

## RINGKASAN

### IDENTIFIKASI *GENOTYPE Salmonella typhi* DARI ISOLAT BEBERAPA DAERAH DI INDONESIA BERDASARKAN FILOGENI

Wiwik Purwanti

Demam tifoid merupakan infeksi sistemik yang disebabkan oleh bakteri patogen, khususnya *Salmonella enterica serovar typhi*. Demam tifoid hingga saat ini masih merupakan endemik di banyak wilayah di Asia, Afrika, dan Amerika Selatan. Angka kematian yang tinggi mendekati 20% di banyak negara endemik akibat pengobatan yang tertunda atau tidak tepat. Penegakan diagnosis yang tepat dapat menentukan pemberian pengobatan yang tepat sehingga diharapkan dapat mengedalikan penyakit infeksi oleh *Salmonella typhi* ini. Identifikasi mikroorganisme baik strain maupun *genotype* dapat dilakukan secara lebih akurat menggunakan metode molekular. Kontrol yang digunakan sebagai standar *Salmonella typhi* 16S rRNA (Z47554) dari *Gen Bank* NCBI.

Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi *genotype Salmonella typhi* dari isolat beberapa daerah di Indonesia berdasarkan filogeni untuk mengetahui pola penyebaran strain sehingga dapat diketahui strategi diagnosis demam tifoid secara tepat dan akurat. Dasar pemetaan *genotype Salmonella typhi* di Indonesia ini untuk mengungkap keanekaragaman strain *S.typhi* yang berasal dari isolat beberapa daerah di Indonesia.

Jenis penelitian ini adalah penelitian *observasional deskriptif* dengan pendekatan epidemiologi molekular. Rancangan penelitian yang digunakan *cross sectional*. Sampel penelitian adalah isolat *S. typhi* yang berasal dari beberapa

daerah di Indonesia. Besar sampel adalah sebanyak 15 isolat. Semua isolat dari beberapa daerah tersebut setelah dipastikan positif dengan mikrobiologi kemudian isolat dilakukan ekstraksi DNA dengan Presto™ Mini gDNA Bacteria Kit selanjutnya amplifikasi DNA menggunakan 3 pasang primer spesifik dengan kit *green taq mix* PCR dengan *loading dye*. Hasil *mix* tersebut dimasukkan ke dalam *thermal cycle* dengan program sebagai berikut : pradenaturasi pada 94°C selama 1 menit, denaturasi pada 94°C selama 30 detik, annealing pada 55° C selama 30 detik, elongasi/ekstensi pada 72°C selama 45 detik. *Post extension*/perpanjangan terakhir pada 72°C selama 10 menit untuk memberi kesempatan proses elongasi berjalan dengan sempurna. Siklus 35 kali. Hasil PCR kemudian di running dengan gel agarose 2% untuk mengetahui keberhasilan dari PCR tersebut dengan voltase 50 volt selama 50 menit. Hasil running diamati dengan menggunakan alat gel doc di bawah sinar UV dan didokumentasi. Produk PCR divisualisasi pada gel agarosa, dipurifikasi, dilabel dan di sekuensing. *Genotype S.typhi* pada 15 isolat dari beberapa daerah di Indonesia diidentifikasi berdasarkan sekuens gen 16S rRNA. Urutan basa sekuens gen 16S rRNA dianalisis bersama dengan sekuens 16S rRNA *S.typhi* dan perwakilan famili Enterobacteriaceae adalah *E.coli* yang diperoleh dari database NCBI menggunakan program Clustal W. Pohon filogeni dikonstruksi menggunakan program Mega 6.0 sedangkan homologi dan perbedaan nukleotida dianalisis dengan program Bioedit. Hasil penelitian menunjukkan bahwa terdapat kemiripan diantara isolat *S.typhi* berkisar antara 98,0 – 99,6%. Analisis filogeni menunjukkan bahwa semua isolat membentuk pusat keanekaragaman baru dengan *S.typhi* 16S rRNA (Z47554). Hasil kepekaan terhadap antibiotika menunjukkan bahwa 8 (53,3%) isolat *S.typhi* resisten

terhadap *Ampicillin*. Kesimpulan bahwa ternyata ada 2 *clade* walaupun semua isolat termasuk dalam satu *clade genotype* yang sama dengan *S.typhi* tetapi tetap ada keanekaragaman dalam kelompok. Perbedaan dalam 2 *clade* ini dapat dijadikan sebagai uji pendahuluan untuk pengembangan kit diagnostik *S.typhi*.

