

ABSTRAK

Latar Belakang: Obesitas abdominal merupakan masalah kesehatan global yang terkait dengan peningkatan risiko penyakit kardiometabolik. Peran mikrobiota usus dalam patogenesis obesitas abdominal telah menjadi fokus penelitian, namun studi di Indonesia masih terbatas.

Tujuan: Mengetahui perbedaan profil mikrobiota usus antara individu normal dan individu dengan obesitas abdominal.

Metode: Penelitian ini adalah studi observasional analitik dengan desain potong lintang dilakukan di Rumah Sakit Nasional Diponegoro Semarang pada periode 2024–2025. Sebanyak 31 partisipan (12 normal dan 19 obesitas abdominal) dipilih berdasarkan kriteria lingkar pinggang (≥ 90 cm untuk laki-laki, ≥ 80 cm untuk perempuan). Profil mikrobiota usus dianalisis menggunakan sekuensing gen 16S rRNA *region* V3-V4 dengan platform *Illumina* (P300). Analisis dilakukan dengan mengukur *alpha diversity* dan *beta diversity*, serta perbandingan kelimpahan taksonomi mikrobiota antara kedua kelompok.

Hasil penelitian: Tidak terdapat perbedaan yang signifikan pada parameter *alpha* dan *beta diversity* antara individu normal dan dengan obesitas abdominal, meskipun ditemukan perubahan komposisi spesifik bakteri.

Kesimpulan: Temuan tersebut mengindikasikan bahwa disbiosis mikrobiota usus pada obesitas abdominal lebih dipengaruhi oleh perubahan komposisi spesifik bakteri daripada keragaman keseluruhan, pada obesitas abdominal menunjukkan potensi disbiosis yang terkait dengan gangguan metabolik. Diperlukan studi lanjutan dengan sampel lebih besar dan analisis fungsional diperlukan untuk memahami mekanisme yang mendasari.

Kata kunci: mikrobiota usus, obesitas abdominal, 16S rRNA sequencing, *alpha diversity*, *beta diversity*, disbiosis, penyakit kardiovaskular.