

SỰ HIỆN DIỆN CỦA MỘT SỐ GEN ĐỘC LỰC VÀ GEN KHÁNG KHÁNG SINH CỦA *ESCHERICHIA COLI* PHÂN LẬP TRÊN GÀ VÀ MÔI TRƯỜNG CHĂN NUÔI TẠI TỈNH VĨNH LONG

Nguyễn Khánh Thuận, Hồ Tấn Phú, Lý Thị Liên Khai*
Khoa Thú y, Trường Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ
*Tác giả liên hệ email: ltlkhai@ctu.edu.vn

TÓM TẮT

Đề tài được thực hiện nhằm khảo sát sự hiện diện của một số gen độc lực (*stx1*, *stx2*, *eae*, *hlyA*) và gen kháng kháng sinh (*blaampC*, *blaTEM*, *tetA*, *qnrA*, *sullI*) của vi khuẩn *Escherichia coli* (*E. coli*) phân lập trên gà và môi trường chăn nuôi tại tỉnh Vĩnh Long. Sử dụng phương pháp PCR để phát hiện các gen nêu trên cho thấy trong tổng số 134 chủng *E. coli*, đã tìm thấy 2 gen độc lực *stx2* và *eae*, tỷ lệ chủng mang 2 gen này đều là 10,45%; nhưng không tìm thấy sự hiện diện của gen *stx1* và *hlyA*. Ngoài ra, 68 chủng *E. coli* đã được chọn lọc để kiểm tra tính mẫn cảm với kháng sinh bằng phương pháp khuếch tán trên đĩa thạch. Kết quả kiểm tra cho thấy các chủng *E. coli* này đề kháng kháng sinh với tỷ lệ 4/7, đề kháng cao với ampicillin (94,12%), tetracycline (91,18%), bactrim (66,18%) và streptomycin (50,00%). Trong số 134 chủng *E. coli* đã có nhiều chủng phát hiện được gen kháng kháng sinh, với các gen và tỷ lệ khác nhau như sau: gen *blaampC* (100%), *tetA* (93,28%), *blaTEM* (82,84%), *sullI* (73,13%) và *qnrA* (67,16%). Các chủng *E. coli* không chỉ mang một gen kháng kháng sinh mà còn mang nhiều kiểu hình ghép gen đề kháng, có 11 kiểu hình ghép gen kháng kháng sinh, trong đó kiểu hình ghép 5 gen (*blaampC+tetA+blaTEM+sullI+qnrA*) xuất hiện nhiều nhất (39,55%).

Từ khoá: *E. coli*, gen độc lực, gen kháng kháng sinh, gà, môi trường.

Prevalence of some pathogenic and antibiotic resistance genes in *Escherichia coli* isolated from chicken and livestock environment in Vinh Long province

Nguyen Khanh Thuan, Ho Tan Phu, Ly Thi Lien Khai

SUMMARY

This study was investigated to determine the prevalence of some virulent genes (*stx1*, *stx2*, *eae*, *hlyA*) and antibiotic resistance genes (*blaampC*, *blaTEM*, *tetA*, *qnrA*, *sullI*) of *Escherichia coli* (*E. coli*) isolated from chickens and livestock environment in Vinh Long province. Using PCR method for detecting the above mentioned genes, from 134 *E. coli* strains, the *stx2* gene and *eae* gene were found, the rate of *E. coli* strains carrying these genes was the same (10.45%), however, *stx1* gene and *hlyA* gene were not detected. In addition, there were 68 *E. coli* strains selected for examining the antimicrobial susceptibility by the diffusion method. The examined results showed that these *E. coli* strains were resistant to 4/7 antibiotics, highly resistant to ampicillin (94.12%), tetracycline (91.18%), bactrim (66.18%), and streptomycin (50.00%). From 134 *E. coli* strains, several antibiotic resistance genes were detected with the rates as follows: *blaampC* (100%), *tetA* (93.28%), *blaTEM* (82.84%), *sullI* (73.13%), and *qnrA* (67.16%) gene. These *E. coli* strains not only harbored one antibiotic resistance gene but also carried diverse combined patterns of resistance genes. There were 11 combined patterns of antibiotic resistance genes, of which the combined pattern of 5 antibiotic resistance genes (*blaampC+tetA+blaTEM+sullI+qnrA*) was the most appeared (39.55%).

Keywords: *E. coli*, pathogenic genes, antibiotic resistance genes, chicken, environment.