

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Pneumonia merupakan salah satu penyakit infeksi saluran pernapasan akut yang menjadi penyebab kematian anak usia di bawah lima tahun. Pneumonia menyumbang sekitar 14% dari seluruh kematian anak balita atau sekitar 740.000 kasus kematian dengan sebagian besar kasus disebabkan oleh infeksi bakteri berdasarkan data global (WHO, 2023). Di Indonesia, pneumonia termasuk ke dalam sepuluh besar penyebab kematian anak balita dengan prevalensi yang relatif tinggi. Jumlah kasus pneumonia pada anak usia 1 hingga <5 tahun di Indonesia pada tahun 2019-2023 adalah sebanyak 1.276.787 kasus atau sekitar 68,7% (Manik *et al.*, 2025). Kondisi ini menunjukkan bahwa pneumonia masih menjadi masalah kesehatan masyarakat yang mendesak untuk ditangani.

Salah satu bakteri penyebab utama pneumonia adalah *Streptococcus pneumoniae* (*S. pneumoniae*), yang dikenal sebagai patogen oportunistik dengan kemampuan kolonisasi pada nasofaring manusia (Weiser *et al.*, 2018). Bakteri ini memiliki kemampuan untuk mengubah dan memperbaiki genomnya dengan mengambil DNA asing (*natural competence*) dari bakteri *Streptococcus* lain. Karena kemampuan genetik yang mudah beradaptasi ini, *S. pneumoniae* dapat berubah dari bakteri komensal menjadi patogen pada kondisi tertentu (Weiser *et al.*, 2018). Tingginya beban penyakit ini menuntut adanya metode diagnosis yang tepat dan akurat serta dapat membedakan kasus infeksi akibat *S. pneumoniae* dari bakteri penyebab pneumonia lainnya.

Infeksi akibat *S. pneumoniae* diawali oleh kolonisasi pada saluran pernapasan bagian atas, hal ini adalah fenomena umum yang bersifat asimtomatik – kolonisasi bakteri terjadi tanpa menimbulkan gejala. Beberapa penelitian menyatakan bahwa angka kolonisasi akibat *S. pneumoniae* tinggi pada anak-anak yaitu lebih dari 60%. Kolonisasi awal terjadi di nasofaring yang merupakan proses patogenesis *S. pneumoniae* dan menjadi dasar dari perkembangan penyakit invasif (Marquart, 2021). Jumlah sel bakteri yang

tumbuh pada isolat swab nasofaring memiliki konsentrasi bakteri *S. pneumoniae* yang rendah. Untuk meningkatkan jumlah bakteri pada sampel tersebut, dilakukan *enrichment* kultur sehingga peluang untuk munculnya koloni saat disubkultur menjadi lebih tinggi (Miellet *et al.*, 2022). Metode *enrichment* kultur dapat meningkatkan sensitivitas deteksi bakteri *S. pneumoniae*. Pada metode ini nantinya akan dipilih koloni alfa-hemolitik sebagai indikator dugaan bakteri *S. pneumoniae* (Miellet *et al.*, 2022). Namun, identifikasi bakteri *S. pneumoniae* hanya dengan metode kultur konvensional sering gagal dalam mendeteksi pada sampel dari isolat bakteri. Hal ini menjadi tantangan dalam identifikasi bakteri *S. pneumoniae* dengan isolat swab nasofaring untuk meningkatkan deteksi dari bakteri ini (Ricketson *et al.*, 2021).

Pemeriksaan fenotipik dari *Streptococcus pneumoniae* dilakukan dengan uji optochin (*ethylhydrocupreine hydrochloride*) untuk memisahkan isolat yang diduga sebagai *S. pneumoniae*. Namun, pada sejumlah penelitian menunjukkan bahwa beberapa spesies kelompok *Mitis* juga dapat memiliki sensitivitas terhadap optochin yang serupa dengan *S. pneumoniae* sehingga meningkatkan risiko salah identifikasi apabila hanya mengacu pada karakteristik fenotipik. Sifat hemolisis dan respons optochin pada kelompok *Mitis* sering tumpang tindih atau memiliki kemiripan ciri fenotipik antara *S. pneumoniae* dengan kelompok *Mitis* lainnya sehingga batas pembeda antarspesies ini menjadi kabur pada pemeriksaannya. Zona hambat atau zona bening yang terbentuk dari uji ini memiliki ukuran yang berbeda-beda. Selain itu, zona bening yang dihasilkan kadang tidak terlihat jelas lingkarannya sehingga dapat terjadi kesalahan dalam mengidentifikasi bakteri. Maka penggunaan metode fenotipik tunggal tidak cukup untuk memastikan identitas dari organisme bakteri yang ingin diidentifikasi (Sadowy & Hryniewicz, 2020).

Metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) konvensional dapat mengatasi masalah tersebut karena metode ini dapat mendeteksi DNA dari bakteri *S. pneumoniae* dengan sensitivitas yang lebih tinggi (Hasanuzzaman *et al.*, 2021). Identifikasi bakteri *S. pneumoniae* dengan PCR dapat dilakukan menggunakan gen target sebagai penanda khas bakteri yang akan diidentifikasi. Salah satu gen

target yang banyak digunakan untuk mengkode enzim autolisin dan memiliki sensitivitas yang tinggi terhadap *S. pneumoniae* adalah *lytA* (Saukkoriipi *et al.*, 2017).

Berdasarkan penjelasan tersebut, perlu dilakukan penelitian untuk mengidentifikasi bakteri *S. pneumoniae* dengan penggabungan beberapa metode identifikasi mulai dari kultur - *enrichment*, uji optochin, dan identifikasi secara molekuler dengan metode PCR konvensional untuk menilai karakteristik molekuler bakteri *S. pneumoniae*. Penggunaan kombinasi metode ini dapat meningkatkan akurasi dalam mengidentifikasi bakteri *S. pneumoniae* dan meminimalisir kesalahan identifikasi pada kelompok *Mitis* lain yang memiliki ciri khas fenotipik yang mirip dengan *S. pneumoniae*. Data lokal mengenai keberadaan *S. pneumoniae* pada pasien anak dengan pneumonia masih sangat terbatas. Oleh karena itu, peneliti tertarik untuk meneliti mengenai identifikasi *S. pneumoniae* dari isolat swab nasofaring anak dengan pneumonia di RSUP Dr. M. Djamil Padang. Diharapkan penelitian ini dapat memberikan kontribusi dalam peningkatan pengetahuan mengenai pneumonia pada anak dan bakteri *S. pneumoniae*.

1.2 Rumusan Masalah

Bagaimana hasil identifikasi bakteri *Streptococcus pneumoniae* secara molekuler dari isolat swab nasofaring anak dengan pneumonia di RSUP Dr. M. Djamil Padang?

1.3 Tujuan Penelitian

1.3.1 Tujuan Umum

Tujuan umum dari penelitian ini adalah mengetahui keberadaan *Streptococcus pneumoniae* yang dapat diidentifikasi secara molekuler dari isolat swab nasofaring anak dengan pneumonia di RSUP Dr. M. Djamil Padang.

1.3.2 Tujuan Khusus

Berdasarkan tujuan umum di atas, tujuan khusus yang dari penelitian ini adalah mengidentifikasi *Streptococcus pneumoniae* secara molekuler dari isolat swab nasofaring anak dengan pneumonia di RSUP Dr. M. Djamil Padang menggunakan PCR konvensional dengan gen target *lytA*.

1.4 Manfaat Penelitian

1.4.1 Manfaat bagi Peneliti

Penelitian ini diharapkan dapat menambah pengetahuan dan pengalaman peneliti dalam melakukan identifikasi *Streptococcus pneumoniae* secara molekuler dari isolat swab nasofaring anak dengan pneumonia menggunakan PCR konvensional dengan gen target *lytA*. Selain itu juga memberikan pengalaman praktik langsung bagi peneliti dalam melakukan deteksi molekuler *Streptococcus pneumoniae* menggunakan metode PCR dengan gen penanda *lytA* mulai dari isolasi, identifikasi, dan analisis genetik pada sampel.

1.4.2 Manfaat bagi Peneliti Lain

Hasil penelitian ini dapat menjadi referensi ilmiah bagi peneliti lain yang ingin melakukan studi terkait pola penyebaran, resistensi dari *Streptococcus pneumoniae*, penentuan distribusi serotipe, dan surveilans epidemiologi. Data lokal yang dihasilkan dapat menambah sumber literatur lokal maupun nasional dan menjadi bahan pembandingan pada penelitian serupa di wilayah lain dan membuka peluang untuk penelitian lanjutan yang lebih spesifik dari segi aspek klinis, genetik, dan kesehatan masyarakat.

1.4.3 Manfaat bagi Institusi

Bagi institusi pendidikan maupun kesehatan, penelitian ini memberikan kontribusi berupa data dasar mengenai adanya bakteri *Streptococcus pneumoniae* pada pasien anak dengan pneumonia untuk pemantauan penyakit infeksi, evaluasi kebijakan klinis, dan perencanaan program pencegahan. Hasil penelitian ini juga dapat meningkatkan kapasitas laboratorium dalam

menerapkan metode molekuler yang lebih akurat untuk mendukung diagnosis klinis.

1.4.4 Manfaat bagi Masyarakat

Bagi masyarakat, penelitian ini bermanfaat dalam memberikan informasi yang edukatif mengenai keberadaan *Streptococcus pneumoniae* sebagai penyebab pneumonia pada anak sehingga mendorong kesadaran terhadap pentingnya deteksi dini dan pencegahan penyakit.

