

Karakterisasi Fenotipik dan Genotipik Pola Kepekaan Antibiotik Pada *Escherichia coli* Penyebab Bloodstream Infection = Phenotypic and Genotypic Characterization of Antibiotic Susceptibility Patterns in *Escherichia coli* Causing Bloodstream Infections

Lany Stevina, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920550002&lokasi=lokal>

Abstrak

Extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* (ExPeC) merupakan bakteri dengan presentase sekitar 17% - 37% dari total bakteri yang diisolasi dari pasien dengan Bloodstream Infection (BSI) secara global. Kemampuan bakteri ini dalam mengembangkan resistensi terhadap antibiotik menyebabkan masalah serius. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keterkaitan antara profil fenotipik dan genotipik pada isolat *Escherichia coli* (*E. coli*) penyebab BSI. Isolasi bakteri *E. coli* penyebab BSI dan isolasi DNA dilakukan pada 11 isolat tersimpan asal LMK FKUI dan 2 isolat asal BB Binomika, Jakarta. Penelitian ini dilakukan dengan menggunakan Vitek 2 compact untuk analisis profil fenotipik dan juga menggunakan metode Whole Genome Sequencing (WGS) untuk mengkarakterisasi secara genotipik bakteri *E. coli*. Berdasarkan data fenotipik yang diperoleh menggunakan VITEK-2, resistensi tertinggi isolat dalam penelitian ini secara berturut-turut terdapat pada antibiotik ampicilin (53,8%), siprofloksasin (46,2%), dan seftriakson (38,5%). Identifikasi gen resistensi untuk ampicilin, seftriakson, dan siprofloksasin juga telah berhasil diidentifikasi melalui teknik WGS. Beberapa gen yang dikaitkan dengan resistensi terhadap ampicilin adalah blaTEM 1-B dan variannya seperti blaTEM-116, blaTEM-141, dan blaTEM-206. Gen blaTEM-1B merupakan gen yang mendominasi pada mekanisme resistensi betalaktam (30,76%), diikuti oleh gen blaCTX-M-55 (15,35%). Sedangkan mekanisme resistensi pada fluorokuinolon banyak dimediasi oleh adanya mutasi pada target antibiotik, seperti mutasi pada gyrA, parC, dan AcrAB-TolC. Isolat selanjutnya dikelompokkan menggunakan skema Achtman dalam 12 ST yang berbeda yaitu ST73, 117, 10, 410, 83, 169, 95, 1844, 101, 457, 744 dan ST 127. Terdapat kesesuaian antara resistensi fenotipik dan resistensi genotipik terhadap antibiotik betalaktam pada isolat *E. coli* yang diteliti, dimana gen resistensi terdeteksi pada seluruh isolat yang resisten betalaktam secara fenotipik.

.....Extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* (ExPEC) accounts for approximately 17% - 37% of the total bacteria isolated from patients with bloodstream infections (BSI) globally. The ability of these bacteria to develop resistance to antibiotics poses serious problems. This study aims to analyze the relationship between phenotypic and genotypic profiles in *Escherichia coli* (*E. coli*) isolates causing BSI. Isolation of *E. coli* causing BSI and DNA isolation were carried out on 11 stored isolates from LMK FKUI and 2 isolates from BB Binomika, Jakarta. This study was conducted using the Vitek 2 compact system for phenotypic profile analysis and the Whole Genome Sequencing (WGS) method to characterize the genotypic profiles of *E. coli*. Based on the phenotypic data obtained using VITEK-2, the highest resistance among isolates in this study was observed for ampicillin (53.8%), ciprofloxacin (46.2%), and ceftriaxone (38.5%). Resistance genes for ampicillin, ceftriaxone, and ciprofloxacin were successfully identified through the WGS technique. Some of the genes associated with resistance to ampicillin include blaTEM-1B and its variants such as blaTEM-116, blaTEM-141, and blaTEM-206. The blaTEM-1B gene is predominant in the betalactam resistance mechanism (30.76%), followed by the blaCTX-M-55 gene (15.35%). Resistance to fluoroquinolones is

primarily mediated by mutations in antibiotic targets, such as mutations in *gyrA*, *parC*, and *AcrAB-TolC*. Isolates were further grouped using the Achtman scheme into 12 different STs, including ST73, 117, 10, 410, 83, 169, 95, 1844, 101, 457, 744, and ST127. There was concordance between phenotypic resistance and genotypic resistance to betalactam antibiotics in the *E. coli* isolates studied, where resistance genes were detected in all isolates that were phenotypically betalactam-resistant.