



ĐẶC ĐIỂM GEN KHÁNG KHÁNG SINH NHÓM BETA-LACTAM CỦA VI KHUẨN *Escherichia coli* PHÂN LẬP TRÊN CÁ Ở MỘT SỐ TỈNH VÙNG ĐỒNG BẰNG SÔNG CỬU LONG

Trần Thị Mỹ Duyên và Trần Thị Tuyết Hoa*

Khoa Thủy sản, Trường Đại học Cần Thơ

*Người chịu trách nhiệm về bài viết: Trần Thị Tuyết Hoa (email: ttthoa@ctu.edu.vn)

Thông tin chung:

Ngày nhận bài: 17/05/2018

Ngày nhận bài sửa: 18/06/2018

Ngày duyệt đăng: 30/07/2018

Title:

Genotyping of extended-spectrum β -lactamase genes of *Escherichia coli* isolates from fish in some provinces of Mekong Delta

Từ khóa:

Kháng kháng sinh, beta-lactam, beta-lactamase, gen bla, *Escherichia coli*

Keywords:

Antibiotic resistance, beta-lactam, beta-lactamase, bla gene, *Escherichia coli*

ABSTRACT

Extended-spectrum beta-lactamases (ESBLs)-producing *Escherichia coli* causes serious diseases in human. The aim of this study was to characterize genotypic of 40 ESBL-producing *E. coli* isolates which were isolated from 18 wild fish samples (*Pangasianodon bocourti*, *Pangasianodon conchophilus*) and 54 farmed fish (*Pangasianodon hypophthalmus* and *Oreochromis sp.*) collected from An Giang, Vinh Long, and Dong Thap provinces. The results significantly indicated that: (i) ESBL-producing *E. coli* isolates collected from those provinces contain common beta-lactamase genes including bla_{TEM} (6 isolates), bla_{CTX-M-1} (6 isolates), bla_{CTX-M-9} (7 isolates) and some isolates contained both bla_{TEM+CTX-M-1} and bla_{TEM+CTX-M-9} genes; (ii) collected ESBL-producing *E. coli* isolates belong mainly to group A (17 isolates) and B1 (17 isolates). Specially, our study found the six remaining isolates belong to group B2 (three) and group D (three) which have virulence factor.

TÓM TẮT

Escherichia coli sinh enzyme beta-lactamases kháng thuốc kháng sinh nhóm beta-lactam phổ rộng (ESBL-E. coli), là loài vi khuẩn gây nhiều bệnh nguy hiểm trên người. Nghiên cứu được thực hiện nhằm xác định đặc điểm gen kháng kháng sinh nhóm beta-lactam của 40 chủng vi khuẩn ESBL-E. coli phân lập từ 18 mẫu cá tự nhiên (*Pangasianodon bocourti*, *Pangasianodon conchophilus*) và 54 mẫu cá nuôi (*Pangasianodon hypophthalmus*, *Oreochromis sp.*) ở các tỉnh An Giang, Vĩnh Long và Đồng Tháp. Kết quả ghi nhận: (i) ESBL-E. coli phân lập từ các mẫu cá thu ở An Giang, Vĩnh Long và Đồng Tháp mang các gen kháng thuốc kháng sinh phổ biến là bla_{TEM} (6 chủng), bla_{CTX-M-1} (6 chủng), bla_{CTX-M-9} (7 chủng) và nhiều chủng mang cả hai gen là bla_{TEM+CTX-M-1} và bla_{TEM+CTX-M-9}; (ii) ESBL-E. coli phân lập từ các mẫu cá thu ở An Giang, Vĩnh Long và Đồng Tháp chủ yếu thuộc nhóm A (17 chủng) và B1 (17 chủng). Đặc biệt, trong 6 chủng còn lại, nghiên cứu đã phát hiện 3 chủng thuộc nhóm B2 và 3 chủng thuộc nhóm D, đây là các chủng vi khuẩn có độc lực cao.

Trích dẫn: Trần Thị Mỹ Duyên và Trần Thị Tuyết Hoa, 2018. Đặc điểm gen kháng kháng sinh nhóm beta-lactam của vi khuẩn *Escherichia coli* phân lập trên cá ở một số tỉnh vùng Đồng bằng sông Cửu Long. Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ. 54(Số chuyên đề: Thủy sản)(2): 101-107.

1 GIỚI THIỆU

Cá tra (*Pangasianodon hypophthalmus*), cá điêu hồng (*Oreochromis* sp.) và cá lóc (*Channa striata*) là 3 loài cá được nuôi phổ biến ở Đồng bằng sông Cửu Long (ĐBSCL). Nghiên cứu của Nguyen *et al.* (2016) ghi nhận sự hiện diện của vi khuẩn *Escherichia coli* sinh men beta-lactamase phổ rộng (ESBL-*E. coli*) trên cá thu ở An Giang, Vĩnh Long và Đồng Tháp. Nguyên nhân là do vi khuẩn *E. coli* có khả năng sản sinh ra các enzym beta-lactamase phổ rộng (extended-spectrum beta-lactamase-ESBL), có khả năng thủy phân vòng beta-lactam và phá vỡ cấu trúc của kháng sinh. Các enzym beta-lactamase của *E. coli* điển hình như Temoniera (TEM), sulphydryl variable (SHV), Cefotaxime-Munich (CTX-M) được mã hóa bởi các gen tương ứng là *bla*_{TEM}, *bla*_{SHV}, *bla*_{CTX-M}. Các gen này nằm trên plasmid của vi khuẩn nên có thể chuyển giao giữa các cá thể và giữa các loài vi khuẩn khác nhau (Lê Thị Tài, 1997; Sasaki *et al.*, 2010; Luvsansharav *et al.*, 2011). Vi khuẩn *E. coli* lây truyền sang người do tiếp xúc với động vật và người bị nhiễm bệnh hay sử dụng nguồn nước và các thực phẩm bị nhiễm mầm bệnh (Bùi Quý Huy, 2002). Mặc dù, vi khuẩn ESBL-*E. coli* không gây bệnh cho cá nhưng lại có nguy cơ lây nhiễm cho cộng đồng người thông qua chuỗi thức ăn. Ngoài ra, nhiều nghiên cứu cũng cho thấy rằng, các vi khuẩn gây bệnh trên động vật thủy sản hiện nay có khả năng kháng nhiều loại kháng sinh như vi khuẩn *Pseudomonas* spp., *Aeromonas* spp., *Edwardsiella ictaluri* và *E. coli* là loài vi khuẩn có khả năng tiếp nhận những gen kháng thuốc từ các loài vi khuẩn gây bệnh và chuyển giao sang các cá thể khác (Dung *et al.*, 2008). Do vậy, nghiên cứu "Đặc điểm gen kháng kháng sinh nhóm beta-lactam của vi khuẩn *Escherichia coli* phân lập trên cá ở một số tỉnh Đồng bằng sông Cửu Long" được thực hiện nhằm xác định sự hiện diện của một số kiểu gen kháng kháng sinh nhóm beta-lactam của các chủng vi khuẩn ESBL-*E. coli* phân lập trên cá ở ĐBSCL. Từ đó khả năng ảnh hưởng của nhóm vi khuẩn ESBL-*E. coli* lên cá nuôi sẽ được đánh giá.

2 VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1 Vật liệu nghiên cứu

Bốn mươi chủng ESBL-*E. coli* được phân lập từ cá nuôi (*Pangasianodon hypophthalmus*, *Oreochromis* sp.) và cá tự nhiên (*Pangasianodon bocourti*, *Pangasianodon conchophilus*) ở khu vực ĐBSCL. Mẫu cá được thu ở các tỉnh Vĩnh Long, Đồng Tháp và An Giang từ tháng 6 đến tháng 8 năm 2014.

2.2 Phương pháp nghiên cứu

2.2.1 Chiết tách ADN vi khuẩn

Khuẩn lạc của vi khuẩn được cho vào 500 μ L TE buffer (pH=8.0), ủ ở 100°C trong 10 phút, sau đó li tâm 10.000 vòng/phút trong 1 phút; thu dịch nổi bên trên, đo hàm lượng ADN trước khi sử dụng cho quy trình PCR. Sau khi đo, hàm lượng ADN sẽ được chuẩn về nồng độ 100 ng/ μ L và trữ ở -20°C cho đến khi sử dụng.

2.2.2 Xác định đặc điểm gen kháng kháng sinh nhóm β -lactam của vi khuẩn ESBL-*E. coli*

Đặc điểm gen TEM, SHV và CTX-M được xác định bằng phương pháp PCR đa môi (multiplex PCR) (Monstein *et al.*, 2007). Thành phần phản ứng gồm nước cất tiệt trùng, 2X PCR Master Mix, 1X Q-Solution, 1X Coral Load Dye, 0,2 μ M Primer mix "ESBL multi v6" và ADN vi khuẩn (1ng/ μ L). Điều kiện phản ứng PCR bao gồm giai đoạn biến tính ban đầu ở 95°C trong 5 phút, tiếp theo là 95°C trong 30 giây, 60°C trong 90 giây, 72°C trong 90 giây, chu kỳ này được lặp lại 25 lần và cuối cùng là 68°C trong 10 phút. Sản phẩm PCR của gen TEM, SHV, CTX-M-1, CTX-M-2, CTX-M-8, CTX-M-9 lần lượt là 372 bp, 231 bp, 588 bp, 107 bp, 186 bp và 475 bp.

Dựa trên các kiểu gen ESBL phổ biến nhất cũng như sự hiện diện của các gen kháng thuốc kháng sinh tìm được, sản phẩm PCR của 5 chủng vi khuẩn ESBL-*E. coli* được chọn để giải trình tự ADN tại phòng thí nghiệm NK-biotek (41G8005341, ISO 15189), công ty Nam Khoa, thành phố Hồ Chí Minh. Kết quả giải trình tự được phân tích bằng chương trình NCBI BLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>).

2.2.3 Phân tích phát sinh loài của vi khuẩn ESBL-*E. coli*

Phân tích phát sinh loài của vi khuẩn ESBL-*E. coli* được thực hiện theo phương pháp của Clermont *et al.* (2000). Thành phần phản ứng gồm nước cất tiệt trùng, 1X Ex Taq Buffer, 2 μ M dNTPs, 20 pmol môi (hỗn hợp), 2.5U Takara Ex Taq và ADN vi khuẩn (1 ng/ μ L). Điều kiện phản ứng PCR bao gồm giai đoạn biến tính ban đầu ở 95°C trong 5 phút, tiếp theo là 98°C trong 10 giây, 57°C trong 30 giây, 72°C trong 30 giây, chu kỳ này được lặp lại 35 lần và cuối cùng ở 72°C trong 7 phút.

2.2.4 Xử lý số liệu

Số liệu được xử lý bằng phần mềm Microsoft Office Excel 2007.

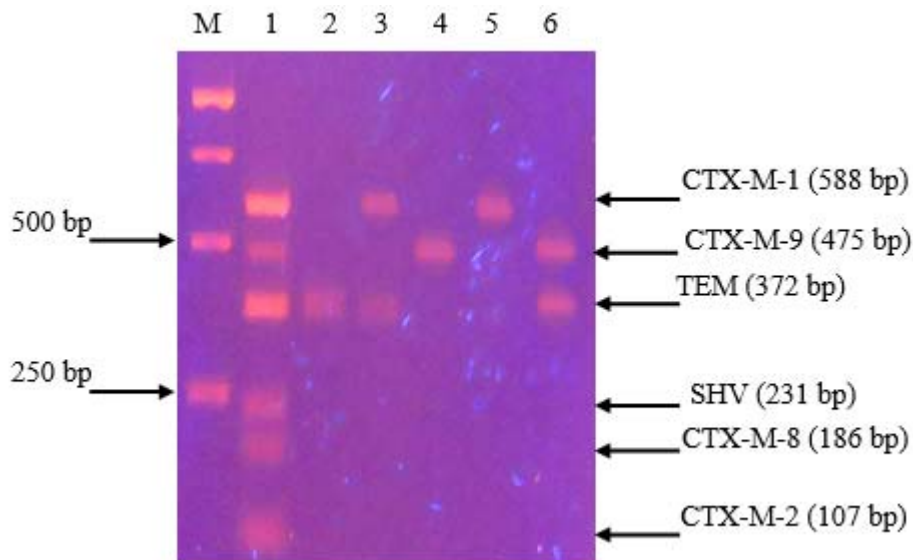
3 KẾT QUẢ THẢO LUẬN

3.1 Đa dạng kiểu gen của vi khuẩn ESBL-*E. coli*

Trong số 40 chủng vi khuẩn ESBL-*E. coli* có 6 chủng (15%) mang gen *bla*_{CTX-M-1}, 7 chủng (17,5%) mang gen *bla*_{CTX-M-9} và 6 chủng (15%) mang gen *bla*_{TEM}. Hai mươi một chủng còn lại (52,5%) có 16 chủng (40%) mang gen *bla*_{TEM+CTX-M-1} và 5 chủng (12,5%) mang gen *bla*_{TEM+CTX-M-9}. Đáng chú ý là chủng nào mang gen *bla*_{CTX-M-1} thì không mang gen *bla*_{CTX-M-9} và ngược lại. Gen *bla*_{SHV}, *bla*_{CTX-M-2} và *bla*_{CTX-M-8/25} không hiện diện trong các chủng khảo sát. Sản phẩm khuếch đại gen *bla*_{CTX-M-1}, *bla*_{CTX-M-9}, *bla*_{TEM} có kích thước lần lượt là 588 bp, 475 bp,

372 bp được thể hiện trong Hình 1.

Việc so sánh kết quả nghiên cứu này với các nghiên cứu khác đã cho thấy gen *bla*_{TEM} và *bla*_{CTX-M} là 2 gen phổ biến nhất, được tìm thấy ở nhiều vật chủ khác nhau cũng như ở nhiều vùng khác nhau trên thế giới (Cao *et al.*, 2002). Tương tự, trong nghiên cứu này gen *bla*_{CTX-M} là gen chiếm ưu thế với tỉ lệ là 32,5%. Theo Asma (2006), kiểu gen CTX-M mã hoá β-lactamase có thể là kiểu phổ biến nhất trong các chủng vi khuẩn sinh ESBL trên toàn thế giới. Kiểu gen này chủ yếu được tìm thấy ở Nam Mỹ, Viễn Đông và Đông Âu. Nhưng kiểu gen này cũng được ghi nhận ở Trung Quốc, Nhật Bản, Ấn Độ, Bắc Mỹ và Tây Âu.



Hình 1: Kết quả điện di sản phẩm PCR của các gen mã hoá ESBL. Giếng M: thang ADN; giếng 1: đối chứng dương; giếng 2: gen *bla*_{TEM}; giếng 3: gen *bla*_{TEM+CTX-M-1}; giếng 4: gen *bla*_{CTX-M-9}; giếng 5: gen *bla*_{CTX-M-1}; giếng 6: gen *bla*_{TEM+CTX-M-9}

Trong nghiên cứu này, sự phổ biến của vi khuẩn ESBL-*E. coli* mang nhiều gen (đa gen) kháng kháng sinh nhóm β-lactam là đáng chú ý nhất. Kết quả có 21 chủng (52,5%) mang gen *bla*_{TEM+CTX-M-1} và *bla*_{TEM+CTX-M-9}. Tỉ lệ các chủng mang đa gen kháng kháng sinh trong nghiên cứu này tương tự với các nghiên cứu khác trên thế giới. Sana *et al.* (2011) đã ghi nhận trong số 72 chủng *E. coli* phân lập trong phòng thí nghiệm của bệnh viện ở Bắc Lebanon, thì phần lớn các chủng *E. coli* mang hai hoặc đa gen ESBL, chiếm 40/72 (55,5%). Bên cạnh đó, trong 87 chủng sinh ESBL phân lập từ bệnh nhân nhập viện ở Macedonia có 53 (61%) chủng mang đa gen kháng kháng sinh, tỉ lệ này cao hơn một chút so với 52,5% chủng mang đa gen trong nghiên cứu này (Kaftandzieva *et al.*, 2011). Tương tự, nghiên cứu của Mamdouh (2012) đã chứng minh rằng, 32/63

(50,8%) chủng ESBL-*E. coli* phân lập từ bệnh viện Đại học Ai Cập chứa 2 hoặc 3 gen ESBL.

Hơn nữa, tất cả các kiểu gen được phân lập từ cá ở ĐBSCL trong nghiên cứu này đều phổ biến hơn các kiểu gen được phân lập ở người. Phát hiện này có thể được giải thích từ các kết quả nghiên cứu của Korzeniewska *et al.* (2013). Nhóm tác giả này chỉ ra rằng, Enterobacteriaceae hiện diện trong nước thải và chiếm tới 19,8% (90/455 chủng) trong các chủng sinh ESBL. Nghiên cứu cũng đã chứng minh nước thải đô thị có thể là nguồn phát sinh các vi sinh vật kháng kháng sinh cũng như các plasmid mang gen kháng kháng sinh. Do đó, cá nuôi hoặc cá tự nhiên có thể bị nhiễm ESBL-*E. coli* từ nước thải và lây nhiễm sang cho con người thông qua nguồn nước sông. Điều đó đã cho thấy khả năng lây nhiễm sang người cao thông qua chuỗi thức ăn, ảnh hưởng đến

hiệu quả sử dụng thuốc kháng sinh trong điều trị bệnh cho người trong tương lai.

Dựa trên các kiểu gen ESBL phổ biến nhất cũng như sự phổ biến của gen *bla*_{TEM}, *bla*_{CTX-M-1}, kết quả PCR của 5 chủng ESBL-*E. coli* mang gen *bla*_{TEM}, *bla*_{CTX-M-1} và *bla*_{CTX-M-9} được giải trình tự. Chương trình BLAST N (Basic Local Alignment Search Tool, website <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) được

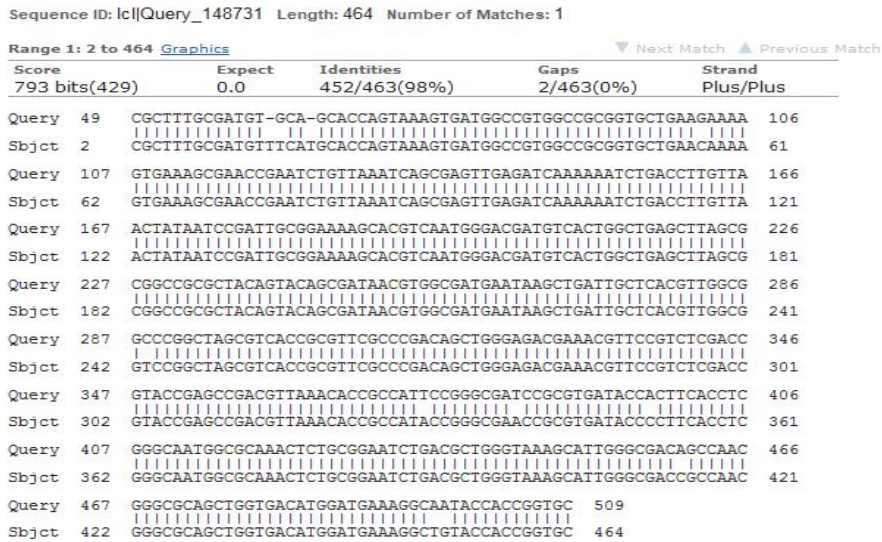
sử dụng để so sánh độ tương đồng của trình tự gen của các chủng vi khuẩn phân lập với các chủng vi khuẩn tham chiếu trên Ngân hàng Gen (GenBank). Độ tương đồng về trình tự gen được trình bày trong Bảng 1. Kết quả so sánh trình tự gen đã cho thấy nguồn gốc của ESBL-*E. coli* được phân lập từ cá nuôi và cá tự nhiên có thể xuất phát từ nguồn chất thải trong chăn nuôi gà, hồ biogas và nước tiểu.

Bảng 1: Kết quả so sánh trình tự gen *bla*_{TEM}, *bla*_{CTX-M-1} và *bla*_{CTX-M-9}

ss	Mã chủng			Độ tương đồng	Chủng tham chiếu trên GenBank		
	Mã	Loài	Ao/Sông		Địa phương	Số đăng ký	Nguồn gốc
<i>bla</i> _{CTX-M-1}	X	<i>Pangasianodon hypophthalmus</i>	Ao	An Giang	99%	JX206430.1	Gà và heo
	X*	<i>Pangasianodon hypophthalmus</i>	Sông Tiền	Đồng Tháp	98%	JX206427.1	
<i>bla</i> _{TEM}	Y	<i>Pangasianodon hypophthalmus</i>	Ao	An Giang	100%	KP634897.1	Gia cầm
	Y*	<i>Pangasianodon hypophthalmus</i>	Sông Hậu			KR632745.1	Nước tiểu
<i>bla</i> _{CTX-M-9}	Z	<i>Oreochromis</i> sp.	Lồng bè	Đồng Tháp	99%	KM507808.1	Hồ biogas

Kết quả so sánh trình tự gen *bla*_{CTX-M-1} ở hai chủng phân lập từ cá nuôi ở An Giang và cá tự nhiên ở Đồng Tháp cho thấy độ tương đồng đến 98% (Hình 2). Tương tự, trình tự gen *bla*_{TEM} của hai chủng này từ cá nuôi và cá tự nhiên ở An Giang

giống nhau 100% (Hình 3). Độ tương đồng về trình tự gen *bla*_{TEM} và *bla*_{CTX-M-1} của ESBL-*E. coli* giữa cá nuôi và cá tự nhiên cho thấy chúng có thể có cùng nguồn lây nhiễm và đáng chú ý là khả năng lây nhiễm cho con người.



Hình 2: Kết quả so sánh trình tự gen *bla*_{CTX-M-1} của 2 chủng vi khuẩn phân lập từ cá nuôi ở An Giang và cá tự nhiên ở Đồng Tháp

Sequence ID: lc||Query_169543 Length: 323 Number of Matches: 1

Range 1: 32 to 323 [Graphics](#) ▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
540 bits(292)	2e-158	292/292(100%)	0/292(0%)	Plus/Plus
Query 2	AGTAAGAGAATTATGCAGTGCCTGCCATAACCATGAGTGATAACACTGCTGCCAACTTACT			61
Sbjct 32	AGTAAGAGAATTATGCAGTGCCTGCCATAACCATGAGTGATAACACTGCTGCCAACTTACT			91
Query 62	TCTGACAACGATCGGAGGACCGAAGGAGCTAACCGCTTTTTTGCACAACATGGGGGATCA			121
Sbjct 92	TCTGACAACGATCGGAGGACCGAAGGAGCTAACCGCTTTTTTGCACAACATGGGGGATCA			151
Query 122	TGTAACCTCGCCTTGATCGTTGGGAACCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAACGACGAGCG			181
Sbjct 152	TGTAACCTCGCCTTGATCGTTGGGAACCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAACGACGAGCG			211
Query 182	TGACACCACGATGCCTGCAGCAATGGCAACACGTTGCGCAAACTATTAACCTGGCGAACT			241
Sbjct 212	TGACACCACGATGCCTGCAGCAATGGCAACACGTTGCGCAAACTATTAACCTGGCGAACT			271
Query 242	ACTTACTCTAGCTTCCCGGCAACAATTAATAGACTGGATGGAGGCGGATAAA			293
Sbjct 272	ACTTACTCTAGCTTCCCGGCAACAATTAATAGACTGGATGGAGGCGGATAAA			323

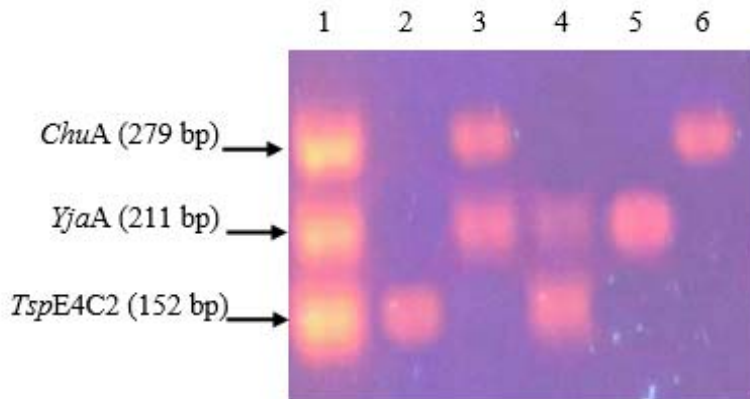
Hình 3: So sánh trình tự gen *bla*_{TEM} của 2 chủng vi khuẩn phân lập từ cá nuôi và cá tự nhiên ở An Giang

Các kiểu gen và kiểu hình của gen kháng kháng sinh của ESBL-*E. coli* phân lập từ cá có nhiều biến đổi hơn do vi khuẩn đến từ nhiều nguồn khác nhau. Tuy nhiên, việc phát hiện vi khuẩn ESBL-*E. coli* ở cá nuôi và cá tự nhiên là một cảnh báo cho người nuôi trong việc sử dụng kháng sinh. Hơn nữa, quá trình nuôi trồng thủy sản cần được quản lý cẩn thận để có thể kiểm soát sự lây lan của các chủng vi khuẩn này sang người.

3.2 Phân tích phát sinh loài của vi khuẩn ESBL-*E. coli*

Clermont *et al.* (2000) đã phát triển phương pháp xác định nhóm phát sinh loài bằng kỹ thuật PCR. Sản phẩm PCR của gen *chuA*, gen *yjaA* và bản sao TSPE4.C2 có kích thước lần lượt là 279 bp, 211 bp, 152 bp. Dựa vào sự hiện diện hay vắng mặt của gen

chuA, gen *yjaA* và bản sao TSPE4.C2, các nhóm phát sinh loài được phân thành 4 nhóm chính: nhóm A (*chuA*⁻, TSPE4.C2⁻), nhóm B1 (*chuA*⁻, TSPE4.C2⁺), nhóm B2 (*chuA*⁺, *yjaA*⁺) và nhóm D (*chuA*⁺, *yjaA*⁻) (Branger *et al.*, 2005). Hình 4 thể hiện kết quả PCR của các nhóm phát sinh loài khác nhau. Kết quả có 17 (42,5%), 17 (42,5%), 3 (7,5%), 3 (7,5%) chủng vi khuẩn sinh ESBL lần lượt được chia thành 4 nhóm A, B1, B2 và D (Bảng 2). Gen *chuA* hiện diện trong tất cả các chủng phân lập thuộc nhóm B2 và D nhưng không hiện diện ở các chủng phân lập thuộc nhóm A và B1. Điều này cho phép phân biệt các nhóm B2 và D từ các nhóm A và B1. Bản sao TSPE4.C2 thuộc nhóm B1 nhưng không thuộc nhóm A. Bên cạnh đó, 100% các chủng phân lập thuộc nhóm B2 mang gen *yjaA* nhưng 100% các chủng phân lập từ nhóm D không mang gen *yjaA*.



Hình 4: Kết quả điện di sản phẩm PCR của các gen quy định nhóm phát sinh loài. Giếng 1: đối chứng dương; giếng 2 và 4: nhóm B1; giếng 3: nhóm B2; giếng 5: nhóm A; giếng 6: nhóm D

Bảng 2: Số lượng và tỉ lệ của các chủng vi khuẩn mang gen ESBL

Số chủng vi khuẩn	Nhóm phát sinh loài (số lượng nhóm)	Số lượng (%) chủng vi khuẩn mang gen		
		ChuA (279bp)	YjaA (211bp)	TspE4.C2 (152bp)
<i>E. coli</i> (40)	A (17)	0	10 (58,8)	0
	B1 (17)	0	1 (5,9)	17 (100)
	B2 (3)	3 (100)	3 (100)	1 (33,3)
	D (3)	3 (100)	0	0

Bảng 3 cho thấy rằng, 2 chủng vi khuẩn thuộc nhóm B2 và 2 chủng vi khuẩn thuộc nhóm D mang 2 gen ESBL trong mỗi chủng. Hơn nữa, 3 chủng vi khuẩn thuộc nhóm D được phân lập từ cá tự nhiên ở

sông Tiền ở Đồng Tháp và Vĩnh Long. Điều này đã minh chứng rõ ràng cho nguy cơ lây nhiễm sang cá nuôi trong ao thông qua nguồn nước sông là tương đối cao và khả năng lây nhiễm cao của các gen độc đối với con người.

Bảng 3: Nhóm phát sinh loài và kiểu gen của vi khuẩn *E. coli* sinh ESBL

Nhóm phát sinh loài của <i>E. coli</i> sinh ESBL	Dương tính với gen ESBL (%)					Số lượng
	TEM	CTX-M-1	CTX-M-9	TEM + CTX-M-1	TEM+CTX-M-9 chủng (%)	
A	2 (11,8)	5 (29,4)	1 (5,9)	6 (35,3)	3 (17,6)	17(100)
B1	3 (17,6)	1 (5,9)	5 (29,4)	7 (41,2)	1 (5,9)	17(100)
B2	1(33,3)	0	0	1(33,3)	1(33,3)	3(100)
D	0	0	1(33,3)	2(66,7)	0	3(100)

Vi khuẩn *E. coli* thường sống trong ruột của người và động vật. Mặc dù hầu hết các chủng *E. coli* là vô hại, chỉ một số chủng cũng gây bệnh cho người, cụ thể như nhiễm trùng đường tiết niệu, nhiễm trùng máu và viêm màng não ở trẻ sơ sinh là các hội chứng nhiễm trùng do *E. coli* gây ra được nghiên cứu nhiều nhất, ngoài nhiễm trùng đường ruột (Johnson *et al.*, 2003). ESBL-*E. coli* được chia thành 4 nhóm chính A, B1, B2, D (Herzer *et al.*, 1990) và hầu hết các gen độc được tập trung trong các nhóm phát sinh loài B2 và D (Lillo *et al.*, 2014). Các chủng ESBL-*E. coli* từ nhóm B2 và D gây ra các bệnh nhiễm trùng nghiêm trọng như nhiễm trùng đường ruột cấp tính, tiêu chảy xuất huyết đường ruột, viêm đại tràng xuất huyết (Franz *et al.*, 2015). Kết quả đã xác định được sự hiện diện của các gen độc thuộc nhóm B2 và D phân lập từ cá ở Đồng Tháp và Vĩnh Long.

4 KẾT LUẬN

Tất cả các chủng ESBL-*E. coli* phân lập từ các mẫu cá thu ở An Giang, Vĩnh Long và Đồng Tháp trong nghiên cứu này đều mang gen kháng thuốc kháng sinh phổ biến, trong đó có 19/40 chủng mang một gen kháng (*bla*_{TEM}, *bla*_{CTX-M-1}, hoặc *bla*_{CTX-M-9}) và 21/40 chủng mang hai gen (*bla*_{TEM+CTX-M-1} hoặc *bla*_{TEM+CTX-M-9}). Các chủng ESBL-*E. coli* này chủ yếu thuộc nhóm A (17 chủng) và B1 (17 chủng). Nghiên cứu cũng phát hiện được 3 chủng thuộc nhóm B2 và 3 chủng thuộc nhóm D, đây là các chủng vi khuẩn có độc lực cao. Để bảo vệ sức khỏe cộng đồng, việc giám sát và kiểm soát sự lây lan của các chủng vi khuẩn kháng thuốc là điều rất cần thiết.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Asma M Al-Jasser, 2006. Extended-Spectrum Beta-Lactamases (ESBLs): A Global Problem. Kuwait Medical Journal. 38(3):171-18.

Branger C, Zamfir O, Geoffroy S, et al., 2005. Genetic Background of *Escherichia coli* and Extended-spectrum β-Lactamase Type. Emerging Infectious Diseases. 11(1):54-61.

Bùi Quý Huy, 2002. Hướng dẫn phòng chống các bệnh do vi khuẩn Chlamydia và Rickettsia từ động vật lây sang người. Nhà xuất bản Nông Nghiệp – Hà Nội. 160 trang.

Cao, V., Lambert, T., Nhu, D.Q., et al., 2002. Distribution of Extended Spectrum β-Lactamases in Clinical Isolates of Enterobacteriaceae in Vietnam. Antimicrobial agents and Chemotherapy. 46 (12): 3739–3743.

Clermont, O., Bonacorsi, S., and Bingen, E., 2000. Rapid and simple determination of the *Escherichia Coli* phylogenetic group. Applied and Environmental Microbiology. 66: 4555–4558.

Dung T.T, N.Q.Thinh, N.T.N.Ngoc, et al., 2008. Common disease of Pangasius catfish farmed in VietNam. Global Aquaculture Advocate. July/ August 77-78.

Franz E, Veenman C, van Hoek AHAM, Husman A de R, Blaak H. 2015. Pathogenic *Escherichia coli* producing Extended-Spectrum β-Lactamases isolated from surface water and wastewater. Scientific Reports. 5:14372.

Herzer PJ, Inouye S, Inouye M, Whittam TS, 1990. Phylogenetic distribution of branched RNA-linked multicopy single-stranded DNA among natural isolates of *Escherichia coli*. Journal of Bacteriology. 172:6175–6181

- Johnson, J.R., Gajewski, A., Lesse, A.J. and Russo, T.A., 2003. Extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* as a cause of invasive nonurinary infections. *Journal of clinical microbiology*. Vol 41 (No.12): 5798–5802.
- Kaftandzieva, A., Trajkovska-Dokic, E. and Panovski, N., 2011. Prevalence and molecular characterization of extended spectrum beta-lactamases (ESBLs) producing *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae*. *Prilozi*. 32(2):129-41
- Korzeniewska, E. and Harnisz, M., 2013. Extended-spectrum beta-lactamase (ESBL)-positive *Enterobacteriaceae* in municipal sewage and their emission to the environment. *Journal of Environmental Management*. 128: 904-911.
- Lê Thị Tài, 1997. Ô nhiễm thực phẩm và sức khỏe con người và gia súc, những thành tựu mới về nghiên cứu phòng chống bệnh ở vật nuôi. *Viện thú y Quốc gia*. 2: 65:66.
- Lillo J, Pai K, Balode A, et al., 2014. Differences in Extended-Spectrum Beta-Lactamase Producing *Escherichia coli* Virulence Factor Genes in the Baltic Sea Region. *BioMed Research International*. 2014: 1-7
- Luvsansharav, U.O., Hirai, I., Niki, M., et al., 2011. Analysis of risk factors for a high prevalence of extended-spectrum β -lactamase-producing *Enterobacteriaceae* in asymptomatic individuals in rural Thailand. *Journal of Medical Microbiology*. 60: 619–624.
- Mamdouh Yones Ali Ahmed, 2012. Characterization and Molecular Epidemiology of Extended-Spectrum- β -Lactamase-Producing *Escherichia coli* derived from University Hospitals of Egypt and Germany. Doctor thesis. Justus-Liebig University Giessen, Gießen, Germany.
- Monstein, H.J., Ostholm-Balkhed, A., Nilsson, M.V., Nilsson, M., Dornbusch, K. and Nilsson, L.E., 2007. Multiplex PCR amplification assay for the detection of *bla*SHV, *bla*TEM and *bla*CTX-M genes in *Enterobacteriaceae*. *Journal of Pathology, Microbiology and Immunology*. 115: 1400-1408.
- Nguyen TNH, Tran TTH, Nguyen QT, et al., 2016. Spread of Antibiotic and Antimicrobial Susceptibility of ESBL-Producing *Escherichia coli* Isolated from Wild and Cultured Fish in the Mekong Delta, Vietnam. *Fish Pathology*. 51 (Special issue): S75-S82.
- Sana, T., Rami, K., Racha, B., Fouad, D., Marcel, A., Hassan, M., Sani, H. and Monzer, H., 2011. Detection of genes TEM, OXA, SHV and CTX-M in 73 clinical isolates of *Escherichia coli* producers of extended spectrum Betalactamases and determination of their susceptibility to antibiotics. *The International Arabic Journal of Antimicrobial Agents*. 1(5): 704-708.
- Sasaki, T., Hirai, I., Niki, M., et al., 2010. High prevalence of CTX-M β -lactamase-producing *Enterobacteriaceae* in stool specimens obtained from healthy individuals in Thailand. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*. 65: 666–668.