

Analisis Profil Mutasi Gen pada Operon Rpo Mycobacterium Tuberculosis yang Resisten Rifampisin Menggunakan Next Generation Sequencing = Profile Analysis of Rpo Operon Gene Mutation in Rifampicin Resistant Mycobacterium Tuberculosis Using Next Generation Sequencing

Melya Puspitasari, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920529040&lokasi=lokal>

Abstrak

Tuberkulosis merupakan penyakit yang masih menjadi masalah utama kesehatan bagi masyarakat di Indonesia. Berdasarkan Global TB Report 2021, Asia Tenggara merupakan wilayah dengan beban Tb paling tinggi dan Indonesia menyumbang sekitar 8% dari keseluruhan beban Tb didunia. Namun pasien Tb yang berhasil ditemukan, diobati dan dilaporkan kedalam sistem informasi nasional hanya sekitar 48%. Tb yang resisten terhadap obat terus menjadi ancaman kesehatan manusia. Resistensi terhadap obat anti tuberkulosis bisa terjadi akibat infeksi primer dengan bakteri Tb resisten atau bisa disebabkan oleh pengobatan yang tidak adekuat, sehingga muncul strain yang resisten akibat adanya perubahan atau mutasi pada gen-gen tertentu dalam genom Mycobacterium tuberculosis. Saat ini sudah banyak teknologi dan metode yang digunakan untuk mendeteksi resistensi terhadap obat anti tuberkulosis. Salah satunya adalah Next Generation Sequencing. Next Generation Sequencing merupakan teknologi sekuensing akurat, hemat biaya dan throughput tinggi yang memungkinkan penyelidikan genom termasuk Whole Genome Sequencing untuk studi epidemiologi dan untuk mendeteksi penanda resistensi obat dan keragaman strain. Analisis Whole Genome Sequencing dapat digunakan untuk mendeteksi resistensi terhadap obat anti tuberkulosis lini pertama yang sangat menjanjikan sebagai pengganti uji kepekaan obat konvensional. Hasil dari analisis Whole Genome Sequencing pada Mycobacterium tuberculosis yang resisten rifampisin menunjukkan adanya mutasi-mutasi yang ada pada wilayah operon Rpo terutama pada gen RpoB dan RpoC. Mutasi yang paling dominan pada gen RpoB adalah perubahan S450L (36,45%) dan pada gen RpoC adalah G594E (30,95%). Dan analisis whole genome sequencing juga menunjukkan adanya mutasi baru yang berbeda dengan mutasi-mutasi yang ada berdasarkan penelitian sebelumnya.

.....Tuberculosis is a disease that is still a major health problem for people in Indonesia. Based on the Global TB Report 2021, Southeast Asia is the region with the highest burden of TB and Indonesia produces around 8% of the total burden of TB in the world. However, only about 48% of TB patients who have been found, treated and reported to the national information system. Drugresistant TB continues to be a threat to human health. Resistance to anti-tuberculosis drugs can occur as a result of primary infection with resistant TB bacteria or can be caused by inadequate treatment, resulting in the emergence of resistant strains due to the presence or mutations in certain genes in the genome of Mycobacterium tuberculosis. Currently there are many technologies and methods used to detect resistance to anti-tuberculosis drugs. One of them is Next Generation Sequencing. Next Generation Sequencing is an accurate, cost-effective and highthroughput sequencing technology that enables genomic investigations including Whole Genome Sequencing to study epidemiology and to detect markers of drug resistance and strain diversity. Whole Genome Sequencing analysis can be used to detect resistance to first-line anti-tuberculosis drugs which are very promising as a substitute for conventional drug sensitivity tests. The results of Whole Genome Sequencing analysis on

rifampicin-resistant *Mycobacterium tuberculosis* showed that there were mutations in the Rpo operon region, especially in the RpoB and RpoC genes. The most dominant mutation in the RpoB gene was the change in S450L (36.45%) and in the RpoC gene was G594E (30.95%).