

# KHẢ NĂNG KHÁNG KHÁNG SINH VÀ MỐI QUAN HỆ DI TRUYỀN CỦA VI KHUẨN *ESCHERICHIA COLI* O157 PHÂN LẬP TRÊN BÒ TẠI ĐỒNG BẰNG SÔNG CỬU LONG

*Nguyễn Khánh Thuận, Phạm Thị Tâm Ái, Nguyễn Trần Phước Chiên,  
Nguyễn Thanh Lâm, Lý Thị Liên Khai, Trần Ngọc Bích*  
Bộ môn Thú y, Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ

## TÓM TẮT

Đề tài được thực hiện từ tháng 5/2021 đến 11/2021 nhằm kiểm tra khả năng kháng kháng sinh, phát hiện một số gen kháng kháng sinh và đặc điểm di truyền của 28 chủng vi khuẩn *Escherichia coli* O157 phân lập từ bò tại đồng bằng sông Cửu Long. Kết quả thực hiện kháng sinh đồ cho thấy vi khuẩn *E. coli* O157 nhạy cảm cao với ciprofloxacin, chloramphenicol và amikacin (100%), nhưng kháng cao với ampicillin (46,73%). Tổng số 21 kiểu hình kháng kháng sinh đã được ghi nhận, kiểu hình ghép phổ biến là Am+Bt+Co (10,71%). Các gen mã hoá kháng kháng sinh đã được phát hiện bằng phương pháp PCR. Kết quả nghiên cứu cho thấy tỷ lệ hiện diện của gen  $bla_{CTX-M1}$ ,  $bla_{ampC}$  chiếm tỷ lệ cao nhất (42,86%) và thấp nhất là gen  $bla_{SHV}$  (10,71%). Có sự hình thành 24 kiểu hình gen kháng kháng sinh, trong đó, kiểu hình ghép gen phổ biến là  $bla_{TEM}+bla_{SHV}+bla_{CTX-M1}+tetA+strA$  (10,71%). Mối quan hệ di truyền được xác định bằng phương pháp ERIC-PCR cho thấy các chủng *E. coli* O157 phân lập trên bò tại đồng bằng sông Cửu Long có tỷ lệ tương đồng di truyền khá cao; từ 60,00% đến hơn 80,00%. Đồng thời, sự tương đồng giữa các chủng không bị ảnh hưởng bởi địa điểm, giới tính, mục đích nuôi đã được khảo sát. Do đó, sự hiện diện của *E. coli* O157 trên bò tại đồng bằng sông Cửu Long là một vấn đề cần được quan tâm nhằm bảo vệ sức khỏe cộng đồng.

*Từ khóa:* Bò, đề kháng kháng sinh, *E. coli* O157, quan hệ di truyền, đồng bằng sông Cửu Long.

## Antimicrobial resistance ability and genetic relationship of *Escherichia coli* O157 isolated from cattle in the Mekong Delta

*Nguyen Khanh Thuan, Pham Thi Tam Ai, Nguyen Tran Phuoc Chien,  
Nguyen Thanh Lam, Ly Thi Lien Khai, Tran Ngoc Bich*

## SUMMARY

This study was conducted from 5/2021 to 12/2021 to determine the antibiotic susceptibility, antibiotic resistance genes, and genetic relationship of 28 *Escherichia coli* O157 strains isolated from the cattle in the Mekong Delta. The results of the antimicrobial susceptibility test indicated that *E. coli* O157 was highly susceptible with ciprofloxacin, chloramphenicol, and amikacin (100%), however, these strains showed high resistance against ampicillin (46.73%). There were 21 resistance patterns obtained, and the common pattern was Am+Bt+Co (10.71%). The prevalence of antibiotic resistance genes was determined by the PCR method. The studied results showed that the highest prevalence was  $bla_{CTX-M1}$  and  $bla_{ampC}$  gene (42.86%) while the least prevalence was  $bla_{SHV}$  gene (10.71%). A total of 24 gene patterns of antibiotic genes were obtained, among that, the popular pattern was  $bla_{TEM}+bla_{SHV}+bla_{CTX-M1}+tetA+strA$  gene (10.71%). The genetic relationship of *E. coli* O157 isolated from cattle in the Mekong Delta was carried out by using the ERIC-PCR method, the results exhibited that those isolates shared a high homogeneity, from 60.00% to over 80.00%. Moreover, the similarity of those isolates was not depended on the location, gender, cattle breeding purposes. Therefore, the prevalence of *E. coli* O157 in the Mekong Delta is an important concern to protect public health.

*Keywords:* Cattle, antimicrobial resistance, *E. coli* O157, genetic relationship, the Mekong Delta.