

# Deteksi corynebacterium patogenik dan analisis filogenetik corynebacterium diphtheriae berdasarkan gen rpoB parsial = Detection of pathogenic corynebacterium and phylogenetic analysis of corynebacterium diphtheriae based on partial rpoB gene

Doni Usman, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20504246&lokasi=lokal>

---

## Abstrak

Latar Belakang: Patogenitas *Corynebacterium* pada infeksi difteri, sangat terkait dengan toksin yang dihasilkannya. Indonesia merupakan negara ke dua di dunia yang memiliki kasus difteri terbanyak dengan 1.665 kasus dan 29 kasus kematian di tahun 2018. Toksin difteri dapat dihasilkan oleh 3 spesies penyebab, yaitu *C. diphtheriae*, *C. ulcerans*, dan *C. pseudotuberculosis* yang sulit dibedakan secara mikroskopik dan kultur, sehingga diperlukan deteksi molekuler untuk membedakannya. Karakterisasi *C. diphtheriae* sebagai spesies penyebab utama, diperlukan untuk mengetahui hubungan kekerabatannya dengan spesies negara lain untuk mencari kemungkinan sumber infeksi.

Metode: Sebanyak 108 sampel klinis digunakan dalam penelitian ini. Teknik kultur dilakukan untuk mendeteksi 3 *Corynebacterium* patogenik, sedangkan realtime PCR hanya dirancang untuk mendeteksi *C. ulcerans* dan *C. pseudotuberculosis*. Pengujian inhibitor, sensitifitas, dan spesifisitas dilakukan pada tahap optimasi. Karakterisasi *C. diphtheriae* dilakukan dengan metode sekuensing menggunakan gen rpoB parsial pada kultur sampel klinis.

Hasil: Limit deteksi real-time PCR untuk *C. ulcerans* dan *C. pseudotuberculosis* secara berurutan sebanyak 4,49 dan 1,06 DNA copy number. Uji spesifisitas terhadap 18 mikroorganisme menunjukkan tidak terdapat reaksi silang. Pengujian terhadap 108 sampel klinis memberikan hasil yang sama dengan kultur, tidak ditemukan *C. ulcerans* dan *C. pseudotuberculosis*. Pada kultur sampel klinis ditemukan *C. diphtheriae* sebanyak 10 sampel (9,26%), yang dapat dikelompokkan menjadi 4 clade yaitu clade I, III, IV dan V dengan similaritas 99,2 % sampai 99,7%.

Kesimpulan: Kasus suspek difteri dalam studi ini tidak berkaitan dengan infeksi *C. ulcerans* dan *C. pseudotuberculosis*, dan hanya positif *C. diphtheriae*. Hasil karakterisasi gen rpoB pada *C. diphtheriae*, memperlihatkan hubungan kekerabatan dengan beberapa negara.

.....Background: Pathogenicity of *Corynebacterium* in diphtheria infection is closely related to toxin production. Indonesia is the second highest country in the world that has the most diphtheria cases with 1,665 cases and 29 deaths in 2018. Diphtheria toxin can be produced by 3 species, such as *C. diphtheriae*, *C. ulcerans* and *C. pseudotuberculosis* which are difficult to distinguish microscopically and culture, therefore molecular detection is needed to differentiate them. Characterization of *C. diphtheriae* as the main causative species, is needed to determine its relationship with other countries to find possible source of infection.

Method: A total of 108 clinical samples were used in this study. Culture techniques were performed to detect 3 pathogenic *Corynebacterium* and real-time PCR was only designed to detect *C. ulcerans* and *C. pseudotuberculosis*. Inhibitor, sensitivity and specificity testing were carried out at the optimization stage. Characterization of *C. diphtheriae* from culture of clinical samples, was carried out by sequencing method using partial rpoB genes.

Result: The real-time PCR detection limits for *C. ulcerans* and *C. pseudotuberculosis* were 4.49 and 1.06

DNA copy number, respectively. Specificity test for 18 microorganism showed no cross reaction. Tested on 108 clinical samples gave the same results as culture, there were not found *C. ulcerans* and *C. pseudotuberculosis*. In clinical culture samples found 10 (9.26%) *C. diphtheriae*, which can be grouped into 4 clades namely clades I, III, IV and V with similarities of 99.2% to 99.7%.

Conclusion: Suspected diphtheria cases in this study were not related to *C. ulcerans* and *C. pseudotuberculosis* infections, and were only positive for *C. diphtheriae*. The results of the *rpoB* gene characterization test on *C. diphtheriae* showed a close relationship with several countries.