

BAB VII

KESIMPULAN DAN SARAN

7.1 Kesimpulan

1. Mayoritas pasien (80%) berusia 18-59 tahun dan berjenis kelamin laki-laki (76,7%). Sebagian besar kasus (93,3%) merupakan empiema komunitas dengan pneumonia sebagai penyebab tersering (30%). Gejala klinis yang dominan adalah sesak napas (63,3%) dan batuk (53,3%). Pemeriksaan laboratorium menunjukkan leukositosis dan peningkatan neutrofil. Cairan pleura umumnya keruh, dengan kadar protein normal, glukosa tidak menurun, dan LDH meningkat. Lama perawatan rata-rata 11,6 hari, dengan luaran berupa kesembuhan pada 80% pasien.
2. Metode biakan berhasil mengidentifikasi mikroorganisme pada 40% sampel. Sebagian besar (66,7%) merupakan infeksi monomikrobia, dengan bakteri Gram negatif (68,8%) mendominasi, terutama *Klebsiella pneumoniae* (18,8%) dan *Pseudomonas aeruginosa* (12,5%). Bakteri anaerob dan jamur tidak terdeteksi dengan metode biakan.
3. Metode metagenomik menunjukkan tingkat kepositifan 56,7%, mengungkapkan profil mikrobiom yang lebih kompleks dengan sekuens campuran pada semua sampel positif. Kelompok jamur memiliki kelimpahan tertinggi (29,4%), diikuti bakteri Gram negatif lainnya (26,5%) dan bakteri anaerob (22,5%). *S. pneumoniae* terdeteksi pada 9,8% sampel. Kelimpahan *S. aureus* dan *Mycobacterium* spp. relatif rendah (0,7%). Konfirmasi PCR ITS untuk jamur pada sampel terpilih menunjukkan hasil positif.

4. Metode metagenomik memiliki tingkat kepositifan yang lebih tinggi dibandingkan metode biakan (56,7% vs 40%). Metagenomik mendeteksi lebih banyak jenis mikroorganisme, termasuk bakteri anaerob dan jamur yang tidak terdeteksi dengan metode biakan. Terdapat kesesuaian total antara kedua metode pada 44% sampel, kesesuaian parsial pada 20%, dan ketidaksesuaian pada 37%.

7.2 Saran

1. Penelitian dengan jumlah sampel yang lebih besar dan cakupan geografis yang lebih luas diperlukan untuk memperkuat temuan ini dan menentukan pola mikroorganisme penyebab empiema toraks di berbagai wilayah Indonesia.
2. Diperlukan pengembangan dan implementasi metode diagnostik molekuler, seperti metagenomik, untuk meningkatkan deteksi dini dan akurasi identifikasi mikroorganisme penyebab empiema toraks, terutama bakteri anaerob dan jamur. Standarisasi protokol dan interpretasi hasil metagenomik juga perlu diperhatikan.
3. Informasi yang diperoleh dari metagenomik dapat membantu dalam pemilihan antibiotik yang lebih tepat sasaran, mengurangi penggunaan antibiotik spektrum luas, dan meminimalkan risiko resistensi antibiotik.
4. Studi longitudinal yang memantau perubahan mikrobiom pada pasien empiema toraks selama pengobatan dapat memberikan informasi berharga untuk pengembangan strategi terapi yang lebih efektif.
5. Hasil penelitian ini dapat menjadi dasar pertimbangan dalam pembuatan kebijakan terkait pencegahan dan tatalaksana empiema toraks di Indonesia,

termasuk strategi pengendalian infeksi dan penggunaan antibiotik yang rasional.

