

ABSTRAK**PERBANDINGAN KELOMPOK FILOGENETIK BAKTERI *Escherichia coli* EXTENDED SPECTRUM β -LACTAMASE PADA ISOLAT KOMUNITAS DAN PATOGEN DI RSUD Dr. SOETOMO SURABAYA****Umi Salamah**

Latar belakang: *Escherichia coli* merupakan bagian dari flora normal pada usus baik pada manusia maupun hewan. Pada manusia strain *Escherichia coli* dapat diklasifikasikan menjadi 3 kelompok utama: yaitu strain komensal, strain patogen intestinal dan strain patogen ekstraintestinal. Strain *Escherichia coli* terbagi kedalam 4 kelompok filogenetik mayor (A, B1, B2 dan D), dimana strain ekstraintestinal yang virulen utamanya masuk kedalam kelompok filogenetik B2 dan pada tingkat yang lebih rendah masuk dalam kelompok D. Sedangkan strain komensal yang hidup dalam sistem gastrointestinal (strain non patogen) sebagian besar masuk kedalam kelompok A dan B1.

Metode penelitian: Penelitian ini merupakan penelitian observasional analitik dengan pendekatan *cross sectional*. Sampel penelitian sebanyak 102 isolat yang terdiri dari 48 isolat patogen yang dikumpulkan selama periode Mei – Juli 2019 dan 54 isolat komunitas yang berasal dari stok kuman *Escherichia coli* ESBL yang tersimpan di Unit Mikrobiologi Klinik RSUD Dr. Soetomo. Sampel yang terkumpul ditanam pada media selektif Mac Conkey Agar. Isolat patogen dan komunitas yang terdeteksi *Escherichia coli* ESBL selanjutnya dilakukan pemeriksaan molekuler untuk mendeteksi gen filogenetik menggunakan multiplex PCR dengan primer yang spesifik (*chuA*, *yjaA* dan *TspE4C2*).

Hasil: Dari isolat patogen ditemukan kelompok filogenetik A sebanyak 13 (27,1%), B1 sebanyak 3 (6,2%), B2 sebanyak 18 (37,5%) dan D sebanyak 14 (29,2%). Dari isolat komunitas ditemukan kelompok filogenetik A sebanyak 14 (25,9%), B1 sebanyak 16 (29,6%), B2 sebanyak 6 (11,1%) dan D sebanyak 18 (33,3%). Terdapat perbedaan bermakna antara isolat patogen dan isolat komunitas pada kelompok filogenetik B1 dan B2 ($p=0,002$) dan tidak ada perbedaan bermakna pada kelompok filogenetik A dan D antara isolat patogen dan komunitas ($p=0,895$ dan $p=0,651$).

Kesimpulan: Terdapat perbedaan bermakna pada kelompok filogenetik *Escherichia coli* ESBL antara isolat patogen di rumah sakit dan isolat komunitas, dimana kelompok A dan B1 ditemukan lebih banyak di komunitas dan kelompok B2 dan D lebih banyak ditemukan di rumah sakit.

Kata kunci : *Escherichia coli*, kelompok filogenetik, patogen, komunitas, multiplex PCR

ABSTRACT**COMPARATION OF PHYLOGENETIC GROUPS *Escherichia coli* EXTENDED SPECTRUM β -LACTAMASE BETWEEN COMMUNITY AND PATHOGENIC ISOLATES AT Dr. SOETOMO GENERAL HOSPITAL SURABAYA****Umi Salamah**

Background: *Escherichia coli* is a member of the normal intestinal microflora of humans and animals, In humans *Escherichia coli* strains can be broadly classified into 3 major groups: commensal strains, intestinal pathogenic strains and extraintestinal pathogenic strain. *Escherichia coli* strains divided to 4 main phylogenetic groups (A, B1, B2 and D), whereas extraintestinal virulent strains mainly belong to group B2 and lesser extend to Group D. And commensal strains that was living in gastrointestinal tract (non pathogenic strain) belong to group A and B1.

Methods: It was an analytical observasional study with *cross sectional* approach. Total samples are 102 isolates consist of 48 pathogenic isolates were collected during May – July 2019 and 54 community isolates from stock culture of *Escherichia coli* ESBL that was stored ini Clinical Microbiology Unit of Dr. Soetomo general hospital. Samples were inoculated in selective media Mac Conkey. The pathogenic and commensal isolates was detected *Escherichia coli* ESBL, then molecular examination is carried out to detect phylogenetic gene using technique based on multiplex PCR with specific primer (chuA, yjaA and TspE4c2).

Results: From pathogenic isolates the phylogenetic group A was 13 (27,1%), B1 was 3 (6,2%), B2 was 18 (37,5%), D was 14 (29,2%), and commensal isolates group A was 14 (25,9%), B1 was 16 (29,6%), B2 was 6 (11,1%) and D was 18 (33,3%). There were significantly different between pathogenic and commensal isolates in group B1 and B2 ($p=0,002$) but not significantly different in group A and D between pathogenic and commensal isolates ($p=0,895$ and $p=0,651$).

Conclusion: There were significantly different in phylogenetic group of *Escherichia coli* ESBL between pathogenic isolates in hospital and community isolates, whereas group A and B1 commonly found in community and group B2 and D commonly found in hospital.

Keywords : *Escherichia coli*, phylogenetic groups, pathogenic, community, multiplex PCR.