

Analisis Keberadaan Gen Resistensi Antibiotik blaCTX-M Pada Bakteri Escherichia coli di Hilir Sungai Bekasi Menggunakan Metode Polymerase Chain Reaction = Analysis of the Existence of the blaCTX-M Antibiotic Resistance Gene in Escherichia coli Bacteria in the Downstream Bekasi River Using the Polymerase Chain Reaction Method

Lathifah Hana Gusti, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920525904&lokasi=lokal>

Abstrak

Antimicrobial Resistance (AMR) menyebabkan penurunan efektivitas pengobatan dan dapat dideteksi dengan keberadaan Antibiotic Resistance Genes (ARG) seperti bla_{CTX-M} yang paling banyak ditemukan dan memberikan resistansi terhadap antibiotik sefotaksim. Hingga saat ini, belum ada penelitian yang bertujuan untuk mendeteksi keberadaan gen bla_{CTX-M} pada Sungai Bekasi. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis konsentrasi bakteri Escherichia coli non-selektif dan resistan pada hilir Sungai Bekasi, menganalisis keberadaan ARG bla_{CTX-M} pada bakteri E. coli tersebut, serta memberikan rekomendasi lokasi sampling bakteri E. coli untuk mendeteksi AMR. Metode Polymerase Chain Reaction pada penelitian ini digunakan untuk mengamplifikasi DNA dan dilanjutkan dengan elektroforesis untuk pembacaan ukuran DNA. Berdasarkan hasil penelitian, hilir Sungai Bekasi memiliki rata-rata konsentrasi bakteri E. coli non-selektif sebesar 261 CFU/mL dengan titik sampling 1/3 dari pinggir sungai dan sebesar 207 CFU/mL dengan titik sampling di pinggir sungai. Sedangkan, rata-rata konsentrasi bakteri E. coli resistansi antibiotik sefotaksim sebesar 26 CFU/mL dengan titik sampling 1/3 dari pinggir sungai dan sebesar 20 CFU/mL dengan titik sampling di pinggir sungai. Rasio perbandingan bakteri E. coli resisten antibiotik dengan bakteri E. coli non-selektif adalah 9,78% dengan titik sampling 1/3 dari pinggir sungai dan 9,27% dengan titik sampling di pinggir sungai. Hasil penelitian mendapatkan bahwa adanya keberadaan gen resistansi antibiotik bla_{CTX-M} pada hilir Sungai Bekasi sebanyak 80% dari sampel yang diambil. Dimana gen yang mendominasi adalah CTX-M grup 1 yang beranggotakan gen CTX-M-1, CTX-M-3, dan CTX-M-15. Hasil penelitian juga menunjukkan bahwa sampel dari pinggir sungai memiliki hasil yang lebih homogen dan lebih mudah untuk dilakukan.

.....

Antimicrobial Resistance (AMR) causes a decrease in the effectiveness of treatment and can be detected by the presence of Antibiotic Resistance Genes (ARG) such as bla_{CTX-M} which is the most commonly found and provides resistance to the antibiotic cefotaxime. Until now, there has been no research aimed at detecting the presence of the bla_{CTX-M} gene in the Bekasi River. This study aims to analyze the concentration of non-selective and resistant Escherichia coli bacteria at downstream of the Bekasi River, analyze the presence of ARG bla_{CTX-M} in the E. coli bacteria, and provide recommendations for sampling locations for E. coli bacteria to detect AMR. The Polymerase Chain Reaction method in this study was used

to amplify DNA and was followed by electrophoresis to read the size of the DNA. Based on the research results, the downstream Bekasi River has an average concentration of non-selective *E. coli* bacteria of 261 CFU/mL with a sampling point 1/3 from the riverbank and 207 CFU/mL with a sampling point on the riverbank. Meanwhile, the average concentration of cefotaxime-resistant *E. coli* bacteria was 26 CFU/mL with a sampling point of 1/3 from the riverbank and 20 CFU/mL with a sampling point on the riverbank. The ratio of antibiotic resistant *E. coli* bacteria to non-selective *E. coli* bacteria was 9.78% with a sampling point of 1/3 from the riverbank and 9.27% with a sampling point on the riverbank. The results of the study found that the presence of the *bla*_{CTX-M} antibiotic resistance gene in the downstream of the Bekasi River was as much as 80% of the samples taken. Where the dominant gene was CTX-M group 1 consisting of the CTX-M-1, CTX-M-3, and CTX-M-15. The results of the study also shown that samples from the riverbank have more homogeneous results and are easier to carry out.