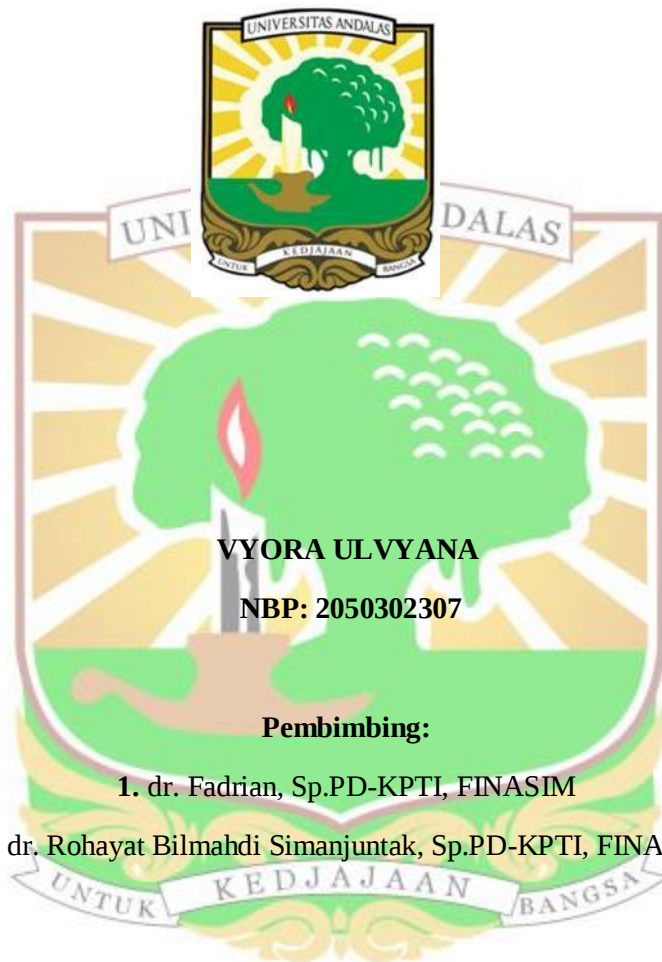


**HUBUNGAN GEN KARBAPENEMASE DENGAN SENSITIVITAS
ANTIBIOTIK DAN MORTALITAS PASIEN SEPSIS**



VYORA ULVYANA

NBP: 2050302307

Pembimbing:

1. dr. Fadrian, Sp.PD-KPTI, FINASIM
2. dr. Rohayat Bilmahdi Simanjuntak, Sp.PD-KPTI, FINASIM

**PROGRAM STUDI PENYAKIT DALAM PROGRAM SPESIALIS DEPARTEMEN
ILMU PENYAKIT DALAM
FAKULTAS KEDOKTERAN UNIVERSITAS ANDALAS RSUP DR. M. DJAMIL
PADANG
2025**

ABSTRAK

HUBUNGAN GEN KARBAPENEMASE DENGAN SENSITIVITAS ANTIBIOTIK DAN MORTALITAS PASIEN SEPSIS

Vyora Ulvyana, Fadrian*, Rohayat Bilmahdi Simanjuntak*

* Divisi Penyakit Tropik dan Infeksi, Departemen Ilmu Penyakit Dalam, Fakultas Kedokteran Universitas Andalas/ RSUP DR.M.Djamil Padang Indonesia

Pendahuluan: Sepsis yang disebabkan oleh *Carbapenem-Resistant Enterobacteriaceae* (CRE) merupakan ancaman kesehatan global dengan tingkat mortalitas yang tinggi. Mekanisme utama resistensi bakteri ini adalah produksi enzim karbapenemase, yang dikode oleh berbagai gen dengan distribusi berbeda pada tiap wilayah geografis. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui distribusi gen karbapenemase secara lokal serta hubungannya dengan sensitivitas antibiotik dan mortalitas pada pasien sepsis.

Metode: Penelitian kohort ini melibatkan 65 pasien sepsis dengan kultur positif *Klebsiella pneumoniae* atau *Escherichia coli* selama enam bulan di RSUP Dr. M. Djamil Padang. Identifikasi bakteri dan uji sensitivitas antibiotik dilakukan menggunakan sistem VITEK 2. Deteksi gen karbapenemase (blaKPC, blaOXA, blaNDM, blaVIM, blaIMP, dan blaGES) dilakukan dengan multiplex real-time PCR. Analisis statistik menggunakan uji Chi-Square atau Fisher's Exact untuk menilai hubungan antarvariabel.

Hasil: Angka mortalitas selama perawatan di rumah sakit mencapai 61,5%. Gen karbapenemase yang paling sering ditemukan adalah blaOXA (83,1%) dan blaNDM (58,5%). Gen blaVIM (10,8%) dan blaGES (4,6%) ditemukan pada sebagian kecil isolat, sedangkan blaKPC dan blaIMP tidak terdeteksi (0%). Tigecycline menunjukkan tingkat sensitivitas tertinggi (89,2%), sedangkan aztreonam dan siprofloksasin memiliki tingkat resistensi yang tinggi (83,1% dan 84,6%). Terdapat hubungan bermakna antara gen blaOXA dengan resistensi terhadap amikasin ($p=0,044$), serta gen blaNDM dengan resistensi terhadap meropenem ($p=0,003$). Namun, tidak ditemukan hubungan bermakna antara gen karbapenemase dengan mortalitas pasien. Analisis multivariat menunjukkan bahwa perawatan di ICU/HCU merupakan prediktor terkuat mortalitas ($OR=10,709$; $p=0,008$).

Conclusion: Epidemiologi gen karbapenemase di Sumatra Barat didominasi oleh blaOXA dan blaNDM, dengan ketiadaan gen blaKPC. Meskipun gen tertentu berhubungan dengan resistensi antibiotik spesifik, mortalitas pasien dalam penelitian ini lebih dipengaruhi oleh faktor klinis, seperti tingkat keparahan penyakit dan lokasi perawatan, daripada keberadaan gen karbapenemase tertentu.

Kata Kunci: sepsis, gen karbapenemase, *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, resistensi antibiotik, mortalitas

ABSTRACT

ASSOCIATION OF CARBAPENEMASE GENES WITH ANTIBIOTIC SUSCEPTIBILITY AND MORTALITY IN SEPSIS PATIENTS AT A TERTIARY HOSPITAL IN INDONESIA

Vyora Ulvyana, Fadrian*, Rohayat Bilmahdi Simanjuntak*

* Division of Tropical Medicine and Infection, Department of Internal Medicine, Faculty of Medicine, Universitas Andalas/ RSUP DR.M.Djamil Padang Indonesia

Introduction: Sepsis caused by Carbapenem-Resistant Enterobacteriaceae (CRE) is a global health threat associated with high mortality. The primary resistance mechanism is the production of carbapenemase enzymes, encoded by various genes whose prevalence differs geographically. This study aimed to identify the local distribution of carbapenemase genes and their association with antibiotic susceptibility and mortality in sepsis patients.

Methods: This cohort study involved 65 sepsis patients with positive cultures for *Klebsiella pneumoniae* or *Escherichia coli* over six months at Dr. M. Djamil General Hospital, Padang. Bacterial identification and antibiotic susceptibility testing were performed using the VITEK 2 system. The presence of carbapenemase genes (*blaKPC*, *blaOXA*, *blaNDM*, *blaVIM*, *blaIMP*, and *blaGES*) was determined using multiplex real-time PCR. Statistical analysis was performed using Chi-Square or Fisher's Exact test to assess associations.

Results: The in-hospital mortality rate was 61.5%. The most prevalent carbapenemase genes were *blaOXA* (83.1%) and *blaNDM* (58.5%). The genes *blaVIM* (10.8%) and *blaGES* (4.6%) were detected in a minority of isolates, while *blaKPC* and *blaIMP* were not detected (0%). Tigecycline showed the highest sensitivity (89.2%), whereas aztreonam and ciprofloxacin showed high resistance (83.1% and 84.6%, respectively). A significant association was found between the *blaOXA* gene and resistance to amikacin ($p=0.044$) and between the *blaNDM* gene and resistance to meropenem ($p=0.003$). No significant association was found between any carbapenemase gene and patient mortality. Multivariate analysis identified care in the ICU/HCU as the strongest predictor of mortality ($OR=10.709$, $p=0.008$).

Conclusion: The epidemiology of carbapenemase genes in West Sumatra is dominated by *blaOXA* and *blaNDM*, with a notable absence of *blaKPC*. While specific genes predict resistance to certain antibiotics, patient mortality in this cohort was more strongly associated with clinical factors like the severity of illness and care location, rather than a specific carbapenemase gene.

Keywords: sepsis, carbapenemase genes, *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, antibiotic resistance, mortality