

ABSTRAK

Problematika Infeksi Saluran Kemih (ISK) menjadi sorotan utama dalam ranah kesehatan, tingginya kondisi ini menandakan tantangan serius bagi sistem kesehatan nasional. ISK terjadi ketika mikroorganisme terdapat dalam urin dengan jumlah signifikan. Meskipun *Escherichia coli* ialah bakteri penyebab ISK yang paling sering ditemukan, namun bakteri lain seperti bakteri *Klebsiella pneumoniae* juga dapat menyebabkan ISK. Salah satu pengobatan untuk pasien infeksi saluran kemih adalah menggunakan antibiotik *Cephalosporin*, namun adanya resistensi antibiotik tersebut telah menjadi masalah serius dalam penanganan infeksi bakteri, karena mampu memproduksi enzim *beta-laktamase*, atau yang dikenal dengan *Extended-spectrum Beta Lactamase* (ESBL). ESBL mengandung sejumlah mutasi yang menyebabkan hidrolisis antibiotik β -*laktam* secara luas dan dapat menyandi beberapa gen, salah satunya gen *blaCTX-M*. Kehadiran gen *blaCTX-M* pada bakteri menyebabkan resistensi antibiotik. Tujuan penelitian untuk mengetahui keberadaan gen *blaCTX-M* terhadap bakteri *Klebsiella pneumoniae* penghasil ESBL pada urine Infeksi saluran kemih dengan metode PCR konvensional. Jenis penelitian ini menggunakan deskriptif kuantitatif dan pengambilan sampel secara *purposive sampling*. Penelitian ini menggunakan 30 sampel urine pasien infeksi saluran kemih yang didapat dari Laboratorium Mikrobiologi RSPAL Dr. Ramelan Surabaya. Identifikasi dan deteksi bakteri *Klebsiella pneumoniae* penghasil ESBL menggunakan alat *Vitek 2 Compact* didapat sebanyak 13 sampel (43%) dan sebanyak 10 sampel (33%) mengandung *Klebsiella pneumoniae* penghasil ESBL. Dari hasil deteksi gen *blaCTX-M* yang dilakukan di Laboratorium Biomolekuler Jurusan Teknologi Laboratorium Medis, ditemukan sebanyak 3 sampel (10%) mengandung gen *blaCTX-M*, dengan panjang pita DNA sebesar 593bp.

Kata Kunci : *Infeksi Saluran Kemih, Klebsiella pneumonia, Extended-spectrum Beta-Lactamase, Cephalosporin, gen blaCTX-M.*

ABSTRACT

The Problematics of Urinary Tract Infections (UTIs) have become a major focus in the health sector, with the high incidence of this condition indicating a serious challenge for the national health system. UTIs occur when microorganisms are present in the urine in significant quantities. *Escherichia coli* is the most commonly found bacteria causing UTIs; however, other bacteria such as *Klebsiella pneumoniae* can also cause UTIs. One treatment for UTI patients involves the use of Cephalosporin antibiotics, but antibiotic resistance has become a serious issue in the management of bacterial infections, due to the production of beta-lactamase enzymes, known as Extended-Spectrum Beta-Lactamases (ESBL). ESBL contains several mutations that cause extensive hydrolysis of β -lactam antibiotics and can encode several genes, one of which is the blaCTX-M gene. The presence of the blaCTX-M gene in bacteria causes antibiotic resistance. This study aims to determine the presence of the blaCTX-M gene in ESBL-producing *Klebsiella pneumoniae* bacteria in urinary tract infection urine samples using the conventional PCR method. This research uses a quantitative descriptive approach and purposive sampling technique. This study involved 30 urine samples from UTI patients obtained from the Microbiology Laboratory of RSPAL Dr. Ramelan Surabaya. Identification and detection of ESBL-producing *Klebsiella pneumoniae* using the Vitek 2 Compact instrument yielded 13 samples (43%), with 10 samples (33%) containing ESBL-producing *Klebsiella pneumoniae*. From the blaCTX-M gene detection conducted in the Molecular Biology Laboratory of the Medical Laboratory Technology Department, 3 samples (10%) were found to contain the blaCTX-M gene, with a DNA band length of 593bp.

Keywords: Urinary tract infections, Klebsiella pneumoniae, Extended-spectrum Beta-Lactamase, Cephalosporin, blaCTX-M gene.