

**OCCURRENCE OF FLUOROQUINOLONE-RESISTANCE GENES
AMONG *E. coli* ISOLATES COLLECTED FROM AKAGAWA WATER
SYSTEM IN YAMAGATA, JAPAN**

ABSTRACT

By:

ANGELINE ODILIA

19/444173/TP/12550

The extensive usage of antibiotics might alter the susceptibility of bacteria to antimicrobial agents in the environment. This study aims to detect the occurrence of quinolone resistance-determining regions (QRDRs) and plasmid-mediated quinolone resistance (PMQR) genes among *E. coli* isolates collected from Akagawa Water System in Yamagata Prefecture and to understand their resistance patterns.

River water was sampled once a month from April 2021 to March 2022. The occurrence of fluoroquinolone resistance genes was examined by qualitative PCR assay and the susceptibility of *Escherichia coli* (*E. coli*) to antimicrobial agents was determined by antibiotic susceptibility test.

The results revealed that among the 653 isolates included in this study, 5.82% isolates were confirmed to harbored at least one of six PMQR genes, with *qnrS* was the most prevalent genes and *qnrC* was not found in all isolates. The QRDRs of *gyrA* was detected in most isolates (94.49%) while *parC* was not detected in all isolates. Fluoroquinolone-resistant *E. coli* were also found. In this study, 13 strains showed resistance to ciprofloxacin (CPFX) and 12 strains showed resistance to levofloxacin (LVFX). Sequencing is needed to determine the mutations in QRDRs and further analysis is required to investigate the other mechanisms of fluoroquinolone resistance.

Keywords: Fluoroquinolones, *Escherichia coli*, plasmid-mediated quinolone resistance, quinolone resistance-determining regions

**KEMUNCULAN GEN YANG RESISTEN TERHADAP
FLUOROQUINOLONE PADA ISOLAT *E. coli* YANG DIKUMPULKAN
DARI AKAGAWA WATER SYSTEM DI YAMAGATA, JEPANG**

INTISARI

Oleh:

ANGELINE ODILIA

19/444173/TP/12550

Penggunaan antibiotik secara ekstensif dapat membuat bakteri yang ada di lingkungan menjadi resisten terhadap antibiotik. Penelitian ini bertujuan untuk mendeteksi gen yang mengkode daerah penentu resistensi terhadap quinolone (QRDR) dan gen penyebab resistensi terhadap quinolone yang dimediasi oleh plasmid (PMQR) pada *E. coli* yang diisolasi dari Sungai Akagawa di Prefektur Yamagata dan untuk mengetahui profil resistensinya.

Pengambilan sampel air sungai dilakukan sekali sebulan dari April 2021 hingga Maret 2022. Kemunculan gen penyebab resistensi quinolone dideteksi dengan analisis PCR secara kualitatif dan kepekaan *Escherichia coli* (*E. coli*) terhadap antibiotik ditentukan menggunakan uji kepekaan antibiotik.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa dari 653 isolat yang diteliti, 5.82% terkonfirmasi memiliki setidaknya satu dari enam gen penyebab resistensi terhadap quinolone, dengan *qnrS* adalah gen yang paling banyak ditemukan, dan *qnrC* tidak terdeteksi di seluruh isolat. Daerah penentu resistensi *gyrA* terdeteksi pada hampir seluruh isolat (94.49%), sedangkan *parC* tidak terdeteksi di seluruh isolat. *E. coli* yang resisten terhadap fluoroquinolone juga dideteksi. Pada penelitian ini, 13 strain menunjukkan resistensi terhadap ciprofloxacin (CPFX) dan 12 strain menunjukkan resistensi terhadap levofloxacin (LVFX). Sekuensi dibutuhkan untuk menentukan mutasi pada daerah penentu resistensi dan analisis lanjutan diperlukan untuk menginvestigasi mekanisme resistensi terhadap fluoroquinolone lainnya.

Kata kunci: Fluoroquinolone, *Escherichia coli*, gen penyebab resistensi