

SỰ LƯU HÀNH CỦA VI KHUẨN *SALMONELLA* TRÊN THẦN LẦN (*HEMIDACTYLUS*. SPP) TẠI THÀNH PHỐ CẦN THƠ

Nguyễn Nguyệt Trường và Lý Thị Liên Khai¹

ABSTRACT

The study was conducted on the prevalence of *Salmonella* in lizards (*Hemidactylus* spp.) in some households and animal farms at some districts in Cantho city. In a total 416 lizard feces samples, 63 samples were *Salmonella* positive in rate 15,14% which was higher than that environmental samples 7,89% (15/190). The prevalence of *Salmonella* in lizards collected from farms (25,00%) was higher than that in the households (11,86%). Nine *Salmonella* serovars were identified in lizards and environment around residence of them. Of these, 8 serovars were present in lizards which predominant serovars were *S. Weltevreden* (23 samples), *S. Lexington*, *S. Newport* (8 samples each), *S. Brunei* (4 samples). Besides, *S. Weltevreden* was also found in insects, animal feed, and two strains of *S. Newport*, *S. Brunei* isolated from animal feces.

Keywords: Lizard, *Salmonella*, serovar

Title: The prevalence of *Salmonella* on lizard (*Hemidactylus* spp.) at Can Tho city

TÓM TẮT

Đề tài được nghiên cứu về sự lưu hành của vi khuẩn *Salmonella* trên thần lằn (*Hemidactylus* spp.) ở một số hộ gia đình và trại chăn nuôi tại một số quận thuộc thành phố Cần Thơ. Trong 416 mẫu phân thần lằn có 63 mẫu dương tính với vi khuẩn *Salmonella* chiếm tỷ lệ 15,14 % cao hơn tỷ lệ nhiễm *Salmonella* trên môi trường là 7,89 % (15/190). Tỷ lệ dương tính *Salmonella* ở các trại chăn nuôi (25,00%) cao hơn ở các hộ gia đình (11,86 %). Có 9 chủng *Salmonella* tìm thấy trên thần lằn và trên các mẫu môi trường xung quanh nơi cư trú của thần lằn. Trong đó có 8 chủng *Salmonella* hiện diện trên thần lằn, với các 4 chủng phổ biến là *S. Weltevreden* là chủng phổ biến nhất (23 mẫu), tiếp theo là *S. Lexington*, *S. Newport* (8 mẫu/mỗi chủng), *S. Brunei* (4 mẫu). Bên cạnh đó, các chủng *S. Weltevreden* cũng được tìm thấy trên côn trùng, thức ăn gia súc, và 2 chủng *S. Newport*, *S. Brunei* được phân lập từ phân gia súc.

Từ khóa: thần lằn, *Salmonella*, serovar

1 ĐẶT VẤN ĐỀ

Salmonella là vi sinh vật chính gây ra các ca ngộ độc và cũng là vi khuẩn gây ra bệnh thương hàn, đây là vấn đề sức khỏe cộng đồng đáng chú ý của thế giới (Nguyễn Hưng Thịnh, 2007). Bệnh do *Salmonella* có từ nhiều nguồn động vật khác nhau bao gồm bò, heo, cừu, ngựa, chó, gia cầm, bò sát và những loài động vật có túi (Bartlett *et al.*, 1977; Everard, 1979). Trong đó, các loài bò sát như rắn, rùa và các loài thần lằn được ghi nhận là một trong những nguồn quan trọng đang tăng lên về việc gây nhiễm *Salmonella* trên người (Woodward *et al.*, 1997; the Center for Disease Control and Prevention, CDC, 1995). Thần lằn (*Hemidactylus* spp.) là một loài bò sát phổ biến ở Việt Nam, chúng có tập tính cư trú trong các khe, hốc ở nhiều nơi nên chúng có điều kiện mang mầm bệnh đi khắp nơi, có thể là

¹ Khoa Nông Nghiệp và Sinh Học Ứng Dụng, Trường Đại học Cần Thơ

các hộ gia đình, đến các khu vực chăn nuôi làm tăng nguy cơ gây bệnh cho động vật và con người. Do vậy, chúng tôi thực hiện đề tài “**Sự lưu hành của vi khuẩn *Salmonella* trên thằn lằn (*Hemidactylus* spp.) tại thành phố Cần Thơ**” nhằm xác định sự lưu hành của vi khuẩn *Salmonella* trên thằn lằn (*Hemidactylus* spp.) và xác định các serovars của vi khuẩn *Salmonella* phổ biến hiện diện trên thằn lằn tại thành phố Cần Thơ.

2 PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1 Phương pháp lấy mẫu

Từ 8/2009 đến 4/2010 mẫu được thu thập từ 416 thằn lằn và 190 mẫu môi trường (phân heo, thức ăn gia súc, côn trùng) ở các hộ gia đình và một số trại chăn nuôi heo ở 6 quận, huyện Ninh Kiều, Cái Răng, Bình Thủy, Ô Môn, Cờ Đỏ, Phong Điền thuộc thành phố Cần Thơ.

Mẫu thằn lằn: sau khi bắt được cho vào túi nilon vô trùng và đưa về phòng thí nghiệm phân tích. Sau đó, chúng tôi tiến hành mổ và thu thập toàn bộ phân có trong trực tràng.

Mẫu môi trường: 1gram mẫu phân gia súc, 1 gram mẫu thức ăn gia súc cho vào từng túi nilon vô trùng và bảo quản ở nhiệt độ lạnh. Mẫu côn trùng (20-30 con/mẫu) được bắt bằng vợt bắt côn trùng và giữ trong túi lưới đem về phòng thí nghiệm phân tích.

2.2 Phương pháp nuôi cấy và phân lập

Mẫu được phân tích tại phòng thí nghiệm vệ sinh thực phẩm, Bộ môn Thú Y, khoa Nông Nghiệp và Sinh Học Ứng Dụng, trường Đại Học Cần Thơ.

Cho mẫu phân thằn lằn, mẫu phân gia súc (1gram), 1 gram mẫu thức ăn gia súc, mẫu côn trùng vào từng mỗi ống nghiệm chứa 9ml môi trường tiền tăng sinh Buffered Peptone Water (BPW; Merck KGaA, Germany) và ủ ở 37⁰C trong 24 giờ. Sau đó, chuyển 1ml mẫu từ môi trường tiền tăng sinh vào môi trường tăng sinh Hajna tetrathionate broth (Eiken, Japan) và ủ ở 37⁰C trong 24 giờ, tiếp tục cấy chuyển sang môi trường Brilliant Green Agar (BGA, DifcoTM, France), Mannitol Lysine Crystal Violet Brilliant Green agar (MLCB, Nissui, Japan) và ủ ở 37⁰C trong 24 giờ. Sau đó, chọn 2 – 3 khuẩn lạc riêng lẻ, đặc trưng của vi khuẩn *Salmonella* trên môi trường BGA, MLCB làm thuần trên môi trường Trypticase Soy Agar (TSA; BBL^R, USA). Tiếp theo, chúng tôi tiến hành kiểm tra đặc tính sinh hóa của vi khuẩn *Salmonella* trên các môi trường Kligler Iron Agar (K.I.A; BBLTM, France), Lysine Indole Motility medium (LIM; Eiken, Japan), Voges Proskauer (VP; Eiken, Japan) và sau đó định danh vi khuẩn *Salmonella* bằng phản ứng huyết thanh học theo phương pháp của Popoff và Minor (1997) với bộ kháng thể chuẩn (Denka Seiken Co., Ltd., Tokyo, Japan).

2.3 Phương pháp xử lý số liệu

số liệu được xử lý thống kê theo phương pháp Chi-square, Chi-square Yates bởi phần mềm Excel 2003 và Minitab 13.0.

3 KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1 Tỷ lệ nhiễm *Salmonella* trên phân thằn lằn và trên môi trường

Tỷ lệ nhiễm *Salmonella* trên phân thằn lằn và trên môi trường ở một số quận, huyện thuộc TP. Cần Thơ được thể hiện qua bảng 1.

Bảng 1: Tỷ lệ nhiễm vi khuẩn *Salmonella* trên phân thằn lằn, trên môi trường ở các quận Ninh Kiều, Cái Răng, Bình Thủy, Ô Môn, Cờ Đỏ, Phong Điền thuộc TP. Cần Thơ

Loại mẫu	Số mẫu khảo sát	Số mẫu dương tính	Tỷ lệ nhiễm (%)
Thằn lằn	416	63	15,14
Môi trường	190	15	7,89
			($P=0,01$)
Tổng	606	78	12,87

Qua kết quả bảng 1 cho thấy, tỷ lệ nhiễm *Samonella* trên phân thằn lằn và môi trường là 12,87%. Trong đó, tỷ lệ nhiễm trên thằn lằn là 15,14 % cao hơn và trên môi trường xung quanh nơi cư trú là 7,89 %. Tỷ lệ nhiễm của vi khuẩn *Salmonella* giữa mẫu phân thằn lằn và mẫu môi trường sống của chúng khác nhau và sự sai khác này rất có ý nghĩa thống kê ($P=0,01$). Điều này được giải thích là vì có sự lây truyền *Salmonella* giữa các cá thể thằn lằn với nhau. Vì thằn lằn là nguồn chứa vi khuẩn *Salmonella* (Otokunefor *et al.*, 2003), chúng có thể bài thải ra ngoài môi trường sống, cùng với tập tính sống tập đoàn (Lê Trọng Sơn, 2006) vi khuẩn *Salmonella* sẽ vấy nhiễm vào trong đàn. Ngoài ra, thằn lằn trong quá trình hoạt động tìm kiếm thức ăn thì những mầm bệnh từ môi trường ngoài có điều kiện bám lên cơ thể đây cũng có thể là nguyên nhân làm tăng tỷ lệ nhiễm trên thằn lằn. Theo Mermin *et al.*, (2004) ngoài nguồn nhiễm từ thức ăn, nước uống thì các loài bò sát còn bị nhiễm *Salmonella* từ các cá thể bò sát khác nên khi mang mầm bệnh thằn lằn có thể lây truyền cho nhau. Đây cũng có thể chính là nguồn làm tăng khả năng gây nhiễm *Samonella* trong đàn thằn lằn các quận, huyện TP. Cần thơ cao.

3.2 Kết quả phân lập vi khuẩn *Salmonella* trên phân thằn lằn tại các địa phương khảo sát

Kết quả phân lập *Salmonella* trên phân thằn lằn theo địa phương được thể hiện qua bảng 2

Bảng 2: Kết quả phân lập vi khuẩn *Salmonella* trên phân thằn lằn ở các địa phương khác nhau

Địa Điểm	Số mẫu khảo sát	Số mẫu dương tính	Tỷ lệ nhiễm (%)
Ô Môn	57	16	28,07 ^a
Cái Răng	77	18	23,38 ^a
Bình Thủy	58	9	15,52 ^a
Cờ Đỏ	74	11	14,8 ^a
Phong Điền	55	4	7,27 ^b
Ninh Kiều	95	5	5,26 ^b
			($P= 0,002$)
Tổng	416	63	15,14

Các chữ số trong cùng một cột giống nhau là khác nhau không có ý nghĩa thống kê, nếu khác nhau thì khác nhau có ý nghĩa thống kê.

Qua kết quả bảng 2 cho thấy, tỷ lệ nhiễm *Salmonella* trên phân thằn lằn cao nhất là ở quận Ô Môn (28,07 %), kế đến là quận Cái Răng (23,38 %), quận Bình Thủy

(15,52 %), huyện Cờ Đỏ (14,86 %), Phong Điền (7,27%) và thấp nhất là quận Ninh Kiều (5.26%). Trong đó, tỷ lệ nhiễm ở các quận huyện Ô Môn, Cái Răng, Bình Thủy, Cờ Đỏ cao hơn ở quận Ninh Kiều và huyện Phong Điền, sự sai khác này rất có ý nghĩa thống kê ($P= 0,002$). Các quận Ô Môn, Cái Răng, Bình Thủy, Cờ Đỏ có tỷ lệ nhiễm đều cao như nhau. Điều này có thể là do 4 quận huyện này có nhiều trại chăn nuôi nên thằn lằn tại các điểm này dễ bị vấy nhiễm *Salmonella* từ nguồn chất thải chăn nuôi. Bên cạnh đó, *Salmonella* có khả năng tồn tại ngoài môi trường trong thời gian dài (Nguyễn Như Thanh *et al.*, 1997), cùng với tập tính sống tự do nên các loài thằn lằn có thể thường xuyên tiếp xúc với mầm bệnh làm tăng tỷ lệ nhiễm ở các quận huyện có nhiều trại chăn nuôi hơn.

3.3 Kết quả phân lập vi khuẩn *Salmonella* trong môi trường.

Bảng 3: Kết quả phân lập vi khuẩn *Salmonella* trong môi trường ở các quận Ninh Kiều, Cái Răng, Bình Thủy, Ô Môn, Cờ Đỏ, Phong Điền thuộc TP. Cần Thơ

Địa điểm	Loại mẫu						P
	Thức ăn gia súc		Phân gia súc		Côn Trùng		
	SMN/S MKS	Tỷ lệ (%)	SMN/SMKS	Tỷ lệ (%)	SMN/ SMKS	Tỷ lệ (%)	
Trại chăn nuôi	2/32	6,25	6/46	11,32	5/28	17,86	P=0,61
Hộ dân	–	–	–	–	2/84	2,32	
Tổng	2/32	6,25	6/46	11,32	7/112	6,67	P= 0,01

–: không có giá trị ; SMN / SMKS: Số mẫu nhiễm / Số mẫu khảo sát

Từ kết quả bảng 3 cho thấy, trong ba loại mẫu môi trường được thu thập xung quanh các trại chăn nuôi là thức ăn gia súc, phân gia súc, côn trùng thì tỷ lệ nhiễm *Salmonella* trên mẫu côn trùng là cao nhất, chiếm 17,86 %, kế tiếp là phân gia súc (11,32 %) và thức ăn gia súc có tỷ lệ nhiễm thấp nhất (6,25 %). Tuy nhiên, sự khác biệt này không có ý nghĩa thống kê ($P= 0,61$). Điều này là do các mẫu môi trường ở trại chăn nuôi có khả năng tiếp xúc với nguồn chứa mầm bệnh như nhau nên không có sự sai khác giữa các tỷ lệ nhiễm. Bên cạnh đó, côn trùng có khả năng di chuyển khắp mọi nơi nên có thể bị nhiễm *Salmonella* từ phân gia súc và chúng mang theo mầm bệnh làm vấy nhiễm vào trong thức ăn gia súc. *Salmonella* từ phân gia súc thải ra ngoài môi trường xung quanh, vấy nhiễm vào thức ăn gia súc và cũng làm tăng khả năng nhiễm *Salmonella* của côn trùng ở các trại chăn nuôi.

Từ kết quả trên cho thấy, tỷ lệ nhiễm vi khuẩn *Salmonella* trên mẫu côn trùng thu thập tại các hộ gia đình (2,32%) thấp hơn tỷ lệ nhiễm *Salmonella* trên mẫu côn trùng tại các trại chăn nuôi (17,86%) và sự sai khác nhau này khác nhau có ý nghĩa thống kê ($P=0,01$). Nguyên nhân của sự khác nhau này là do côn trùng sống ở trại chăn nuôi sẽ thường xuyên tiếp xúc với vi khuẩn *Salmonella* tồn tại trong trại, nên chúng có khả năng vấy nhiễm cao hơn. Kết quả của chúng tôi tương tự với nghiên cứu của Davies *et al.*, (1995) và Pangloli *et al.*, (2008) chỉ ra rằng *Salmonella* tồn tại dai dẳng trong môi trường chăn nuôi và các mẫu côn trùng phân lập trong môi trường chăn nuôi cũng chiếm tỷ lệ cao. Từ đó cho thấy, tùy theo loại mẫu môi trường có sự tiếp xúc với vi khuẩn *Salmonella* khác nhau thì có tỷ lệ nhiễm *Salmonella* khác nhau.

3.4 Kết quả khảo sát tỷ lệ nhiễm *Salmonella* trên phân thằn lằn ở một số trại chăn nuôi và một số hộ dân tại TP. Cần Thơ

Kết quả được thể hiện qua bảng 4.

Bảng 4: Tỷ lệ nhiễm *Salmonella* trên phân thằn lằn ở một số trại chăn nuôi và một số hộ dân tại TP. Cần Thơ

Địa điểm	Số mẫu khảo sát	Số mẫu dương tính	Tỷ lệ nhiễm (%)
Hộ dân	312	37	11,86
Trại chăn nuôi	104	26	25,00
			(<i>P</i> =0,001)
Tổng	416	63	15.14

Qua bảng 4 cho thấy, tỷ lệ nhiễm *Salmonella* trên phân thằn lằn ở trại chăn nuôi là 25% cao hơn tỷ lệ nhiễm ở các hộ gia đình là 11,86 % và sự khác nhau này rất có ý nghĩa thống kê (*P* = 0.001). Nguyên nhân của sự sai khác này là do từ những môi trường sống và nguồn thức ăn khác nhau đã tạo ra sự khác nhau về tỷ lệ nhiễm *Salmonella* giữa thằn lằn sống trong các trại chăn nuôi và thằn lằn sống trong các hộ gia đình. Điều này đã được ghi nhận trong nghiên cứu của Miguel, Telford (1981) và Middleton (2008) cho thấy thằn lằn sống ở các điều kiện sống khác nhau sẽ có tỷ lệ nhiễm vi khuẩn *Salmonella* khác nhau. Thằn lằn sống trong môi trường chăn nuôi có điều kiện tiếp xúc nhiều hơn với vi khuẩn *Salmonella*. Theo Mermin (2004), thức ăn cũng là yếu tố ảnh hưởng đến khả năng nhiễm *Salmonella* trên phân thằn lằn. Côn trùng, nguồn thức ăn chủ yếu của thằn lằn (Lê Trọng Sơn, 2006) vì vậy tỷ lệ nhiễm *Salmonella* cao trên phân thằn lằn cũng sẽ làm tăng tỷ lệ nhiễm của thằn lằn. Trong thời gian nghiên cứu cho thấy, tỷ lệ nhiễm *Salmonella* trên phân thằn lằn ở các trại chăn nuôi (17,86%) cao hơn các hộ gia đình (2,32%), (bảng 3); Điều này cũng làm cho tỷ lệ nhiễm *Salmonella* cao trên phân thằn lằn sống ở các trại chăn nuôi.

3.5 Kết quả định danh các chủng *Salmonella* trên phân thằn lằn và môi trường

Bảng 5: Các serovars *Salmonella* trên phân thằn lằn, thức ăn gia súc, phân gia súc, phân thằn lằn

STT	Serovars	Loại mẫu				Tổng
		Phân thằn lằn	Phân gia súc	Thức ăn gia súc	Côn trùng	
1	S. Weltevreden	23		1	1	25
2	S. Lexington	8				8
3	S. Newport	8	2			10
4	S. Brunei	4	1			5
5	S. Vejle	2				2
6	S. Bovismorbificans	1				1
7	S. Dabou	1				1
8	S. Strathcona	1				1
9	S. Breda		1			1
10	Salmonella nhóm B				1	1
11	Salmonella nhóm C1-C4				1	1
12	Salmonella nhóm C2-C3	4		1	1	6
13	Salmonella nhóm E1	1				1
Tổng serovars		8	3	1	1	13
Tổng nhóm		2		1	3	9

Qua bảng 5 cho thấy, trong 4 loại mẫu phân tích là phân thằn lằn, phân gia súc, thức ăn gia súc, côn trùng chúng tôi đã định danh, xác định có 9 serovars. Trong đó, số chủng *Salmonella* trên phân thằn lằn là cao nhất (8 serovars), trên phân gia súc (3 serovars), thức ăn gia súc, côn trùng (1 serovar). Từ kết quả khảo sát cho thấy tính đa dạng về chủng *Salmonella* hiện diện trên thằn lằn. Do thằn lằn có tập tính sống là thường di chuyển đi khắp nơi nên chúng có thể tiếp xúc với nhiều nguồn bệnh khác nhau cho nên số serovars *Salmonella* hiện diện trên thằn lằn rất phong phú, đa dạng.

Đặc biệt chủng *S. Weltevreden* cũng phát hiện trên thằn lằn, thức ăn gia súc và côn trùng; Điều này chỉ ra rằng thằn lằn có thể bị nhiễm *Salmonella* từ nguồn thức ăn của chúng. *S. Weltevreden* là serovars hiện diện phổ biến trên phân thằn lằn với 23 mẫu. Kết quả này phù hợp với nghiên cứu của Oboegbulem, Iseghohimhen (1985) trong 27 mẫu thằn lằn dương tính với *Salmonella* thì *S. Weltevreden* cũng là serovar phổ biến nhất (8 mẫu). Điều này được giải thích là vì *S. Weltevreden* là một trong những serovars phổ biến nhất được phân lập từ nhiều nguồn khác nhau như trên phân người, động vật, động vật thí nghiệm, hải sản, nguồn nước mặt, nước thải, rau, đất, côn trùng (Sood, Basu, 1979). Theo Tran *et al.*, (2004, 2005) và An *et al.*, (2006) đã báo cáo là *S. Weltevreden* cũng là *Salmonella* serovars phổ biến nhất được tìm thấy trên nhiều nguồn ở miền Nam Việt Nam như trong phân người, phân gia súc (heo, bò, gia cầm), trên các sản phẩm thịt gia súc, hải sản. Theo nhận định của Mitchell *et al.*, (2006) các *Salmonella* serovars hiện diện trong môi trường tự nhiên cũng được tìm thấy trong dạ dày, ruột của thằn lằn. Mặt khác, thằn lằn sống tự do nên chúng có khả năng bị vậy nhiễm các serovars phổ biến tồn tại ngoài môi trường.

S. Newport và *S. Brunei* được tìm thấy trên hai loại mẫu là phân thằn lằn và phân gia súc. Đây là hai serovars phổ biến trên thằn lằn, và cũng thường gặp trên gia súc. Theo An *et al.*, (2006) trong 8 mẫu nhiễm *S. Newport* thì có 6 được tìm thấy trên mẫu phân heo. Theo kết quả nghiên cứu của Padungtod và Kaneene (2006) thì *S. Brunei* là serovar *Salmonella* phổ biến ở trại chăn nuôi bò Thái Lan. Qua đây cho thấy, có thể có sự vậy nhiễm giữa thằn lằn và phân gia súc. Trong quá trình di chuyển, thằn lằn có thể vậy nhiễm và trở thành vật mang trùng, mang mầm bệnh vì chúng di chuyển từ dãy chuồng này sang dãy chuồng khác trong cùng một trại hoặc qua các trại chăn nuôi khác gây nhiễm cho vật nuôi và ngược lại.

Các serovars *S. Lexington*, *S. Vejle*, *S. Strathcona*, *S. Dabou*, *S. Bovismorbificans*, *S. Breda* chỉ tìm thấy trên một loại mẫu. Tuy chỉ xuất hiện trên mẫu phân thằn lằn nhưng các serovars này cũng là nguồn gây bệnh cho con người, động vật, và trong thực phẩm ở nhiều nước trên thế giới (Bangtrakulnonth *et al.*, 2004; Ejeta *et al.*, 2004; An *et al.*, 2006). Vì vậy, nguồn bệnh tồn tại trong đường ruột của thằn lằn là nguy cơ tiềm ẩn cần được quan tâm.

Từ kết quả trên cho thấy các chủng *Salmonella* phân lập được từ thằn lằn thuộc nhóm phụ I (enterica) thường được tìm thấy ở động vật máu nóng vì vậy chúng có thể là nguồn làm gia tăng bệnh *Salmonella* trên người. Đặc biệt là *S. Weltevreden* là chủng phổ biến trên thằn lằn và cũng là nguyên nhân phổ biến gây bệnh *Salmonella* trên người (Bangtrakulnonth *et al.*, 2004; An *et al.*, 2006; Padungtod, Kaneene, 2006; Lý Thị Liên Khai, 2009). Nếu vi khuẩn *Salmonella* trong thằn lằn

theo phân phát tán ra ngoài môi trường sẽ là mối nguy hiểm rất lớn đối với sức khỏe con người.

4 KẾT LUẬN

Có sự lưu hành vi khuẩn *Salmonella* trên phân các loài thằn lằn (*Hemidactylus* spp.) tại TP. Cần Thơ với tỷ lệ nhiễm cao là 15,14% và cao hơn tỷ lệ nhiễm *Salmonella* trên môi trường sống của thằn lằn là 7,89 %.

Tỷ lệ nhiễm *Salmonella* trên thằn lằn ở các quận, huyện có nhiều trại chăn nuôi (Ô Môn (28,07%), Cái Răng (23,38 %), Bình Thủy (15,52 %), Cờ Đỏ (14,86 %) đều cao giống nhau và cao hơn tỷ lệ nhiễm ở Phong Điền (7,27%) và Ninh Kiều (5,26%). Tỷ lệ nhiễm *Salmonella* trên thằn lằn sống ở các trại chăn nuôi (25%) cao hơn thằn lằn sống ở các hộ gia đình (11,86%).

Salmonella serovars hiện diện trên phân thằn lằn rất đa dạng và phong phú chiếm 8/9 serovarars được tìm thấy trên thằn lằn và môi trường. *Salmonella* serovars phổ biến trên phân thằn lằn là *S. Weltevreden*, *S. Lexington*, *S. Newport*, *S. Brunei*.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Lê Trọng Sơn (2006), Giáo trình động vật học, Đại học Huế, trang 53 – 95.
- Lý Thị Liên Khai (2009), Nguồn lây truyền bệnh đường tiêu hóa do vi khuẩn *Salmonella* từ động vật sang người ở một số tỉnh đồng bằng Sông Cửu Long. Đề tài cấp bộ, Bộ môn Thú Y, khoa Nông Nghiệp và Sinh Học và Ứng Dụng, Trường Đại học Cần Thơ.
- Nguyễn Hữu Thịnh (2007), Ngộ độc thực phẩm do vi khuẩn *Salmonella*.
- Nguyễn Như Thanh, Nguyễn Bá Hiên, Trần Thị Lan Hương (1997), Vi sinh vật thú y. NXB Nông Nghiệp Hà Nội, trang 65 – 80.
- An, T.T.Vo., Duijkeren, van E., Fluit, A.C., Heck, M.E.O.C., A., (2006), Distribution of *Salmonella* Enterica serovars from humans, livestock and meat in Viet Nam and dominance of *Salmonella* Typhimurium phage type 90, *Veterinary Microbiology*, pp153-158.
- Bangtrakulnon, A., Pornruhngwong, S., Pulsrikarn, C., Sawanpanyalert, P., Hendriksen, S.R., Wong, M.A.L.F.D and Aarestrup, M. F., (2004). *Salmonella* serovars from and other sources in ThaiLan, 1993-2002, *Emerging Infectious Diseases* www.cdc.gov/eid , Vol. 10. pp 131-136.
- Bartlett, K.H., Trust, T.J., Lior, H. (1977), Small pet aquarium frogs as a source of *Salmonella*. *Applied and Environmental Microbiology*, pp 1026 - 1029.
- Centers for Disease Control and Prevention (1995), Reptile-associated salmonellosis-selected states, 1994–1995. *Morbidity and Mortality weekly Report*, pp 347 - 351.
- Davies, R. H., and Wray, C. (1995), Observations on disinfection regimens used on *Salmonella* Enteritidis infected poultry units, *Poultry Science*, pp 638– 647.
- Ejeta, J., Molla, B., Alemayehu, D., and Muckle, A. (2004), *Salmonella* serotypes isolated from minced meat beef, mutton and pork in Addis Ababa, Ethiopia, pp. 547-551
- Everard, C.O., Tota, B., Bassett, D., Ali, C., (1979). *Salmonella* in wildlife from Trinidad and Granada West Indies. *Journal of wildlife Diseases*, pp 213 – 219.
- Mermin, J., Hutwagner, J., Vugia, D., Shallow, S., Daily, P., Bender, J., Koehler, J., Marcus, R., Angulo, F.J., (2004). Reptiles, amphibians, and human *Salmonella* infection: A population-based, case-control study. *Clinical infectious diseases*, pp 253 - 261.

- Middleton, D.M.R.L. (2008), The prevalence of *Salmonella* and the spatial distribution of its serovars amongst New Zealand's native lizards, A thesis presented in partial fulfillment of the requirements for the degree of Master of Science in Zoology at Massey University, Palmerston North, New Zealand.
- Mitchell, M.A. (2006), *Salmonella*: Diagnostic methods for reptiles. In: Marder DR (ed) Reptile Medicine and Surgery, pp 900 - 901.
- Oboegbulem, S.I., và Iseghohimhen, A.U., (1985), Wall Geckos (Geckonidae) as reservoirs of *Salmonellae* in Nigeria: problems for epidemiology and public health. International Journal of Zoonoses, pp 12-14.
- Otokunefor, T.V., Kindzeka, B.I., Ibiteye, I.O., Osuji, G.U., Obi, F.O., Jack, A.W.K., (2003), *Salmonella* in gut and droppings of three pest lizards in Nigeria, Journal of Microbiology & Biotechnology, pp 545 - 548.
- Pangloli, P., Dje, Y., Ahmed, O., Doane, A.C., Oliver, P.S., and Draughon, A.F., (2008), Seasonal Incidence and Molecular Characterization of *Salmonella* from Dairy Cows, Calves, and Farm Environment. Foodborne pathogens and disease, pp 87-95
- Popoff, M.Y and Minor, L.L (1997), Antigenic formulae of *Salmonella* serovars. WHO Collaborating centre for Reference & Research on Salmonella.
- Sood, L.R., và Basu, S., (1979), Bacteriophage typing of *Salmonella* Weltevreden. National Salmonella and Escherichia Centre, Central Research Institute, Kasauli, India, pp 595 – 604.
- Tran, T.P., Ly, T.L.K, Nguyễn, T.T., Akiba, Ogasawara. N., Sinoda. D., Okatani, T.A., . Hayashidani, H., (2004), Prevalence of *Salmonella* spp. in pigs, chickens and ducks in Mekong delta of Viet Nam . Journal Veterinary Medicine Science, Volume 68, Number 5, pp. 1011-1014.
- Tran, T.P., Ly, T.L.K, Ogasawara. N., Nguyễn, T.T., Okatani, N., Akiba, M., Hayashidani, H., (2005), Contamination of *Salmonella* in Retail Meats and Shrimps in the Mekong Delta, Vietnam. Journal of Food Protection, Volume 68, Number 5, pp. 1077-1080
- Woodward, D.L., Khakhria, R. and Johnson, W.M., (1997). Human salmonellosis associated with exotic pets. Journal of Clinical Microbiology, pp 2786 - 2790.