

V. Penutup

A. Kesimpulan

1. Profil mikrobiota usus anak stunting dan anak gizi normal di Kabupaten Banyumas sama-sama didominasi filum *Bacillota* dengan genus utama *Blautia*, tetapi kelimpahannya lebih tinggi pada kelompok stunting dari pada kelompok gizi normal. Filum lainnya yang lebih banyak ditemui pada kelompok stunting yaitu *Pseudomonadota*, *Bacteroidota*, serta *Verrucomicrobiota* yang hanya terdapat pada kelompok stunting. Genus yang lebih banyak ditemui pada kelompok gizi normal daripada kelompok stunting, meliputi *Agathobacter*, *Anaerobutyricum*, *Anaerostipes*, *Escherichia*, dan *Ligilactobacillus*. Temuan ini mendukung hipotesis bahwa keanekaragaman dan komposisi mikrobiota usus anak stunting menunjukkan variasi yang berbeda dibandingkan anak gizi normal.
2. Keragaman mikrobiota usus (*alpha diversity*) pada kelompok anak stunting dan anak gizi normal secara umum berada pada tingkat keragaman yang serupa, namun komposisi bakteri yang menyusun keragaman tersebut berbeda. Nilai indeks *alpha diversity* menunjukkan bahwa kelompok dengan gizi normal memiliki komunitas mikroba yang lebih kaya dibandingkan kelompok Stunting. Hal ini ditunjukkan oleh jumlah total spesies mikrobiota ASV (*Amplicon Sequence Variant*) atau taksa yang berhasil dianalisis dalam sampel penelitian ini dipresentasikan oleh indeks *Richness* lebih tinggi pada kelompok gizi

normal, yaitu 182, sedangkan kelompok stunting 163, maka komunitas bakteri pada kelompok gizi normal lebih kaya dari kelompok stunting. Tingkat kemerataan (*Pielou's evenness*) dan keragaman total (*Simpson's index*) di antara spesies kelompok stunting dan gizi normal hampir identik, mengindikasikan bahwa spesies yang ditemukan di kedua kelompok tersebut memiliki pola kelimpahan yang relatif serupa. Nilai *Shannon diversity index* yang lebih tinggi pada kelompok gizi normal (3,56) dibandingkan stunting (3,51), nilai tersebut menunjukkan kedua kelompok memiliki keanekaragaman mikrobiota yang tinggi (banyak spesies tersebar merata) tetapi keanekaragaman tersebut lebih tinggi pada kelompok gizi normal dibandingkan kelompok stunting.

3. Peran fungsional mikrobiota usus pada kedua kelompok di dominasi oleh metabolisme yang sama baik dari metabolisme lipid, energi, karbohidrat dan asam amino, tetapi metabolisme tersebut lebih banyak terjadi pada kelompok stunting dari pada kelompok gizi normal. Metabolisme lipid didominasi oleh *glycerophospholipid metabolism* yang lebih banyak terjadi pada kelompok stunting dari pada kelompok gizi normal. Metabolisme karbohidrat didominasi oleh *starch and sucrose metabolism* yang lebih banyak terjadi pada kelompok stunting dari pada kelompok gizi normal. Metabolisme energi didominasi oleh *methane metabolism* yang lebih banyak terjadi pada kelompok stunting dari pada kelompok gizi normal. Terakhir, metabolisme asam amino didominasi oleh *arginine and proline metabolism* yang lebih banyak terjadi pada kelompok stunting dari pada kelompok gizi normal.

B. Keterbatasan Penelitian

1. Jumlah sampel untuk pemeriksaan mikrobiota usus dan cakupan wilayah penelitian terbatas wilayah kerja Puskesmas Tambak 1, sehingga generalisasi hasil ke populasi yang lebih luas belum bisa dilakukan. Selain itu, desain *cross sectional* tidak memungkinkan untuk penelusuran hubungan kausal secara langsung antara perubahan mikrobiota dan kejadian stunting.
2. Interpretasi hasil dapat terpengaruh karena penggunaan sampel gabungan yang mengaburkan variasi komposisi mikrobiota antar individu dan membatasi perbandingan analisis statistik antar subjek.
3. Pemetaan fungsi mikroba hanya bersifat prediktif karena diturunkan dari data 16S rRNA, sehingga masih diperlukan konfirmasi lebih lanjut menggunakan pendekatan berbasis sekvensing genom (misalnya *shotgun metagenomik*) atau analisis profil metabolit (metabolomik) agar gambaran fungsionalnya lebih akurat.

C. Saran

1. Bagi penelitian selanjutnya, disarankan melalukan penelitian dengan jumlah sampel lebih besar, mencakup beberapa daerah berbeda, serta menggunakan desain longitudinal untuk menilai dinamika perubahan mikrobiota dan hubungan kausal dengan kejadian stunting dapat dinilai lebih akurat.

2. Pada penelitian berikutnya, analisis sampel sebaiknya dilakukan per individu, sehingga variasi antar subjek dapat dievaluasi dan uji statistik komparatif dapat dilakukan secara optimal.
3. Pada penelitian berikutnya, prediksi fungsi mikroba yang diperoleh dari data 16S rRNA perlu dilengkapi dan divalidasi dengan pendekatan beresolusi tinggi seperti shotgun metagenomik dan/atau metabolomik agar pemahaman mengenai kapasitas fungsional dan aktivitas metabolismik mikrobiota menjadi lebih akurat dan komprehensif.

