisasi terapi antibiotik. Penelitian lebih lanjut dengan sampel yang lebih besar diperlukan.

**Kata Kunci:** Empiema, Metagenomik, Biakan, Mikrobiom

## ABSTRACT

### COMPARATIVE ANALYSIS OF MICROORGANISMS CAUSING THORACIC EMPYEMA USING CULTURE AND METAGENOMIC METHODS

Indra Yovi

**Objective:** This dissertation aimed to analyze the microbiome of pleural empyema using metagenomic methods and compare the results with conventional culture methods to improve diagnostic accuracy and optimize antibiotic therapy.

**Methods:** This study involved 30 patients with pleural empyema from hospitals in Riau Province, Indonesia. Pleural fluid samples were collected for culture analysis (including inoculation of empyema fluid in aerob and anaerob blood bottle cultures and identification using the Vitek 2 system) and metagenomic analysis with MinION R9.4.1. Patient clinical data were also collected.

**Results:** Culture methods showed a 40% positivity rate, with Gram-negatif bacteria (*Klebsiella pneumoniae* and *Pseudomonas aeruginosa*) predominating. Metagenomics showed a 56.7% positivity rate, identifying a more diverse microbiome, including fungi (29.4% abundance), other Gram-negatif bacteria (26.5%), and anaerobic bacteria (22.5%). Comparison of the two methods showed 44% total agreement and 20% partial agreement, with 37% disagreement with Kappa coefficient of 0.416 and p-value of 0.016 ( $p < 0.05$ ). This suggests that the agreement between the metagenomic results and the culture results is moderate and statistically significant.

**Conclusion:** Metagenomic offers significant advantages in detecting the microbiome of pleural empyema, particularly fungi and anaerobic bacteria, often missed by conventional culture methods. This has the potential to improve diagnostic accuracy and optimize antibiotic therapy. Further research with larger sample sizes is needed.

**Keywords:** Empyema, Metagenomics, Culture, Microbiome

