

## ĐẶC ĐIỂM DI TRUYỀN CỦA GEN KHÁNG KHÁNG SINH Ở VI KHUẨN *VIBRIO CHOLERA* PHÂN LẬP TẠI TỈNH TRÀ VINH

Nguyễn Thị Đâu<sup>1</sup>, Hồ Thị Việt Thu<sup>2</sup>

### TÓM TẮT

Trong số 25 chủng *Vibrio* spp. phân lập được từ các loại mẫu nước sông, nước biển, thức ăn có nguồn gốc thủy sản tại tỉnh Trà Vinh vào tháng 12 năm 2014, có 6 chủng được định danh là *Vibrio cholerae* và được xác định tính nhạy cảm đối với 8 loại kháng sinh. Bằng phương pháp Kirby-Bauer (CLSI, 2010), đã xác định được các chủng đề kháng kháng sinh bao gồm: streptomycin (50%), ampicillin (17%), tetracycline (33%), trimethoprim-sulfamethoxazole (33%) và vancomycin (67%). Bằng phương pháp PCR, đã phát hiện được 2 chủng *Vibrio cholerae* trong tổng số 6 chủng kiểm tra chứa gen kháng kháng sinh *tetA*, gen mã hóa kháng tetracycline, các nhóm gen *blaSHV*, *aac(3)-IV* và *dhfrI* mã hoá đề kháng với kháng sinh  $\beta$ -Lactam, Aminoglycosid, Trimethoprim đã không phát hiện được ở nghiên cứu này.

Trình tự nucleotide đoạn gen của 2 chủng *Vibrio cholerae* trong nghiên cứu này so sánh với các chủng phân lập được tại Thái Lan, Nhật Bản, Trung Quốc, Indonesia, Brazil và Ấn Độ cho thấy mức độ tương đồng là 97% với 10 chủng; tương đồng 96% với 1 chủng và tương đồng 94% với 2 chủng. Cây phả hệ về chủng loài cũng chứng tỏ mối quan hệ gần của những chủng mang gen kháng kháng sinh luôn có nguy cơ tiềm ẩn, dễ dàng thu nhận và lây truyền các gen kháng từ các yếu tố di truyền như plasmid, integrons, transposons (gen nhảy). Đột biến gen kháng thuốc của vi khuẩn *V. cholerae* luôn hiện diện ngoài môi trường và trong thức ăn có nguồn gốc từ hải sản.

*Từ khoá:* *Vibrio cholerae*, gen kháng kháng sinh, trình tự tương đồng, Trà Vinh.

### Genetic characteristics of antibiotic resistance genes in *Vibrio cholerae* isolated in Tra Vinh province

Nguyen Thi Dau, Ho Thi Viet Thu

### SUMMARY

Out of 25 *Vibrio* spp. strains isolated from the river, sea water and feed having origin from fish in Tra Vinh province in December, 2014, there were 6 strains classified as *Vibrio cholerae* strains and they were tested for antibiotic resistance with 8 antibiotics. By Kirby-Bauer method, the antibiotic resistance strains were determined, including 50% of the strains were resistant to streptomycin, 17% were resistant to ampicillin, 33% were resistant to tetracycline, 33% were resistant to trimethoprim-sulfamethoxazole and 67% were resistant to vancomycin. The PCR analysis results also showed that there were 2 out of 6 *Vibrio cholerae* strains containing antibiotic resistance *tetA* gene encoding for tetracycline resistance, the antibiotic resistance gene groups (*blaSHV*, *aac(3)-IV* and *dhfrI*) encoding for resistance to antibiotics:  $\beta$ -lactam, aminoglycosid, trimethoprim were not detected in this study.

The nucleotide sequence similarity level of the *TestAF* and *TestAR* genes of the isolated strains in this study in comparison with those of the other isolated strains in Thailand, Japan, China, Indonesia, Brazil and India was 97% with 10 strains; 96% with 01 strains and 94% with 02 strains. The result of phylogenetic tree analysis also showed close relationship of the strains carrying antibiotic resistance genes are always potential risks, easy to receive and transfer the antibiotic resistance genes from genetic factors, such as: plasmids, integrons, transposons. The antibiotic resistance mutation genes in *V. cholerae*, are always present in the environment and seafood.

*Keywords:* *Vibrio cholerae*, antibiotic resistance gene, homological sequence, Tra Vinh.

<sup>1</sup> Trường Đại học Trà Vinh

<sup>2</sup> Đại học Cần Thơ