

## **BAB 1**

### **PENDAHULUAN**

#### **1.1 Latar Belakang**

Air merupakan komponen penting dalam kehidupan manusia. Hampir seluruh aspek kehidupan manusia membutuhkan air untuk melakukan aktivitas. Namun tidak semua air memenuhi persyaratan untuk baku mutu kesehatan lingkungan. Bahkan air yang terlihat jernih sekalipun tidak sepenuhnya terbebas dari senyawa terlarut kimiawi dan unsur mikrobiologi (Alfanita, 2017).

Air yang terkontaminasi oleh substansi tertentu dapat menyebabkan gangguan kesehatan jika kontaminasi dalam jumlah yang besar dan tidak memenuhi persyaratan kesehatan lingkungan seperti tercantum pada Permenkes Nomor 32 tahun 2017 tentang Standar Baku Mutu Kesehatan Air. Penyebab kontaminasi air yang sering menyebabkan gangguan kesehatan diantaranya bakteri, virus, protozoa maupun substansi kimiawi yang terlarut (Anglia, 2008).

Sumber kontaminasi pada air salah satunya adalah feses. Kontaminasi ini disebarkan melalui rute fekal oral, dimana sumber kontaminasi keluar bersama feses manusia atau hewan, mengkontaminasi air, air tersebut dikonsumsi oleh manusia sehingga memasuki inang baru (Anglia, 2008). Oleh karena itu berbagai sumber air untuk keperluan konsumsi manusia diatur oleh perundang-undangan Republik Indonesia (Kemenkes RI, 2017).

Berdasarkan Permenkes Nomor 32 tahun 2017 tentang Standar Baku Mutu Kesehatan Air, air untuk keperluan higienitas sanitasi dalam kehidupan

sehari-hari harus memenuhi persyaratan kesehatan, baik secara kimia, fisika maupun mikrobiologi. Secara khusus, parameter wajib air untuk keperluan higienitas sanitasi meliputi total coliform dan *Escherichia coli* (Kemenkes RI, 2017).

Salah satu parameter yang di atur dalam perundang-undangan adalah bakteri *Escherichia coli*. Pada hakikatnya, bakteri *Escherichia coli* merupakan flora normal pada tubuh manusia yang berperan penting dalam proses pencernaan. Keberadaan bakteri *Escherichia coli* dalam air, mengindikasikan adanya pencemaran lingkungan yang bersumber dari feses (Anglia, 2008).

*E. coli* merupakan salah satu bakteri koliform yang termasuk dalam famili *Enterobacteriaceae*. *E. coli* merupakan bakteri berbentuk batang, bersifat gram negatif, fakultatif anaerob, tidak membentuk spora dan merupakan flora alami pada usus manusia. Beberapa strain bakteri ini memberikan manfaat bagi sistem pencernaan manusia, namun ada beberapa strain lain yang menyebabkan gangguan kesehatan, strain ini disebut bakteri patogen. Secara fisiologi, *E. coli* memiliki kemampuan bertahan pada kondisi lingkungan yang sulit. *E. coli* tumbuh dengan baik di air tawar, air laut, atau di tanah. Bakteri *E. coli* yang hidup dalam air umumnya adalah non-patogen, tetapi terkadang ditemukan pula strain patogen seperti enterotoksigenik dan enterohemoragic atau *E. coli* yang memproduksi shigatoxin (Winiati P., et all, 2018).

Strain *E. coli* patogen sering menyebabkan infeksi seperti septimia, infeksi saluran kemih, pneumonia, meningitis, gastroenteritis dan penyakit

lainnya. Salah satu hal yang dilakukan oleh paramedis untuk menyelamatkan pasien yang terinfeksi bakteri tersebut adalah terapi antimikroba. Antimikroba yang sering digunakan sebagai resep rutin adalah antibiotika golongan sefalosporin. Antibiotika ini merupakan golongan betalaktam yang berasal dari fungus *Cephalosporium acremonium*. Antibiotika ini menjadi bagian utama dari formulasi antibiotik di rumah sakit negara-negara maju dikarenakan reaksi alergi dan toksisitasnya yang relatif rendah. Namun penggunaan antibiotik tersebut menyebabkan sisi lain dalam beberapa pertumbuhan bakteri, karena spektrum yang luas mendorong lebih cepat beberapa organisme yang tidak dapat dihilangkan atau dihambat dengan terapi sehingga berpotensi patogen dan resisten terhadap antibiotik (Mirzan, 2017).

Survei yang dilakukan oleh *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC) tahun 2013 di Amerika Serikat, menunjukkan bahwa prevalensi resistensi antibiotik pada manusia di dunia meningkat setiap tahun. Berdasarkan penelitian yang dilakukan di Jakarta, Palembang dan Tangerang, resistensi antibiotik yang terjadi yaitu penisilin (87,3%), tetrasiklin (88,9%), siprolaksasin (55,8%), leflokasin (77,0%), dan kanamisin (30,3%). Berdasarkan penelitian yang dilakukan di Rumah Sakit Umum Pusat Haji Adam Malik Medan pada Januari-Juni 2016 didapatkan resistensi antibiotik golongan ESBL (*Extended Spectrum Beta-Lactamase*) dengan distribusi *Escherichia coli* 243 (43%), *Klebsiella pneumoniae* 223 (39%) dan 18 lainnya adalah bakteri golongan *Enterobacteriaceae* (Mirzan, 2017).

Resistensi terhadap golongan sefalosporin dapat disebabkan oleh kemampuan bakteri Enterobacteriaceae mengeluarkan enzim beta-laktamase dimana enzim ini di kode oleh gen R (resisten) pada plasmid bakteri. *Extended Spectrum Beta-Lactamase* (ESBL) merupakan enzim yang memiliki kemampuan untuk menghidrolisis dan menyebabkan resistensi terhadap berbagai jenis antibiotik  $\beta$ -laktam, termasuk generasi ketiga *broad-spectrum* sefalosporin (misalnya, sefotaksim, seftriakson, dan seftazidim) dan monobaktam (misalnya aztreonam). ESBL sering dikodekan oleh gen yang terletak di plasmid mengakibatkan resistensi terhadap agen antimikroba seperti aminoglikosida, trimetoprim, sulfonamid, tetrasiklin dan kloramfenikol. Beberapa jenis gen yang dimediasi oleh beta-laktamase adalah *blaTEM*, *blaSHV* dan *blaCTX-M*. Deteksi gen-gen tersebut dilakukan secara molekuler (Deepti, 2010).

Penelitian yang dilakukan di RSUD Dr. Soetomo Surabaya, deteksi gen ESBL yaitu *blaCTX-M*, *blaSHV* dan *blaTEM* dilakukan pada 73 isolat *Escherichia coli* dan 72 isolat *Klebsiella pneumoniae*. Gen *CTX-M* ditemukan pada 69 isolat *Escherichia coli* (94,5%) dan 40 isolat (55,6%) *Klebsiella pneumoniae*. Penelitian lain dilakukan di RSUP Haji Adam Malik Medan, Laboratorium Terpadu dan Departemen Mikrobiologi Fakultas Kedokteran USU Medan, mengidentifikasi *Escherichia coli* dan *Klebsiella pneumoniae* MDROs dengan Vitek 2 Compact dan adanya gen *blaCTX-M*, *blaSHV*, dan *blaTEM* diamati dengan metode PCR. Hasil penelitian menunjukkan bahwa dari total 85 sampel terdapat 62 (72,94%) isolat bakteri yang membawa gen *blaCTX-M*, dimana 31 (36,47%) *Escherichia coli* dan

31 (36,47%) *Klebsiella pneumoniae*. Seluruh isolat terdeteksi gen *blaSHV*, dimana 41 (48,23%) *Escherichia coli* dan (51,77%) *Klebsiella pneumoniae* 44. Gen *blaTEM* 73 (85,88%), dimana 37 (43,52%) *Escherichia coli* dan 36 (42,35%) *Klebsiella pneumoniae* (Mirzan, 2017).

Berdasarkan paparan tersebut *E. coli* penghasil ESBL memiliki ciri khas genetik yang dapat diidentifikasi melalui deteksi molekuler. ESBL dapat diklasifikasikan berdasarkan struktur nukleotida dan asam amino, sedangkan gen yang paling sering dilakukan penelitian dan penyebarannya sangat cepat adalah *CTX-M*, *TEM* dan *SHV* (Hamdan, 2017). Penelitian selanjutnya yang akan dilakukan oleh penulis adalah identifikasi keberadaan *E. coli* penghasil ESBL yang diisolasi dari sampel air bersih di Balai Besar Laboratorium Kesehatan Surabaya menggunakan metode PCR.

## **1.2 Rumusan Masalah**

Dari latar belakang masalah diatas, maka masalah dapat dirumuskan sebagai berikut :

“Apakah terdapat *E. coli* penghasil ESBL pada sampel air bersih di Balai Besar Laboratorium Kesehatan Surabaya?”

## **1.3 Batasan Masalah**

Batasan masalah dalam penelitian ini adalah

Pemeriksaan air bersih dari sampel BBLK yang berasal dari Surabaya untuk mendapatkan bakteri *E. coli* melalui uji membran filter kemudian isolat *E. coli* tersebut di analisa secara molekuler menggunakan PCR dan Elektroforesis.

## **1.4 Tujuan Penelitian**

### **1.4.1 Tujuan Umum**

Tujuan umum dari penelitian ini adalah mengetahui ada tidaknya *Escherichia coli* penghasil ESBL yang diisolasi dari sampel air bersih di Balai Besar Laboratorium Kesehatan Surabaya.

### **1.4.2 Tujuan Khusus**

Tujuan khusus dari penelitian ini adalah

1. Menganalisis persentase bakteri *E. coli* penghasil ESBL pada sampel air bersih di Balai Besar Laboratorium Kesehatan Surabaya
2. Menganalisis genotipe penyusun *E. coli* pada sampel air bersih di Balai Besar Laboratorium Kesehatan Surabaya
3. Menganalisis persentase genotipe penyusun *E. coli* pada sampel air bersih di Balai Besar Laboratorium Kesehatan Surabaya.

## **1.5 Manfaat Penelitian**

### **1.5.1 Bagi Penulis**

1. Menambah pengetahuan dan wawasan penulis dalam bidang mikrobiologi
2. Mengetahui bagaimana genotipe penyusun *E. coli* yang terdapat pada sampel air bersih
3. Mengembangkan pengetahuan penulis dalam melakukan identifikasi bakteri berbasis molekular

### **1.5.2 Bagi Institusi Pendidikan**

Penelitian ini diharapkan menjadi referensi bagi mahasiswa lain dalam mencari literatur untuk mengembangkan penelitian lain yang sejenis tanpa melakukan plagiarisme. Selain itu, penelitian ini juga diharapkan mampu memberikan pengetahuan untuk seluruh civitas akademika bahwa keberadaan bakteri patogen bukan hanya berasal dari sumber klinis yaitu cairan tubuh dan proses ekskresi manusia atau hewan. Namun, bisa juga berasal dari lingkungan yang terkontaminasi oleh feses dan rendah higienitas sanitasinya.

### **1.5.3 Bagi Masyarakat**

Hasil dari penelitian ini diharapkan menambah wawasan ilmu bagi masyarakat yang membaca skripsi ini agar lebih memperhatikan kebersihan terhadap diri sendiri dan lingkungan terutama jika menggunakan air untuk kehidupan sehari-hari. Air yang digunakan harus benar-benar dijaga kebersihannya karena adanya bakteri patogen yang tidak tampak oleh mata bisa mengakibatkan gangguan kesehatan baik yang ringan maupun serius.