

XÁC ĐỊNH SỰ LƯU HÀNH, MẮN CẢM KHÁNG SINH VÀ GEN KHÁNG KHÁNG SINH CỦA VI KHUẨN *SALMONELLA* SPP. PHÂN LẬP TRÊN CON KỶ TÔM (*PHISIGNATHUS CONCINCINUS*) TẠI TỈNH KIÊN GIANG

Dương Cẩm Linh¹, Phạm Lê Minh Lộc¹, Nguyễn Hồ Thanh Tuyền¹,
Nguyễn Nhật Huy¹, Nguyễn Chí Hiếu¹, Ngô Văn Thống², Nguyễn Khánh Thuận^{1*}

*Tác giả liên hệ email: nkthuan@ctu.edu.vn

TÓM TẮT

Đề tài được thực hiện từ tháng 6/2022 đến 11/2022 nhằm kiểm tra sự lưu hành, xác định sự miễn cảm kháng sinh và sự hiện diện gen kháng kháng sinh của vi khuẩn *Salmonella* phân lập từ con kỳ tôm tại tỉnh Kiên Giang. Sử dụng phương pháp nghiên cứu trong TCVN 4829:2005 (ISO 6579:2002) để phân lập vi khuẩn, và từ 140 mẫu phân kỳ tôm đã phân lập được 15,7% số lượng mẫu dương tính với vi khuẩn *Salmonella*. Sử dụng phương pháp khuếch tán trên đĩa thạch để thử nghiệm sự miễn cảm với kháng sinh của vi khuẩn *Salmonella*. Kết quả thử nghiệm cho thấy vi khuẩn *Salmonella* nhạy cảm cao với ceftazidime, amikacin và levofloxacin (100%), nhưng kháng lại với streptomycin (45,5%). Tổng số 17 kiểu hình gen kháng kháng sinh đã được ghi nhận, kiểu hình đa kháng phổ biến là Sm+Te, Am+Ac+Cu (9,1%). Các gen mã hoá khả năng kháng kháng sinh đã được phát hiện bằng phương pháp PCR, trong đó gen *qnrA* chiếm tỷ lệ cao nhất (72,7%) và thấp nhất là gen *tetA* (13,6%). Có sự hình thành 15 kiểu gen ghép kháng kháng sinh, trong đó phổ biến là *bla_{ampC}+qnrA+sullI* (18,2%). Do đó, sự hiện diện của vi khuẩn *Salmonella* có khả năng kháng kháng sinh trên kỳ tôm là một vấn đề cần được quan tâm để bảo vệ sức khỏe cộng đồng tại tỉnh Kiên Giang.

Từ khóa: Kỳ tôm, sự lưu hành, kháng kháng sinh, *Salmonella*, tỉnh Kiên Giang.

Determining prevalence, antimicrobial susceptibility and resistance gene of *Salmonella* spp. isolated from *Phisignathus concincinus* in Kien Giang province

Duong Cam Linh, Pham Le Minh Loc, Nguyen Ho Thanh Tuyen,
Nguyen Nhat Huy, Nguyen Chi Hieu, Ngo Van Thong, Nguyen Khanh Thuan

SUMMARY

This study was conducted from June, 2022 to November, 2022 to determine the circulation, antibiotic susceptibility and presence of the antimicrobial-resistance genes of *Salmonella* strains isolated from *Phisignathus concincinus* in Kien Giang province. Using the research method in TCVN 4829:2005 (ISO 6579:2002) to isolate bacteria and from 140 fecal samples of *Phisignathus concincinus*, there were 15.7% of positive samples with *Salmonella* detected. The results of the antimicrobial susceptibility test using the antibiotic disc diffusion method indicated that *Salmonella* was highly susceptible with ceftazidime, amikacin, and levofloxacin (100%); but resistant to streptomycin (45.5%). There were 17 antibiotic-resistance patterns obtained, and the common combined patterns were Sm+Te, Am+Ac+Cu (9.1%). The prevalence of antibiotic resistance genes was determined by the PCR method. The studied results showed that the highest prevalence was *qnrA* gene (72.7%) and the lowest prevalence was *tetA* gene (13.6%). A total of 15 combined gene patterns of antibiotic genes were obtained, among them, the popular pattern was *bla_{ampC}+qnrA+sullI* (18.2%). Therefore, the prevalence of *Salmonella* harboring the antibiotic-resistance ability of *Phisignathus concincinus* is a crucial concern and need to pay attention to protect public health in Kien Giang province.

Keywords: *Phisignathus concincinus*, circulation, antimicrobial resistance, *Salmonella*, Kien Giang province.

¹ Khoa Thú y, Trường Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ

² Khoa Nông nghiệp và Phát triển nông thôn, Trường Đại học Kiên Giang