

Karakterisasi Molekuler Gen blaCTX-M, blaSHV, blaTEM isolat Klinik Klebsiella Pneumoniae Resistan Seftriakson = Molecular Characterization Of blaCTX-M, blaSHV, blaTEM Genes in Ceftriaxone Resistant Clinical Isolates of Klebsiella Pneumoniae

Yulia Engel, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920549361&lokasi=lokal>

Abstrak

World Health Organization (WHO) menetapkan bakteri ESKAPE (Enterococcus faecium, Staphylococcus aureus, Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii, Pseudomonas aeruginosa, dan Enterobacter spp.) sebagai patogen prioritas untuk dapat ditangani secara tepat terkait tingginya tingkat resistansi antibiotik yang dimiliki. Seftriakson merupakan antibiotik golongan sefalosporin yang bekerja menghambat sintesis dinding sel bakteri dan merupakan antibiotik pilihan terakhir dalam menangani infeksi K. pneumoniae. Resistansi seftriakson pada K. pneumoniae telah banyak dilaporkan dan salah satu penyebabnya adalah diproduksi enzim -laktamase yang dikode oleh gen blaCTX-M, blaSHV dan blaTEM. Dalam penelitian ini, dilakukan karakterisasi gen gen blaCTX-M, blaSHV dan blaTEM pada 12 isolat klinis K. pneumoniae dan menganalisis kesesuaiannya dengan sifat fenotipnya terhadap seftriakson. Dari hasil penelitian diperoleh bahwa gen blaCTX-M dan blaTEM terdeteksi pada 11 isolat (91,67%) dan blaSHV terdeteksi pada 9 isolat (75%), dengan kombinasi terdeteksinya 3 gen ditemukan pada 8 isolat (66,67%) dengan nilai MIC resistan > 64 g/mL yang lebih tinggi dibandingkan dengan isolat yang hanya memiliki kombinasi 2 gen saja (blaCTX-M dan blaTEM atau blaTEM dan blaSHV). Tipe TEM-1 (100%), CTX-M-15 (91,67%), SHV-1 (33,33%) dan SHV-28 (33,33%) merupakan tipe gen bla yang paling banyak ditemukan. Keseluruhan gen juga menunjukkan adanya perubahan asam amino dibandingkan dengan isolat standar dimana perubahan ini menurunkan jumlah ikatan hidrogen dan meningkatkan energi bebas Gibbs sehingga menurunkan afinitas molekul enzim -laktamase yang dikode oleh antibiotik seftriakson.

.....The World Health Organization (WHO) has identified ESKAPE bacteria (Enterococcus faecium, Staphylococcus aureus, Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii, Pseudomonas aeruginosa, and Enterobacter) as priority pathogens due to their high levels of antibiotic resistance. Ceftriaxone, a cephalosporin antibiotic, inhibits bacterial cell wall synthesis and is considered a last-resort antibiotic for treating K. pneumoniae infections. Resistance to ceftriaxone in K. pneumoniae has been widely reported, with one of the causes being the production of -lactamase enzymes encoded by blaCTX-M, blaSHV, and blaTEM genes. In this study, we characterized the blaCTX-M, blaSHV, and blaTEM genes in 12 clinical isolates of K. pneumoniae and analyzed their relation with phenotypic resistance to ceftriaxone. Our findings revealed that blaCTX-M and blaTEM genes were detected in 11 isolates (91.67%), while blaSHV was detected in 9 isolates (75%). The combination of all three genes was found in 8 isolates (66.67%), exhibiting higher MIC values > 64 g/mL compared to isolates with only two gene combinations (blaCTX-M and blaTEM, or blaTEM and blaSHV). The predominant gene types identified were TEM-1 (100%), CTX-M-15 (91.67%), SHV-1 (33.33%), and SHV-28 (33.33%). Furthermore, amino acid changes were observed in all genes compared to standard isolates. These changes reduced hydrogen bonding and increased Gibbs free energy, thereby decreasing the enzyme affinity for ceftriaxone molecules encoded by -lactamase.