

INTISARI

ANALISIS GENOMIK SEKUEN PENGKODE *ANTIMICROBIAL RESISTANCE GENES* PADA ISOLAT KLINIS *Klebsiella pneumoniae* MDR PENYEBAB INFEKSI SALURAN KEMIH

Safriil

23/513564/PBI/01931

Klebsiella pneumoniae MDR merupakan salah satu patogen klinis penyebab infeksi saluran kemih yang masih menjadi ancaman serius bagi kesehatan secara global. Bakteri ini dapat mengembangkan kemampuan resistensi terhadap berbagai macam jenis antibiotik, sehingga penanganannya masih cukup sulit ditangani hingga saat ini. Kemampuan resistensi yang dimilikinya disebabkan oleh keberadaan *antimicrobial resistance genes* yang dapat dianalisis dengan pendekatan genomik untuk mempelajari dan memahami kemampuan resistensinya terhadap berbagai jenis antibiotik. Penelitian ini bertujuan untuk mendeteksi dan menganalisis *antimicrobial resistance genes* pada isolat klinis *K. pneumoniae* guna mengetahui kemampuan resistensinya terhadap berbagai jenis antibiotik. Penelitian ini menggunakan teknik *whole genome sequencing* menggunakan platform Oxford Nanopore Technology untuk mendapatkan data *whole genome sequence* dari isolat klinis *K. pneumoniae*. Identifikasi dan visualisasi *antimicrobial resistance genes* dilakukan dengan teknik analisis bioinformatika menggunakan UseGalaxy dan Proksee. Hasil analisis menunjukkan adanya *antimicrobial resistant genes* yang terletak pada plasmid dan kromosom. *Antimicrobial resistance genes* yang terdeteksi pada plasmid yaitu blaCTX-M-55 yang terkait dengan resistensi terhadap *amoxicillin*, *ampicillin*, *aztreonam*, *cefepime*, *cefotaxime*, *ceftazidime*, *piperacillin* dan *ticarcillin*, blaTEM-1B resistensi terhadap *amoxicillin*, *ampicillin*, *cephalothin*, *piperacillin* dan *ticarcillin*, ant(3'')-Ia resistensi terhadap *streptomycin*, lnu(F) resistensi terhadap *lincomycin*, aac(3)-IIId resistensi terhadap *gentamicin* dan *tobramycin* dan qnrS1 resistensi terhadap *ciprofloxacin*, sedangkan *antimicrobial resistance genes* yang terletak pada kromosom yaitu oqxA dan oqxB terkait dengan resistensi terhadap antibiotik *nalidixic acid* dan *ciprofloxacin*, fosA6 resistensi terhadap *fosfomycin* dan blaSHV-145 yang tidak terdeteksi kemampuan resistensinya.

Kata Kunci: ISK, *K. pneumoniae*, MDR, Genomik, Antibiotik.

ABSTRACT

GENOMIC ANALYSIS OF ANTIMICROBIAL RESISTANCE GENES ENCODING SEQUENCES IN CLINICAL MDR *Klebsiella pneumoniae* ISOLATE CAUSING URINARY TRACT INFECTIONS

Safiril

23/513564/PBI/01931

MDR *Klebsiella pneumoniae* is one of the clinical pathogens that cause urinary tract infections that are still a serious threat to health globally. This bacterium can develop resistance to various types of antibiotics, so its treatment is still quite difficult to handle to date. The resistance ability is caused by the presence of antimicrobial resistance genes that can be analyzed with a genomic approach to study and understand its resistance to various types of antibiotics. Research This study aims to detect and analyze antimicrobial resistant genes in *K. pneumoniae* clinical isolates to determine the ability to resist various types of antibiotics. resistance to various types of antibiotics. This study used whole genome technique sequencing technique using Oxford Nanopore Technology platform to obtain whole genome sequence data from *K. pneumoniae* clinical isolates. Identification and visualization of antimicrobial resistance genes were carried out by using the bioinformatics analysis techniques using UseGalaxy and Proksee. Analysis results showed the presence of antimicrobial resistance genes located on plasmids and chromosomes. Antimicrobial resistance genes detected on plasmids are blaCTX-M-55, which is associated with resistance to amoxicillin, ampicillin, aztreonam, cefepime, cefotaxime, ceftazidime, piperacillin, and ticarcillin; blaTEM-1B resistance to amoxicillin, ampicillin, cephalothin, piperacillin, and ticarcillin; ant(3'')-Ia resistance to streptomycin; lnu(F) resistance to lincomycin; aac(3)-IId resistance to gentamicin and tobramycin; and qnrS1 resistance to ciprofloxacin. to ciprofloxacin, while ARGs located on chromosomes, namely, oqxA and oqxB, are associated with resistance to antibiotics nalidixic acid and ciprofloxacin, fosA6 resistance to fosfomycin, and blaSHV-145, which has no detectable resistance ability.

Keywords: UTI, *K. pneumoniae*, MDR, Genomics, Antibiotics