

Analisis molekuler gen ERG2 dan ERG11 penyandi resistansi Amfoterisin B pada *Candida haemulonii* yang diisolasi dari ruang rawat intensif = Molecular analysis of the ERG2 and ERG11 genes encoding Amphotericin B resistance in *Candida haemulonii* isolated from the intensive care unit

Rifdah Hanifah, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920519176&lokasi=lokal>

Abstrak

Amfoterisin B merupakan antijamur berspektrum luas yang digunakan untuk terapi kandidiasis invasif. *Candida haemulonii* merupakan salah satu species *Candida* yang dapat menyebabkan kandidiasis yang dapat menyebabkan tingginya angka morbiditas dan mortalitas, terutama di Intensive Care Unit (ICU). Beberapa isolat *C. haemulonii* yang diisolasi dari pasien menunjukkan resistansi terhadap Amfoterisin B yang diduga disandi oleh gen ERG2 dan ERG11, namun isolat yang diisolasi dari lingkungan ICU belum dilaporkan. Tujuan penelitian ini menganalisis gen ERG2 dan ERG11 penyandi resistansi Amfoterisin B pada *Candida haemulonii* yang diisolasi dari ruang rawat intensif. Dilakukan uji identifikasi dan uji kepekaan terhadap enam sampel yang berasal dari keran ICU rumah sakit menggunakan VITEK 2. Selanjutnya dilakukan analisis sekuensing dengan metode Sanger dan analisis filogenetik menggunakan metode Neighbor-Joining. Berdasarkan hasil uji homologi, sekuens gen ERG2 dan ERG11 pada keenam sampel *C. haemulonii* menunjukkan similaritas 100% dengan sekuens referensi *C. haemulonii* resistan terhadap Amfoterisin B yang diisolasi dari pasien di Israel dan hasil filogenetik menunjukkan semua sampel berada pada satu clade yang sama. Tidak dapat disimpulkan kemungkinan terdapatnya mutasi yang dikode oleh gen ERG2 dan ERG11 pada isolat yang diteliti, oleh karena tidak tersedianya data sekuens *C. haemulonii* yang peka terhadap Amfoterisin B pada pangkalan data GenBank.

.....Amphotericin B is a broad-spectrum antifungal that is commonly used for the treatment of invasive candidiasis. *Candida haemulonii* can cause invasive candidiasis and high morbidity and mortality rates, especially in the intensive care unit (ICU). While many *C. haemulonii* isolates derived from patients have resistance to Amphotericin B, which is thought encoded by ERG2 and ERG11, isolates from the hospital environment have not been widely reported. This study aimed to analyze the ERG2 and ERG11 genes encoding amphotericin B resistance in *C. haemulonii* isolated from the intensive care unit. VITEK2 was used to conduct identification and susceptibility tests on six samples obtained from taps in the ICU. Sequencing and phylogenetic analysis were conducted using Sanger and neighbor-joining methods, respectively. The results of the homology test, the ERG2 and ERG11 gene sequences in the six *C. haemulonii* samples showed 100% similarity with the reference sequences of *C. haemulonii* resistant to Amphotericin B isolated from patients in Israel. Furthermore, the phylogenetic results showed that all samples belonged to the same clade. We cannot conclude whether there is any mutation encoded by ERG2 and ERG11 in our isolates under study since no Amphotericin B susceptible sequences of *C. haemulonii* are available on the GenBank database