

# ĐẶC ĐIỂM KIỂU GEN VÀ KIỂU HÌNH KHÁNG KHÁNG SINH CỦA *ESCHERICHIA COLI* PHÂN LẬP TỪ THỊT HEO BÁN TẠI MỘT SỐ CHỢ TRUYỀN THỐNG TRÊN ĐỊA BÀN THÀNH PHỐ HUẾ

Nguyễn Văn Chảo<sup>1\*</sup>, Hồ Thị Dung<sup>1</sup>, Vũ Thị Thanh Tâm<sup>2</sup>, Phạm Hoàng Sơn Hưng<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Trường Đại học Nông Lâm, Đại học Huế;

<sup>2</sup>Viện nghiên cứu khoa học miền Trung, Bảo tàng Thiên nhiên Việt Nam, Viện Hàn lâm  
Khoa học và Công nghệ Việt Nam.

\*Tác giả liên hệ: nguyenvanchao@huaf.edu.vn

Nhận bài: 02/03/2025 Hoàn thành phản biện: 07/05/2025 Chấp nhận bài: 13/06/2025

## TÓM TẮT

Nghiên cứu này đặt ra mục tiêu là phân tích đặc điểm kháng kháng sinh (KKS) của *Escherichia coli* (*E. coli*) phân lập từ thịt heo bán ở các chợ truyền thống trên địa bàn thành phố Huế. Tổng số 180 chủng *E. coli* được phân lập từ 60 mẫu thịt heo lấy từ 4 chợ gồm An Cựu, Bến Ngự, Đông Ba và Tây Lộc. Phương pháp khuếch tán trên thạch và phương pháp PCR lần lượt được sử dụng để phân tích mức độ KKS và gen KKS của *E. coli*. Kết quả cho thấy tỷ lệ cao các chủng kháng với ampicillin (70,0%), chloramphenicol (52,8%). Sự khác nhau về tỷ lệ kháng với ampicillin, streptomycin, và sulfamethoxazole/trimethoprim giữa các chợ cũng được phát hiện ( $p < 0,05$ ). Có 75,6% chủng kháng ít nhất hai loại kháng sinh và 2,2% chủng kháng đến 7 loại kháng sinh. Các tổ hợp đa kháng phổ biến nhất được phát hiện là AMP-STR-CHL và AMP-TET-CHL (13/180, 7,2%); AMP-STR-TET-CHL (6/180, 3,3%); và đặc biệt có 8 chủng (4,4%) cùng kháng 6 loại kháng sinh gồm AMP-GEN-STR-TET-SXT-CHL. Các gen KKS được phát hiện với tỷ lệ khác nhau từ 23,3% với *dfrA1* đến 36,7% với *blaCMY-2*. Mỗi tương quan giữa tính kháng lại một cặp kháng sinh hay tương quan giữa kiểu gen và kiểu hình kháng thuốc kháng sinh ở *E. coli* cũng được phát hiện. Từ kết quả nghiên cứu này cho thấy, mức độ phổ biến của *E. coli* kháng thuốc phân lập từ thịt heo là rất đáng báo động. Vì vậy, cần có các nghiên cứu để đánh giá được nguồn lây nhiễm *E. coli* kháng thuốc trong thịt heo bán tại các chợ truyền thống để có các biện pháp ngăn chặn kịp thời và hiệu quả.

**Từ khóa:** Thịt heo, Kháng kháng sinh, Gen kháng kháng sinh, *E. coli*, Chợ truyền thống

## CHARACTERISTICS OF ANTIBIOTIC RESISTANCE OF *ESCHERICHIA COLI* ISOLATED FROM RETAIL PORK IN TRADITIONAL MARKETS IN HUE CITY

Nguyen Van Chao<sup>1\*</sup>, Ho Thi Dung<sup>1</sup>, Vu Thi Thanh Tam<sup>2</sup>, Pham Hoang Son Hung<sup>1</sup>

<sup>1</sup>University of Agriculture and Forestry, Hue University;

<sup>2</sup>Mientrung Institute for Scientific Research, Vietnam National Museum of Nature,  
Vietnam Academy of Science and Technology.

\*Corresponding author: nguyenvanchao@huaf.edu.vn

Received: 02/03/2025

Revised: 07/05/2025

Accepted: 13/06/2025

## ABSTRACT

This study aimed to investigate the antibiotic resistance (AMR) characteristics of *E. coli* isolated from retail pork sold in some traditional markets in Hue City. A total of 180 *E. coli* strains were isolated from 60 pork samples collected from four markets (An Cuu, Ben Ngu, Dong Ba and Tay Loc). The AMR and antimicrobial resistance gens (ARGs) of *E. coli* strains were analyzed by used disk diffusion and PCR methods, respectively. The results showed a high rate of strains resistant to ampicillin (70.0%) and chloramphenicol (52.8%). A significant difference in frequency of *E. coli* strains resistant to ampicillin, streptomycin, and sulfamethoxazole/trimethoprim among markets were observed ( $p < 0.05$ ). A total 136 out of 180 (75.6%) strains were resistant to at least two antimicrobial agents, while 2.2% were resistance to seven antimicrobial agents. The most common multidrug-resistant combinations detected were AMP-STR-CHL and AMP-TET-CHL (13/180, 7.2%); AMP-STR-TET-CHL (6/180, 3.3%); and notably, 8 strains (4.4%) were resistant to six antimicrobial agents, including AMP-GEN-STR-TET-SXT-CHL. The frequency of *E. coli* strains carrying ARGs were ranged from 23.3% for *dfrA1* to 36.7% for *blaCMY-2*. A correlation between resistance phenotypes to certain antibiotics was also observed ( $p < 0,05$ ). The findings of this study indicated that the prevalence of AMR *E. coli* in pork

is highly concerning. Further studies are needed to determine the source of AMR *E. coli* in retail pork from traditional markets.

**Keywords:** Pork, Antimicrobial resistant, Antimicrobial resistant gen, *E. coli*, Traditional market

## 1. MỞ ĐẦU

Thịt chiếm một phần đáng kể trong chế độ ăn của hầu hết mọi người trên toàn thế giới. Mức tiêu thụ thịt heo trung bình hàng năm trên thế giới là khoảng 15 kg/người, tiếp theo là thịt gia cầm (12,6 kg) và thịt bò (9,6 kg). Mức tiêu thụ thịt hàng năm ở châu Âu thậm chí còn cao hơn (thịt heo 34,2 kg, thịt gia cầm 21,9 kg và thịt bò 16,1 kg). Tiêu thụ thực phẩm không an toàn là nguyên nhân gây ra khoảng 600 triệu ca ngộ độc thực phẩm và 420.000 ca tử vong mỗi năm (World Health Organization, 2022). Thịt và các sản phẩm từ thịt có thể dễ dàng bị nhiễm *Escherichia coli* (*E. coli*) trong quá trình giết mổ, tiếp xúc với nước bị ô nhiễm, quá trình vận chuyển hoặc trong quá trình chế biến thịt (Álvarez-Fernández và cs., 2013).

*E. coli* là vi khuẩn cộng sinh phổ biến, đồng thời cũng là tác nhân gây bệnh quan trọng ở động vật và người (Duffy và cs., 2008). *E. coli* được sử dụng để đánh giá chất lượng vệ sinh của nước, thực phẩm và sự hiện diện của nó cũng có thể chỉ ra sự hiện diện của các tác nhân gây bệnh đường ruột (Altalhi và Hassan, 2009; Faife và cs., 2024). Hơn nữa, mức độ KKS ở *E. coli* phân lập từ thực phẩm được xem là một chỉ báo tốt về áp lực chọn lọc do việc sử dụng kháng sinh gây ra (Lawal và cs., 2024; Liu và cs., 2024; Yibar và cs., 2024). Sử dụng nhiều chất kháng khuẩn trong sản xuất thịt động vật làm gia tăng KKS ở vi khuẩn. Vi khuẩn có nguồn gốc từ động vật làm thực phẩm thường có khả năng kháng nhiều loại chất kháng khuẩn, bao gồm cả những kháng sinh thường được sử dụng ở người (Onwumere-Idolor và cs., 2024). Việc truyền vi khuẩn kháng thuốc giữa động vật và con người

thông qua các sản phẩm thực phẩm đã được ghi nhận và có thể gây ra mối đe dọa đối với sức khỏe cộng đồng (Bakshi và cs., 2024; Onwumere-Idolor và cs., 2024). *E. coli* là vi khuẩn phổ biến trong cơ thể động vật, có thể tích tụ gen kháng thuốc thông qua quá trình chuyển gen theo chiều ngang, dẫn đến phát triển tình trạng KKS (Loayza và cs., 2020). *E. coli* kháng thuốc đã được phát hiện trong môi trường thực phẩm và y tế ở nhiều quốc gia và khu vực khác nhau; các chủng này biểu hiện các đặc điểm như mức độ kháng thuốc cao, phạm vi kháng thuốc rộng và các dạng phức tạp (Charles và cs., 2022; Islam và cs., 2023), gây ra rủi ro cho an toàn thực phẩm và sức khỏe con người. Hơn nữa, vi khuẩn kháng thuốc là nguồn chứa các gen kháng thuốc truyền sang vi khuẩn gây bệnh hoặc vi khuẩn cộng sinh trong đường tiêu hóa (Yibar và cs., 2024), do đó làm giảm hiệu quả điều trị các bệnh truyền nhiễm do vi khuẩn.

Nghiên cứu này giúp phát hiện mức độ KKS và tần số mang gen KKS của *E. coli* phân lập từ thịt heo bán tại một số chợ bán lẻ trên địa bàn thành phố Huế. Ngoài ra nghiên cứu cũng phân tích mối tương quan giữa các cặp kiểu hình kháng kháng sinh, kiểu gen và kiểu hình kháng sinh để từ đó đánh giá được rủi ro cho người tiêu dùng tiếp xúc với vi khuẩn kháng thuốc.

## 2. NỘI DUNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1. Phương pháp lấy mẫu

Tổng số 60 mẫu thịt heo được lấy từ 4 chợ trên địa bàn thành phố Huế gồm An Cựu, Bến Ngự, Đông Ba, Tây Lộc, mỗi chợ lấy 3 mẫu với 5 đợt lấy mẫu. Tiêu chuẩn QCVN 01-04:2009/BNNPTNT (Bộ Nông nghiệp và Phát triển nông thôn, 2009) được

áp dụng để thực hiện các bước lấy mẫu. Túi nilon vô trùng có khóa zip được sử dụng đựng từng mẫu riêng lẻ, sau đó được bảo quản trong điều kiện lạnh của thùng xốp có đá và vận chuyển về phòng thí nghiệm. Các chỉ tiêu phân tích mẫu được thực hiện tại phòng thí nghiệm Sinh học phân tử, Khoa Chăn nuôi Thú y, Trường Đại học Nông Lâm, Đại học Huế.

## 2.2. Phương pháp xử lý mẫu và phân lập *E. coli*

Sử dụng 25g mẫu đã được cắt nhỏ bằng kéo vô trùng và đồng nhất với 225 mL đệm peptone 0,1% w/v (Xilong Scientific, Quảng Đông, Trung Quốc). Sử dụng hỗn hợp mẫu sau đồng nhất để pha loãng thành dãy thập phân đệm peptone 0,1% đến độ pha loãng  $10^{-3}$ . Sử dụng các mức pha loãng  $10^{-2}$  và  $10^{-3}$ , mỗi mức 3 mL để nhỏ lên 3 đĩa (mỗi đĩa 1 mL) Petrifilm (Poland, Conway Ave, Hoa Kỳ), các đĩa sẽ được ủ nuôi cấy ở  $37^{\circ}\text{C}$  trong 24 giờ. Các khuẩn lạc của *E. coli* điển hình trên đĩa Petrifilm có màu xanh ở giữa vùng có sinh khí, 3 khuẩn lạc/mẫu sẽ được chọn để nuôi cấy thuần trên môi trường Tryptic soy agar (TSA, code 41171605, Merck, Đức). Các chủng được định danh bằng phương pháp nhuộm Gram, catalase, và các xét nghiệm sinh hóa bằng sử dụng dãy sinh hóa API (API 20E strips, Biomerieux, USA). Các chủng *E. coli* sau khi định danh được nuôi cấy tăng sinh trong môi trường Brain Heart Infusion broth (BHI, Sigma, St. Louis, MO, USA), sau đó được bảo quản trong môi trường có bổ sung 25% glycerol ở  $-20^{\circ}\text{C}$ .

## 2.3. Đánh giá mức độ kháng kháng sinh của *E. coli*

Tính nhạy cảm với kháng sinh của các chủng *E. coli* được đánh giá bằng cách sử dụng phương pháp khuếch tán trên đĩa thạch Mueller-Hinton (Oxoid, Vương quốc Anh) theo hướng dẫn và khuyến nghị của Clinical and Laboratory Standards Institute (2020). Ampicillin (AMP, 10  $\mu\text{g}$ ); cefotaxime (CTX, 30  $\mu\text{g}$ ); cephalexin (CFL, 30  $\mu\text{g}$ ); chloramphenicol (CHL, 30  $\mu\text{g}$ ); colistin (CL, 10  $\mu\text{g}$ ); doxycycline (DO, 30  $\mu\text{g}$ ); gentamicin (GEN, 10  $\mu\text{g}$ ); streptomycin (STR, 10  $\mu\text{g}$ ); trimethoprim-sulfamethoxazole (SXT, 25  $\mu\text{g}$ ); tetracycline (TET, 30  $\mu\text{g}$ ) (Nam Khoa, Việt Nam) là 10 loại kháng sinh đã được sử dụng để thử nghiệm. Mức độ kháng, trung bình và nhạy cảm được đánh giá theo tiêu chuẩn Clinical and Laboratory Standards Institute (2020).

## 2.4. Phân tích gen kháng kháng sinh của *E. coli*

DNA tổng số của các chủng vi khuẩn được tách chiết bằng sử dụng bộ kit QIAamp DNA Stool mini (Qiagen, Đức), các bước thực hiện theo hướng dẫn của nhà sản xuất. Các gen KKS bao gồm *blaTEM*, và *blaCMY-2* quy định cho sản xuất  $\beta$ -lactamase kháng lại các kháng sinh nhóm  $\beta$ -lactam, các gen kháng streptomycin (*strA* và *aadA*), kanamycin và gentamicin (*aadB*), sulfonamid (*sul1*), chloramphenicol (*catA*), trimethoprim (*dfrA1*) và tetracycline (*tetA*) đã được phân tích bằng phương pháp PCR theo mô tả của Kozak và cs. (2009). Kích thước các sản phẩm khuếch đại cho các đoạn mỗi oligonucleotide cụ thể được sử dụng trong nghiên cứu này được thể hiện trong Bảng 1.

**Bảng 1.** Trình tự mồi, độ dài sản phẩm và nhiệt độ bắt cặp sử dụng trong PCR phát hiện gen kháng kháng sinh của *E. coli*

| Tên gen         | Tên mồi    | Trình tự đoạn mồi (5'-3') | Kích thước sản phẩm PCR (bp) | Nhiệt độ bắt cặp (°C) | Nguồn tham khảo            |
|-----------------|------------|---------------------------|------------------------------|-----------------------|----------------------------|
| <i>sul1</i>     | Sul1-F     | CGGCGTGGGCTACCTGAACG      | 433                          | 66                    | Kern và cs. (2002)         |
|                 | Sul1-R     | GCCGATCGCGTGAAGTTCCG      |                              |                       |                            |
| <i>tetA</i>     | tetA-F     | GGCGGTCTTCTTCATCATGC      | 502                          | 63                    | Livak và Schmittgen (2001) |
|                 | tetA-R     | CGGCAGGCAGAGCAAGTAGA      |                              |                       |                            |
| <i>aadA</i>     | aadA-F     | GTGGATGGCGGCCTGAAGCC      | 525                          | 63                    | Madsen và cs. (2000)       |
|                 | aadA-R     | AATGCCCAGTCGGCAGCG        |                              |                       |                            |
| <i>aadB</i>     | aadB-F     | GAGGAGTTGGACTATGGATT      | 208                          | 55                    | Travis và cs. (2006)       |
|                 | aadB-R     | CTTCATCGGCATAGTAAAAG      |                              |                       |                            |
| <i>strA</i>     | strA-F     | ATGGTGGACCCTAAAACCTCT     | 893                          |                       | Boerlin và cs. (2005)      |
|                 | strB-R     | CGTCTAGGATCGAGACAAAG      |                              |                       |                            |
| <i>blaTEM</i>   | blaTEM-F   | TTAACTGGCGAACTACTTAC      | 247                          | 55                    | Kozak và cs. (2009)        |
|                 | blaTEM-R   | GTCTATTTTCGTTTCATCCATA    |                              |                       |                            |
| <i>blaCMY-2</i> | blaCMY-2-F | GACAGCCTCTTTCTCCACA       | 1000                         |                       | Kozak và cs. (2009)        |
|                 | blaCMY-2-R | TGGACACGAAGGCTACGTA       |                              |                       |                            |
| <i>catA</i>     | catA-F     | CCAGACCGTTCAGCTGGATA      | 454                          |                       | Kozak và cs. (2009)        |
|                 | catA-R     | CATCAGCACCTTGTCGCCT       |                              |                       |                            |
| <i>dfrA1</i>    | dfrA1-F    | CAATGGCTGTTGGTTGGAC       | 254                          |                       | Kozak và cs. (2009)        |
|                 | dfrA1-R    | CCGGCTCGATGTCTATTGT       |                              |                       |                            |

## 2.5. Phương pháp xử lý số liệu

Các số liệu của nghiên cứu được quản lý và xử lý thống kê mô tả bằng phần mềm Excel 2016. Sự khác nhau mức độ kháng với từng kháng sinh, tỷ lệ chủng *E. coli* mang gen KKS giữa các chợ được phát hiện bằng phần mềm IBM SPSS Statistics version 18.0 (IBM, Armonk, NY, Mỹ). So sánh thống kê được phân tích bằng hàm Chi-square và Fisher. Sự sai khác có ý nghĩa thống kê được đánh giá ở mức  $p < 0,05$ . Phân tích bắt cặp bội lệ mức độ tương quan giữa hai trạng thái đề kháng khác nhau (đề kháng và mẫn cảm) trong quần thể các chủng phân lập đối với các kháng sinh được

thử, tương quan giữa thuộc tính đề kháng của một KS với một KS khác, tương quan giữa thể hiện KKS các chủng với sự có mặt của gen tương ứng được xét nghiệm, cũng như tương quan giữa sự có mặt của hai gen mã hóa tính KKS giữa các chủng phân lập được phân tích bằng Correlation Pearsons. Các giá trị được trình bày là hệ số tương quan (Correlation Pearsons-CP), khi CP nhận giá trị từ -1 đến  $< 0$  thì được xác định là tương nghịch; khi CP nhận giá trị từ lớn hơn 0 đến 1 được xác định là tương quan thuận. Các mối tương quan được coi là có ý nghĩa thống kê khi giá trị  $p < 0,05$ . Các chủng *E. coli* được coi là đa kháng thuốc khi

chúng kháng lại từ 2 kháng sinh trở lên. Chúng mang đa gen KKS được xác định khi chủng *E. coli* đó mang từ hai gen KKS trở lên.

### 3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

#### 3.1. Kết quả phân tích mức độ kháng kháng sinh của *E. coli* phân lập được

Tổng số 60 mẫu thịt đã được lấy, trong đó có 53 mẫu dương tính với *E. coli*, kết quả đã được trình bày trong nghiên cứu trước đây (Lê Minh Đức và cs., 2023). Từ mỗi mẫu chọn từ 3 đến 4 khuẩn lạc (đảm bảo số chủng được chọn ở các chợ bằng nhau 45 chủng) để thực hiện trong nghiên cứu này. Mức độ KKS của *E. coli* phân lập từ mẫu thịt heo lấy tại một số chợ truyền thống ở thành phố Huế được trình bày ở Bảng 2. Kết quả cho thấy tỷ lệ cao các chủng *E. coli* phân lập được kháng lại AMP, CHL, TET và STR; trong khi đó tỷ lệ cao nhạy cảm với CFL, CTX, SXT, DO và GEN. Trong đó tỷ lệ kháng cao nhất với AMP (70,0%), tiếp theo là CHL (52,8%), TET (43,9%) và STR (41,1%). Các chủng *E. coli* phân lập được nhạy cảm cao với CFL (76,1%), tiếp theo là CTX (67,2%), SXT (65,6%), DO (60,0%), và GEN (55,0%). Từ Bảng 3 cho thấy, có sự khác nhau tỷ lệ kháng với AMP, STR và SXT của *E. coli* phân lập từ các chợ khác nhau. Cụ thể, tỷ lệ kháng lại AMP, STR, và SXT của *E. coli* phân lập từ chợ Tây Lộc là cao nhất, lần lượt là 80,0%; 57,8% và 48,9%. Trong đó tỷ lệ kháng với AMP của *E. coli* phân lập ở chợ Tây Lộc (80,0%) cao hơn chợ Bến Ngự (60,0%) ( $p < 0,05$ ). Tỷ lệ kháng với STR của *E. coli* phân lập ở chợ Tây Lộc (57,8%) cao hơn chợ An Cựu (24,4%) ( $p < 0,05$ ). Tương tự, tỷ lệ kháng SXT ở chợ Tây Lộc (48,9%) cao hơn các chợ còn lại (28,9%) ( $p < 0,05$ ). Tỷ lệ cao (75,6%) các chủng *E. coli* phân lập được thể hiện tính đa kháng thuốc (Bảng 4). Trong đó, tỷ lệ cao các chủng đa kháng thuốc tập trung ở nhóm kháng lại từ 3 đến 5 loại kháng sinh. Đặc biệt có 4 chủng (2,2%) kháng lại 7 loại kháng sinh. Khi

phân tích tổ hợp đa kháng thuốc cho thấy, trong số 19 chủng kháng 1 loại kháng sinh thì có 9 chủng (5,0%) kháng lại AMP, 3 chủng (1,7%) kháng lại CFL và TET. Trong số các chủng kháng cùng lúc 3 loại kháng sinh có 13 chủng (7,2%) cùng kháng lại AMP-STR-CHL và 13 chủng (7,2%) cùng kháng lại AMP-TET-CHL. Trong số các chủng kháng lại 4 loại kháng sinh có 6 chủng (3,3%) cùng kháng lại AMP-STR-TET-CHL. Đặc biệt, có 8 chủng (4,4%) cùng kháng 6 loại kháng sinh (trong đó có 5 loại kháng sinh được dùng phổ biến trong chăn nuôi) gồm AMP-GEN-STR-TET-SXT-CHL. Có 3 chủng (1,7%) cùng kháng lại 7 loại kháng sinh gồm AMP-CFL-GEN-STR-TET-SXT-CHL (Bảng 5).

Thịt heo được coi là yếu tố mang vi khuẩn kháng thuốc và có thể truyền tính kháng thuốc sang người (Jaja và cs., 2020). Trong đó *E. coli* thường được sử dụng là vi khuẩn chỉ thị trong các chương trình giám sát mức độ ô nhiễm vi sinh vật và khả năng truyền tính kháng thuốc kháng sinh. Việc giám sát tỷ lệ KKS ở *E. coli* là giải pháp cần thiết để phát hiện sớm khả năng truyền tính kháng thuốc qua người từ sản phẩm động vật (Collineau và cs., 2018; Schrijver và cs., 2018). Nghiên cứu này tập trung vào việc phân tích mức độ KKS của *E. coli* phân lập từ thịt heo bán tại một số chợ truyền thống trên địa bàn thành phố Huế; đồng thời chỉ ra các mối tương quan giữa các cặp kiểu hình, cặp kiểu gen và giữa kiểu hình và kiểu gen thuốc của *E. coli* phân lập được. Kết quả cho thấy *E. coli* phân lập được có mức độ kháng với các loại kháng sinh là khác nhau. Có sự khác nhau về mức độ kháng các kháng sinh AMP và STR ở *E. coli* thu được từ các chợ khác nhau. Kết quả của nghiên cứu này cũng giống một số nghiên cứu khác đó là tỷ lệ kháng thuốc thay đổi tùy vào vùng nghiên cứu, loại mẫu, chủng *E. coli* phân lập được (Lugsomya và cs., 2018; Jaja và cs., 2020; Aworh và cs., 2024; Bakshi và cs., 2024; Liu và cs., 2024). Tỷ lệ cao các

chủng kháng lại AMP (70,0%), CHL (52,8%) và TET (43,9%) tương đồng với kết quả nghiên cứu của một số tác giả khác (Trần Thị Lệ Triệu và cs., 2022; Tường Quốc Triều và cs., 2022; Aworh và cs., 2024; Byrne và cs., 2024). Trần Thị Lệ Triệu và cs. (2022) đã báo cáo *E. coli* phân lập từ thịt heo và môi trường lò mổ kháng mạnh với các loại kháng sinh AMP (79,2%), và STR (62,5%). Tỷ lệ cao các chủng *E. coli* phân lập từ thịt heo bán tại các chợ ở thành phố Buôn Ma Thuột kháng với các loại kháng sinh AMP (81,8%), TET (70,8%), và CIP (50,7%) đã được báo cáo bởi Tường Quốc Triều và cs. (2022). Tỷ lệ cao các chủng *E. coli* phân lập từ thịt heo đa kháng thuốc cũng đã được báo cáo bởi một số tác giả Maniawang và Pangga (2021); Trần Thị Lệ Triệu và cs. (2022); Tường

Quốc Triều và cs. (2022). Nghiên cứu của Maniawang và Pangga (2021) cho thấy có 100% chủng *E. coli* phân lập từ thịt heo bán ở chợ thuộc Laguna, Philippines kháng ít nhất 3 loại kháng sinh. Trong đó có 22,2% kháng lại tổ hợp 7 loại kháng sinh AMP-cephalothin-cefoperazone-CHL-TET-DO-trimethoprim. Tình trạng KKS ở *E. coli* phân lập từ thịt heo trong nghiên cứu này và các nghiên cứu trước đây cho thấy, người sử dụng thịt nhiễm *E. coli* có nguy cơ cao tiếp nhận các chủng đã kháng thuốc. Cần có nhiều giải pháp hơn nữa trong việc kiểm soát sử dụng kháng sinh trong chăn nuôi nơi khởi nguồn cho chuỗi cung ứng thực phẩm cũng là nguồn gốc chính của nhiều loài vi khuẩn kháng thuốc có thể truyền sang người.

**Bảng 2.** Mức độ kháng kháng sinh của *E. coli* phân lập được (n = 180)

| Kháng sinh                    | Mức độ kháng (%) |            |          |
|-------------------------------|------------------|------------|----------|
|                               | Kháng            | Trung gian | Nhạy cảm |
| Ampicillin                    | 70,0             | 11,7       | 18,3     |
| Cefotaxime                    | 1,1              | 31,7       | 67,2     |
| Cephalexin                    | 18,9             | 5,0        | 76,1     |
| Gentamicin                    | 26,7             | 18,3       | 55,0     |
| Streptomycin                  | 41,1             | 31,1       | 27,8     |
| Doxycycline                   | 2,22             | 37,8       | 60,0     |
| Tetracycline                  | 43,9             | 23,9       | 32,2     |
| trimethoprim-sulfamethoxazole | 33,9             | 0,56       | 65,6     |
| Chloramphenicol               | 52,8             | 9,44       | 37,8     |
| Colistin                      | 5,0              | 60,0       | 35,0     |

Mức độ kháng được xác định dựa vào tiêu chuẩn của CLSI (2020).

**Bảng 3.** Sự khác nhau của mức độ kháng kháng sinh ở *E. coli* phân lập từ các chợ khác nhau

| Kháng sinh                    | An Cựu<br>(n = 45) | Bến Ngự<br>(n = 45) | Đông Ba<br>(n = 45) | Tây Lộc<br>(n = 45) |
|-------------------------------|--------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| Ampicillin                    | 73,3 <sup>ab</sup> | 60,0 <sup>a</sup>   | 66,7 <sup>ab</sup>  | 80,0 <sup>b</sup>   |
| Cefotaxime                    | 2,2                | 0,0                 | 2,2                 | 0,0                 |
| Cephalexin                    | 13,3               | 24,4                | 15,6                | 22,2                |
| Gentamicin                    | 20,0               | 28,9                | 22,2                | 35,6                |
| Streptomycin                  | 24,4 <sup>a</sup>  | 42,2 <sup>ab</sup>  | 40,0 <sup>ab</sup>  | 57,8 <sup>b</sup>   |
| Doxycycline                   | 2,2                | 2,2                 | 2,2                 | 2,2                 |
| Tetracycline                  | 53,3               | 42,2                | 35,6                | 44,4                |
| trimethoprim-sulfamethoxazole | 28,9 <sup>a</sup>  | 28,9 <sup>a</sup>   | 28,9 <sup>a</sup>   | 48,9 <sup>b</sup>   |
| Chloramphenicol               | 51,1               | 48,9                | 51,1                | 60,0                |
| Colistin                      | 0,0                | 4,4                 | 13,3                | 2,2                 |

<sup>a, b</sup> thể hiện sự sai khác thông kê tỷ lệ kháng kháng sinh của các chủng *E. coli* phân lập từ các chợ khác nhau khi giá trị  $p < 0,05$ .

**Bảng 4.** Kiểu hình đa kháng thuốc của *E. coli* phân lập được (n = 180)

| Số loại kháng sinh | Số chủng kháng | Tỷ lệ (%) | Tỷ lệ tích lũy (%) |
|--------------------|----------------|-----------|--------------------|
| 0                  | 25             | 13,9      | 100,0              |
| 1                  | 19             | 10,6      | 86,1               |
| 2                  | 28             | 15,6      | 75,6               |
| 3                  | 40             | 22,2      | 60,0               |
| 4                  | 28             | 15,6      | 37,8               |
| 5                  | 19             | 10,6      | 22,2               |
| 6                  | 17             | 9,4       | 11,7               |
| 7                  | 4              | 2,2       | 2,2                |

**Bảng 5.** Các tổ hợp đa kháng thuốc ở các chủng *E. coli* phân lập được (n = 180)

| Số loại kháng sinh | Tổ hợp các kháng sinh bị kháng | Số chủng | Tỷ lệ (%) |
|--------------------|--------------------------------|----------|-----------|
| 2                  | AMP-CFL                        | 6        | 3,3       |
|                    | AMP-GEN                        | 2        | 1,1       |
|                    | AMP-STR                        | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-TET                        | 4        | 2,2       |
|                    | AMP-SXT                        | 2        | 1,1       |
|                    | AMP-CHL                        | 4        | 2,2       |
|                    | CTX-TET                        | 1        | 0,6       |
|                    | CFL-TET                        | 1        | 0,6       |
|                    | STR-SXT                        | 1        | 0,6       |
|                    | STR-CL                         | 2        | 1,1       |
|                    | SXT-CHL                        | 4        | 2,2       |
| 3                  | AMP-CFL-GEN                    | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-CFL-SXT                    | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-GEN-STR                    | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-GEN-CHL                    | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-STR-TET                    | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-STR-SXT                    | 2        | 1,1       |
|                    | AMP-STR-CHL                    | 13       | 7,2       |
|                    | AMP-TET-SXT                    | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-TET-CHL                    | 13       | 7,2       |
|                    | AMP-SXT-CHL                    | 3        | 1,7       |
|                    | CFL-GEN-STR                    | 2        | 1,1       |
|                    | TET-SXT-CHL                    | 1        | 0,6       |
| 4                  | AMP-CFL-GEN-TET                | 3        | 1,7       |
|                    | AMP-CFL-STR-SXT                | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-CFL-TET-CHL                | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-GEN-STR-SXT                | 2        | 1,1       |
|                    | AMP-GEN-SXT-CHL                | 3        | 1,7       |
|                    | AMP-STR-TET-SXT                | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-STR-TET-CHL                | 6        | 3,3       |
|                    | AMP-STR-SXT-CHL                | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-DO-TET-SXT                 | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-DO-TET-CHL                 | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-TET-SXT-CHL                | 3        | 1,7       |
|                    | GEN-STR-CHL-CL                 | 1        | 0,6       |
| 5                  | STR-TET-SXT-CHL                | 3        | 1,7       |
|                    | AMP-CXT-CFL-GEN-TET            | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-CFL-SXT-CHL-CL             | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-CFL-STR-TET-SXT            | 2        | 1,1       |
|                    | AMP-GEN-STR-TET-CHL            | 5        | 2,8       |

| Số loại kháng sinh | Tổ hợp các kháng sinh bị kháng | Số chủng | Tỷ lệ (%) |
|--------------------|--------------------------------|----------|-----------|
| 6                  | AMP-GEN-STR-TET-SXT            | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-GEN-TET-SXT-CHL            | 3        | 1,7       |
|                    | AMP-GEN-STR-SXT-CHL            | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-STR-TET-SXT-CHL            | 2        | 1,1       |
|                    | AMP-STR-TET-CHL-CL             | 2        | 1,1       |
|                    | CFL-STR-TET-SXT-CHL            | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-CFL-GEN-STR-TET-CHL        | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-CFL-GEN-TET-SXT-CHL        | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-CFL-GEN-STR-SXT-CHL        | 4        | 2,2       |
|                    | AMP-GEN-STR-TET-SXT-CHL        | 8        | 4,4       |
|                    | AMP-GEN-STR-TET-CHL-CL         | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-STR-DO-TET-SXT-CHL         | 1        | 0,6       |
|                    | CFL-GEN-STR-TET-SXT-CL         | 1        | 0,6       |
|                    | AMP-GEN-STR-DO-TET-SXT-CHL     | 1        | 0,6       |
| 7                  | AMP-CFL-GEN-STR-TET-SXT-CHL    | 3        | 1,7       |

AMP: ampicillin; CTX: cefotaxime; CFL: cephalexin; CHL: chloramphenicol; CL: colistin; DO: doxycycline; GEN: gentamicin; STR: streptomycin; SXT: trimethoprim-sulfamethoxazole; TET: tetracycline.

### 3.2. Kết quả phân tích gen kháng kháng sinh ở *E. coli* phân lập được

Kết quả phân tích tỷ lệ mang gen KKS ở *E. coli* phân lập từ thịt heo bán ở các chợ trên địa bàn thành phố Huế được trình bày ở Bảng 6. Kết quả cho thấy tỷ lệ chủng *E. coli* mang gen KKS thay đổi từ 23,3% đến 36,7%. Trong đó tỷ lệ chủng mang gen *aadB* và gen *blaCMY-2* là 36,7% tiếp theo là chủng mang gen *sul1* (25,6%), chủng mang gen *tetA* (33,9%) thấp nhất là chủng mang gen *dfrA1* (23,3%). Từ kết quả ở Bảng 6 cho thấy sự khác nhau tỷ lệ chủng *E. coli* mang gen *aadB* giữa các chợ ( $p < 0,05$ ). Trong đó tỷ lệ chủng *E. coli* phân lập từ chợ Tây Lộc (44,4%) cao hơn ở chợ Bến Ngự (24,4%) ( $p < 0,05$ ). Có đến 97,2% số chủng mang ít nhất 2 gen kháng thuốc, đặc biệt có 8 và 3 chủng mang cùng lúc 7 và 8 gen KKS. Tỷ lệ cao các chủng mang cùng lúc từ 3 đến 5 gen. Trong đó 26,2% (47/180) chủng mang cùng lúc 43 gen kháng thuốc, 28,3% (51/180) chủng mang cùng lúc 4 gen, và 17,2% (31/180) chủng mang 5 gen kháng thuốc (Bảng 7).

Trong nghiên cứu này, 9 gen kháng thuốc được phân tích cho kết quả dương tính với tỷ lệ khác nhau, thể hiện rằng các

chủng *E. coli* phân lập được mang đa dạng các gen kháng thuốc. Tỷ lệ cao (97,2%) các chủng phân lập được mang đa gen kháng thuốc (mang ít nhất 2). Các chủng mang nhiều gen gây ra khả năng kháng thuốc đa dạng hơn đáng kể so với các phân lập chủng khác (Tang và cs., 2011). Gen *blaTEM* và *blaCMY-2* quy định khả năng sản sinh  $\beta$ -lactamase kháng các kháng sinh  $\beta$ -lactam, trong đó *blaTEM* và *blaCMY-2* cho tỷ lệ dương tính cao lần lượt là 26,7% và 36,7%. Các nghiên cứu trước đây cũng cho kết quả tương tự (Enne và cs., 2008; Duc và cs., 2024; Gonçalves và cs., 2024), các gen sản xuất  $\beta$ -lactamase cũng được mô tả là cơ chế kháng AMP trong các chủng *E. coli* thu được từ cả động vật và sản phẩm động vật. Có bốn lớp acetyltransferase AAC(3) có liên quan đến khả năng kháng gentamicin ở *E. coli* (Magnet và Blanchard, 2005). Trong nghiên cứu này, *strA*, *aadA*, *aadB* đã được phát hiện trong số các chủng kháng STR và GEN. Những gen kháng thuốc này cũng đã được xác định trong *E. coli* kháng GEN thu được từ động vật (Lungu và cs., 2023; Agusi và cs., 2024; Tran và cs., 2024). Các chủng phân lập từ heo và thịt heo, gen *aadA* phổ biến nhất trong số các chủng kháng STR, trong khi ở động vật khác, gen *aadA*

và gen *strA/B* được phát hiện với tỷ lệ tương đương nhau (Trongjit và cs., 2016; Heo và cs., 2020). Gen *catA* quy định tính kháng lại CHL cũng được phát hiện trong nghiên cứu này. Trong khi CHL đã bị cấm sử dụng trên động vật nhưng việc phát hiện gen này từ các chủng *E. coli* từ mẫu thịt cho thấy những chủng này vẫn có khả năng cao kháng lại CHL. Cho đến nay, các gen liên quan đến khả năng kháng TET đã được giải trình tự trong vi khuẩn Gram âm. Mặc dù *tetA* chiếm ưu thế, một tỷ lệ tương tự của các gen *tetA* và *tetB* đã được phát hiện trong số các chủng *E. coli* kháng TET phân lập từ

sản phẩm động vật (Dančová và cs., 2024). Sự phổ biến của các gen kháng thuốc ở các chủng *E. coli* phân lập được phù hợp với các nghiên cứu trước đây ở khu vực Đông Nam Á (Trongjit và cs., 2016; Lawal và cs., 2024). Mặc dù nghiên cứu này phát hiện sự phổ biến của các gen KKS ở các chủng *E. coli* phân lập được từ thịt heo bán tại các chợ nhưng không phản ánh được nguồn lây nhiễm. Vì vậy, cần phải tiến hành thêm nghiên cứu để xác định các nguồn *E. coli* kháng thuốc tiềm ẩn được tìm thấy trong thịt heo sau khi giết mổ.

**Bảng 6.** Tỷ lệ (%) mang gen kháng kháng sinh ở *E. coli* phân lập được

| Gens            | An Cựu<br>(n = 45) | Bến Ngự<br>(n = 45) | Đông Ba<br>(n = 45) | Tây Lộc<br>(n = 45) | Tính chung<br>(n = 180) |
|-----------------|--------------------|---------------------|---------------------|---------------------|-------------------------|
| <i>sul1</i>     | 31,1               | 35,6                | 42,2                | 33,3                | 35,6                    |
| <i>tetA</i>     | 37,8               | 28,9                | 33,3                | 35,6                | 33,9                    |
| <i>aadA</i>     | 26,7               | 31,1                | 24,4                | 31,1                | 28,3                    |
| <i>aadB</i>     | 35,6 <sup>ab</sup> | 24,4 <sup>a</sup>   | 42,2 <sup>ab</sup>  | 44,4 <sup>b</sup>   | 36,7                    |
| <i>strA</i>     | 33,3               | 33,3                | 28,9                | 28,9                | 31,1                    |
| <i>blaTEM</i>   | 24,4               | 33,3                | 17,8                | 31,1                | 26,7                    |
| <i>blaCMY-2</i> | 40,0               | 35,6                | 28,9                | 42,2                | 36,7                    |
| <i>catA</i>     | 26,7               | 31,1                | 37,8                | 24,4                | 30,0                    |
| <i>dfrA1</i>    | 26,7               | 22,2                | 24,4                | 20,0                | 23,3                    |

\* *sul1* gen quy định tính kháng lại sulfonamides, *tetA* gen quy định tính kháng lại tetracycline, *strA*, *aadA* những gen quy định tính kháng lại streptomycin, *aadB* gen quy định tính kháng lại kanamycin and gentamicin, *blaTEM*, *blaSHV* gen quy định tính kháng lại các kháng sinh nhóm  $\beta$ -lactam như penicillin, ampicillin), *catA* gen quy định tính kháng lại chloramphenicol, *dfrA1* gen quy định tính kháng lại trimethoprim.

**Bảng 7.** Tỷ lệ mang đa gen kháng kháng sinh của *E. coli* phân lập được (n = 180)

| Số gen | Số chủng mang gen | Tỷ lệ tích lũy<br>(%) |
|--------|-------------------|-----------------------|
| 0      | 0                 | 100,0                 |
| 1      | 5                 | 100,0                 |
| 2      | 25                | 97,2                  |
| 3      | 47                | 83,3                  |
| 4      | 51                | 57,2                  |
| 5      | 31                | 28,9                  |
| 6      | 10                | 11,7                  |
| 7      | 8                 | 6,1                   |
| 8      | 3                 | 1,7                   |



giữa mức độ kháng AMP với khả năng mang gen *dfrA1* (CP = -0,16;  $p < 0,05$ ). Không phát hiện mối tương quan thuận giữa khả năng mang các gen kháng thuốc ở *E. coli*, chỉ phát hiện mối tương quan nghịch giữa *aadA1* với *blaTEM* (CP = -0,16;  $p < 0,05$ ); *aadB* với *strA* (CP = -0,16;  $p < 0,05$ ); *blaTEM* với *dfrA1* (CP = -0,18;  $p < 0,01$ ); và giữa *catA* với *dfrA1* (CP = -0,19;  $p < 0,01$ ). Nghiên cứu của (Rosengren và cs., 2009) cũng cho kết quả tương đồng với kết quả của nghiên cứu này, mối tương quan dương giữa kiểu hình kháng với AMP và STR, TET và SXT ( $p < 0,001$ ). Liệu pháp phối hợp giữa các kháng sinh có cơ chế tác dụng khác nhau là giải pháp hiệu quả để giảm tình trạng đa kháng thuốc và đề phòng gia tăng mức độ kháng thuốc khi sử dụng một liều đơn (Dai và cs., 2017). Tuy nhiên, trong nghiên cứu này, các mối tương quan mức độ kháng giữa các loại kháng sinh đều là tương quan thuận, trong khi tổ hợp đa kháng thuốc phổ biến nhất được phát hiện gồm AMP-STR-CHL và AMP-TET-CHL (13 chủng, 7, 2%); tiếp đến là các tổ hợp AMP-GEN-STR-TET-SXT-CHL (8 chủng, 4,4%); AMP-STR-TET-CHL (6 chủng, 3,3%). Kết quả này cho thấy mức độ kháng thuốc ở các chủng *E. coli* là rất đáng lo ngại khi chúng truyền lây cho người tiêu dùng. Khi đó sẽ giảm sự lựa chọn các loại kháng sinh để điều trị bệnh do *E. coli* và các bệnh phổ biến khác. Kết quả của nghiên cứu chỉ phát hiện một mối tương quan nghịch giữa CFL và CHL (CP = -0,17;  $p < 0,05$ ), điều này cho thấy việc cấm sử dụng CHL, nhưng vẫn còn tồn tại chủng mang gen *catA* có thể là tiềm năng thúc đẩy sự gia tăng mức độ kháng lại CFL. Hiện tượng kháng chéo giữa các loại kháng sinh cũng được nghiên cứu trước đây chỉ ra (Marshall và Levy, 2011; Fair và Tor, 2014). Nghiên cứu của (Fair và Tor, 2014) cho thấy sự hiện diện của *E. coli* sản xuất  $\beta$ -lactamase có liên quan đến việc gây ra tình

trạng kháng với các nhóm cephalosporin, gentamicin và quinolone.

Trong nghiên cứu này cũng phát hiện một số mối tương quan giữa hai gen kháng thuốc như tương quan giữa *aadA* và *blaTEM*; *aadB* với *strA* (CP = -0,16;  $p < 0,05$ ); *blaTEM* với *dfrA1* (CP = -0,18;  $p < 0,05$ ). Do đó, các gen như *blaTEM*, *aadA*, *aadB*, *strA* và *dfrA1*, có liên quan đến khả năng kháng  $\beta$ -lactam, aminoglycosides và trimethoprim, là những gen thường được phát hiện ở *E. coli* (Wyrsh và cs., 2016; Sodagari và Varga, 2023; Duc và cs., 2024). Trong hầu hết các trường hợp, nhiều gen kháng của các nhóm này tạo thành một phần của băng gen được mang bởi transposon và plasmid, dẫn đến tính đa kháng và kháng chéo các loại kháng sinh ở *E. coli* (Garcia-Migura và cs., 2014). Điều này cho thấy sự lưu hành của các chủng mang gen kháng thuốc trong sản phẩm động vật môi trường có nguy cơ lây nhiễm cho người thông qua thực phẩm (Yahiaoui và cs., 2015; Stange và cs., 2016). Do tần suất cao các chủng *E. coli* đa kháng thuốc chứng tỏ rằng vi khuẩn này phải tiếp xúc thường xuyên với một số loại thuốc kháng khuẩn. Đặc biệt, kháng sinh được sử dụng trong thời gian dài dẫn đến tăng áp lực chọn lọc lên quần thể vi khuẩn (Byrne và cs., 2024).

#### 4. KẾT LUẬN

Các chủng *E. coli* phân lập từ thịt heo bán tại một số chợ trên địa bàn thành phố Huế có mức độ kháng cao với ampicillin (70,0%), chloramphenicol (52,8%). Có sự khác nhau về tỷ lệ kháng với ampicillin, streptomycin, và sulfamothoxazone/trimethoprim giữa các chợ ( $p < 0,05$ ). Có đến 75,6% chủng *E. coli* phân lập được kháng ít nhất hai loại kháng sinh và 2,2% chủng *E. coli* kháng đến 7 loại. Trong đó, các tổ hợp đa kháng phổ biến là AMP-STR-CHL và AMP-TET-CHL (13/180; 7,2%); AMP-STR-TET-CHL

(6/180; 3,3%); và AMP-GEN-STR-TET-SXT-CHL (8/180; 4,4%). Cao nhất có 36,7% chủng *E. coli* mang gen *blaCMY*, và thấp nhất là số chủng mang gen *dfrA1* (23,3%). Mối tương quan giữa tính kháng lại một số loại kháng sinh cũng được phát hiện. *E. coli* phân lập từ thịt heo có mức độ KKS cao, số chủng đa kháng thuốc rất phổ. Vì vậy, cần có các biện pháp ngăn chặn kịp thời và hiệu quả lan truyền vi khuẩn kháng thuốc qua thực phẩm như thịt heo được bán tại các chợ truyền thống. Các biện pháp gồm sử dụng kháng sinh một cách hợp lý và có trách nhiệm; chỉ sử dụng khi cần thiết, theo hướng dẫn.

## LỜI CẢM ƠN

Kính phí thực hiện đề tài do hỗ trợ của Trường Đại học Nông Lâm, Đại học Huế theo Chương trình Nhóm nghiên cứu mạnh cấp trường mã số NCM.DHNL2022.02 “An toàn thực phẩm có nguồn gốc động vật”, theo quyết định số 139/QĐ-ĐHNL ngày 10/03/2022.

## TÀI LIỆU THAM KHẢO

### 1. Tài liệu tiếng Việt

- Bộ Nông nghiệp và Phát triển nông thôn. (2009). Quy chuẩn Quốc gia QCVN 01-04:2009/ BNNPTNT Quy chuẩn kỹ thuật quốc gia kỹ thuật lấy và bảo quản mẫu thịt tươi từ các cơ sở giết mổ và kinh doanh thịt để kiểm tra vi sinh vật.
- Lê Minh Đức, Hồ Thị Dung, Phạm Hoàng Sơn Hưng, Nguyễn Thị Thùy, Phan Thị Hằng, Lê Trần Hoàn & Nguyễn Văn Chảo (2023). Đánh giá mức độ ô nhiễm vi sinh vật trên thịt heo được bán ở một số chợ trên địa bàn Thành phố Huế. *Tạp chí điện tử Khoa học và công nghệ nông nghiệp*, 7(3), 3814-3821. DOI: 10.46826/luaf-jasat.v7n3y2023.1070.
- Trần Thị Lệ Triệu, Nguyễn Khánh Thuận, Nguyễn Văn Toàn, Lâm Tuấn Kiệt & Lý Thị Liên Khai (2022). Sự vấy nhiễm và đề kháng kháng sinh của vi khuẩn *Escherichia coli* trên thịt heo và môi trường tại cơ sở giết mổ thuộc huyện Châu Thành, tỉnh An Giang. *Tạp chí Khoa học Đại học Cần Thơ*, 58(1), 189-196. DOI: 10.22144/ctu.jvn.2022.021.

Tường Quốc Triều, Đỗ Thị Thu Hương, Nguyễn Thị Kim Huệ & Trương Thị Thu (2022). Khảo sát tình trạng nhiễm và tỷ lệ kháng kháng sinh của *Escherichia coli* trong thịt lợn và thịt gà tại một số chợ ở thành phố Buôn Ma Thuột năm 2021. *Tạp chí Kiểm nghiệm và An toàn thực phẩm*, 5(3), 279-290.

### 2. Tài liệu tiếng nước ngoài

- Agusi, E. R., Kabantiyok, D., Mkpuma, N., Atai, R. B., Okongwu-Ejike, C., Bakare, E. L., Budaye, J., Sule, K. G., Rindaps, R. J. & James, G. K. (2024). Prevalence of multidrug-resistant *Escherichia coli* isolates and virulence gene expression in poultry farms in Jos, Nigeria. *Frontiers in Microbiology*, 15, 1298582. DOI: 10.3389/fmicb.2024.1298582.
- Altalhi, A. D. & Hassan, S. A. (2009). Bacterial quality of raw milk investigated by *Escherichia coli* and isolates analysis for specific virulence-gene markers. *Food Control*, 20(10), 913-917. DOI: 10.1016/j.foodcont.2009.01.005.
- Álvarez-Fernández, E., Cancelo, A., Díaz-Vega, C., Capita, R. & Alonso-Calleja, C. (2013). Antimicrobial resistance in *E. coli* isolates from conventionally and organically reared poultry: A comparison of agar disc diffusion and Sensi Test Gram-negative methods. *Food Control*, 30(1), 227-234. DOI: 10.1016/j.foodcont.2012.06.005.
- Aworh, M. K., Thakur, S., Gensler, C., Harrell, E., Harden, L., Fedorka-Cray, P. J. & Jacob, M. (2024). Characteristics of antimicrobial resistance in *Escherichia coli* isolated from retail meat products in North Carolina. *PloS One*, 19(1), e0294099. DOI: 10.1371/journal.pone.0294099.
- Bakshi, P., Bhowmik, A., Ahsan, S. & Alim, S. R. (2024). Identification of antibiotic-resistant pathogens and virulence genes in *Escherichia coli* isolates from food samples in the Dhaka University campus of Bangladesh. *Food Science & Nutrition*, 12(3), 1995-2002. DOI: 10.1002/fsn3.3896.
- Boerlin, P., Travis, R., Gyles, C. L., Reid-Smith, R., Janecko, N., Lim, H., Nicholson, V., McEwen, S. A., Friendship, R. & Archambault, M. (2005). Antimicrobial resistance and virulence genes of *Escherichia coli* isolates from swine in Ontario. *Applied and environmental microbiology*, 71(11), 6753-6761. DOI: 10.1128/aem.71.11.6753-6761.2005.

- Byrne, A. W., Garvan, C., Bolton, J., Naranjo-Lucena, A., Madigan, G., McElroy, M. & Slowey, R. (2024). Antimicrobial resistance in *Escherichia coli* isolated from pigs and associations with aggregated antimicrobial usage in Ireland: A herd-level exploration. *Zoonoses and Public Health*, 71(1), 71-83. DOI: 10.1111/zph.13086.
- Charles, F. R., Lim, J. X., Chen, H., Goh, S. G., He, Y. & Gin, K. Y.-H. (2022). Prevalence and characterization of antibiotic resistant bacteria in raw community sewage from diverse urban communities. *Science of the Total Environment*, 825, 153926. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2022.153926.
- Clinical and Laboratory Standards Institute (2020). Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing, 26th Edition, Clinical and Laboratory Standards Institute, 950 West Valley Road, Suite 2500, Wayne, PA 19087 USA
- Collineau, L., Carmo, L. P., Endimiani, A., Magouras, I., Müntener, C., Schüpbach-Regula, G. & Stärk, K. D. (2018). Risk ranking of antimicrobial-resistant hazards found in meat in Switzerland. *Risk Analysis*, 38(5), 1070-1084. DOI: 10.1111/risa.12901.
- Dai, C., Zhao, T., Yang, X., Xiao, X., Velkov, T. & Tang, S. (2017). Pharmacokinetics and relative bioavailability of an oral amoxicillin-apramycin combination in pigs. *PloS One*, 12(4), e0176149. DOI: 10.1371/journal.pone.0176149.
- Dančová, N., Regecová, I., Gregová, G., Király, J. & Szabóová, T. (2024). Detection of resistant *Escherichia coli* during meat processing in food establishments. *Folia Veterinaria Latina*, 68(2), 26-32. DOI: 10.2478/fv-2024-0014.
- Duc, H. M., Ha, C. T. T., Hoa, T. T. K., Hung, L. V., Thang, N. V. & Son, H. M. (2024). Prevalence, molecular characterization, and antimicrobial resistance profiles of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* isolated from raw beef, pork, and chicken meat in Vietnam. *Foods*, 13(13), 2059. DOI: 10.3390/foods13132059
- Duffy, G., Lynch, O. A. & Cagney, C. (2008). Tracking emerging zoonotic pathogens from farm to fork. *Meat Science*, 78(1), 34-42. DOI: 10.1016/j.meatsci.2007.05.023.
- Enne, V. I., Cassar, C., Sprigings, K., Woodward, M. J. & Bennett, P. M. (2008). A high prevalence of antimicrobial resistant *Escherichia coli* isolated from pigs and a low prevalence of antimicrobial resistant *E. coli* from cattle and sheep in Great Britain at slaughter. *FEMS Microbiology Letters*, 278(2), 193-199. DOI: 10.1111/j.1574-6968.2007.00991.x.
- Faife, S., Macuamule, C., Gichure, J., Hald, T. & Buys, E. (2024). Diarrhoeagenic *Escherichia coli* and *Salmonella* spp. Contamination of Food and Water Consumed by Children with Diarrhoea in Maputo, Mozambique. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 21(9), 1122. DOI: 10.3390/ijerph21091122
- Fair, R. J. & Tor, Y. (2014). Antibiotics and bacterial resistance in the 21st century. *Perspectives in Medicinal Chemistry*, 6, PMC. S14459. DOI: 10.4137/PMC.S144.
- Garcia-Migura, L., Hendriksen, R. S., Fraile, L. & Aarestrup, F. M. (2014). Antimicrobial resistance of zoonotic and commensal bacteria in Europe: the missing link between consumption and resistance in veterinary medicine. *Veterinary Microbiology*, 170(1-2), 1-9. DOI: 10.1016/j.vetmic.2014.01.013.
- Gonçalves, C., Silveira, L., Rodrigues, J., Furtado, R., Ramos, S., Nunes, A. & Pista, Â. (2024). Phenotypic and Genotypic Characterization of *Escherichia coli* and *Salmonella* spp. Isolates from Pigs at Slaughterhouse and from Commercial Pork Meat in Portugal. *Antibiotics*, 13(10), 957. DOI: 10.3390/antibiotics13100957.
- Heo, E. J., Ko, E. K., Kang, H. J., Kim, Y. J., Park, H. J., Wee, S.-H. & Moon, J. S. (2020). Prevalence and Antimicrobial Characteristics of Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* Isolates from Pork in Korea. *Foodborne Pathogens and Disease*, 17(10), 602-607. DOI: 10.1089/fpd.2019.2760.
- Islam, M. S., Rahman, A. M. M. T., Hassan, J. & Rahman, M. T. (2023). Extended-spectrum beta-lactamase in *Escherichia coli* isolated from humans, animals, and environments in Bangladesh: A One Health perspective systematic review and meta-analysis. *One Health*, 16, 100526. DOI: 10.1016/j.onehlt.2023.100526.
- Jaja, I. F., Oguttu, J., Jaja, C.-J. I. & Green, E. (2020). Prevalence and distribution of antimicrobial resistance determinants of *Escherichia coli* isolates obtained from meat

- in South Africa. *PloS One*, 15(5), e0216914. DOI: 10.1371/journal.pone.0216914.
- Kern, M. B., Klemmensen, T., Frimodt-Møller, N. & Espersen, F. (2002). Susceptibility of Danish *Escherichia coli* strains isolated from urinary tract infections and bacteraemia, and distribution of sul genes conferring sulphonamide resistance. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 50(4), 513-516. DOI: 10.1093/jac/dkf164.
- Kozak, G. K., Boerlin, P., Janecko, N., Reid-Smith, R. J. & Jardine, C. (2009). Antimicrobial resistance in *Escherichia coli* isolates from swine and wild small mammals in the proximity of swine farms and in natural environments in Ontario, Canada. *Applied and environmental microbiology*, 75(3), 559-566. DOI: 10.1128/aem.01821-08.
- Lawal, H., Aklilu, E., Kamaruzzaman, N. F., Suhaili, Z., Sani, G. M. & Lemlem, M. (2024). Livestock and environment as potential sources and reservoirs for multi-drug resistant *Escherichia coli* in Malaysia: A Systematic Review. *Veterinary Integrative Sciences*, 22(2), 387-403. DOI: 10.12982/VIS.2024.028.
- Liu, C., Sun, S., Sun, Y., Li, X., Gu, W., Luo, Y., Wang, N. & Wang, Q. (2024). Antibiotic resistance of *Escherichia coli* isolated from food and clinical environment in China from 2001 to 2020. *Science of the Total Environment*, 173498. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2024.173498.
- Livak, K. J. & Schmittgen, T. D. (2001). Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the 2(-Delta Delta C(T)) Method. *Methods*, 25(4), 402-408. DOI: 10.1006/meth.2001.1262.
- Loayza, F., Graham, J. P. & Trueba, G. (2020). Factors obscuring the role of *E. coli* from domestic animals in the global antimicrobial resistance crisis: an evidence-based review. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 17(9), 3061. DOI: 10.3390/ijerph17093061.
- Lugsomya, K., Yindee, J., Niyomtham, W., Tribuddharat, C., Tummaruk, P., Hampson, D. J. & Prapasarakul, N. (2018). Antimicrobial Resistance in Commensal *Escherichia coli* Isolated from Pigs and Pork Derived from Farms Either Routinely Using or Not Using In-Feed Antimicrobials. *Microbial Drug Resistance*, 24(7), 1054-1066. DOI: 10.1089/mdr.2018.0154.
- Lungu, B. C., Hutu, I. & Barrow, P. A. (2023). Molecular characterisation of antimicrobial resistance in *e. coli* isolates from piglets in the West Region of Romania. *Antibiotics*, 12(10), 1544. DOI: 10.3390/antibiotics12101544.
- Madsen, L., Aarestrup, F. M. & Olsen, J. E. (2000). Characterisation of streptomycin resistance determinants in Danish isolates of *Salmonella* Typhimurium. *Veterinary Microbiology*, 75(1), 73-82. DOI: 10.1016/s0378-1135(00)00207-8.
- Magnet, S. & Blanchard, J. S. (2005). Molecular insights into aminoglycoside action and resistance. *Chemical Reviews*, 105(2), 477-498. DOI: 10.1021/cr0301088.
- Maniwang, J. R. C. & Pangga, G. M. V. (2021). Antimicrobial resistance profile of *Escherichia coli* isolated from pork in public markets in Laguna, Philippines. *Philippine Journal of Veterinary Medicine*, 58(2). DOI: <https://www.ovcre.uplb.edu.ph/journals-uplb/index.php/PJVM/article/view/646/614>.
- Marshall, B. M. & Levy, S. B. (2011). Food animals and antimicrobials: impacts on human health. *Clinical Microbiology Reviews*, 24(4), 718-733. DOI: 10.1128/cmr.00002-11.
- Onwumere-Idolor, O. S., Kperegbeyi, J. I., Imonikebe, U. G., Okoli, C. E., Ajibo, F. E. & Njoga, E. O. (2024). Epidemiology of multidrug-resistant zoonotic *E. coli* from beef processing and retail points in Delta State, Nigeria: Public health implications. *Preventive Veterinary Medicine*, 224, 106132. DOI: 10.1016/j.prevetmed.2024.106132.
- Rosengren, L. B., Waldner, C. L. & Reid-Smith, R. J. (2009). Associations between Antimicrobial Resistance Phenotypes, Antimicrobial Resistance Genes, and Virulence Genes of Fecal *Escherichia coli* Isolates from Healthy Grow-Finish Pigs. *Applied and environmental microbiology*, 75(5), 1373-1380. DOI: 10.1128/AEM.01253-08.
- Schrijver, R., Stijntjes, M., Rodríguez-Baño, J., Tacconelli, E., Rajendran, N. B. & Voss, A. (2018). Review of antimicrobial resistance surveillance programmes in livestock and meat in EU with focus on humans. *Clinical*

- Microbiology and Infection*, 24(6), 577-590. DOI: 10.1016/j.cmi.2017.09.013.
- Sodagari, H. R. & Varga, C. (2023). Evaluating antimicrobial resistance trends in commensal *Escherichia coli* isolated from cecal samples of swine at slaughter in the United States, 2013–2019. *Microorganisms*, 11(4), 1033. DOI: 10.3390/microorganisms 11041033.
- Stange, C., Sidhu, J., Tiehm, A. & Toze, S. (2016). Antibiotic resistance and virulence genes in coliform water isolates. *International Journal of Hygiene and Environmental Health*, 219(8), 823-831. DOI: 10.1016/j.ijheh.2016.07.015.
- Tang, X., Tan, C., Zhang, X., Zhao, Z., Xia, X., Wu, B., Guo, A., Zhou, R. & Chen, H. (2011). Antimicrobial resistances of extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* isolates from swine in China. *Microbial Pathogenesis*, 50(5), 207-212. DOI: 10.1016/j.micpath.2011.01.004.
- Tran, B. C., Nguyen, V. L. P., Truong, T. T. & Nguyen, T. K. (2024). Prevalence and Antimicrobial Susceptibility of *Escherichia coli* Isolated from Goats in the Mekong Delta, Vietnam. *World's Veterinary Journal*, (1), 129-136. DOI: 10.54203/scil.2024.wvj16.
- Travis, R. M., Gyles, C. L., Reid-Smith, R., Poppe, C., McEwen, S. A., Friendship, R., Janecko, N. & Boerlin, P. (2006). Chloramphenicol and kanamycin resistance among porcine *Escherichia coli* in Ontario. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 58(1), 173-177. DOI: 10.1093/jac/dkl207.
- Trongjit, S., Angkittitrakul, S. & Chuanchuen, R. (2016). Occurrence and molecular characteristics of antimicrobial resistance of *Escherichia coli* from broilers, pigs and meat products in Thailand and Cambodia provinces. *Microbiology and Immunology*, 60(9), 575-585. DOI: 10.1111/13480421.12407.
- World Health Organization (2022). World Food Safety Day 2022 in pictures and numbers, World Health Organization.
- Wyrsh, E. R., Roy Chowdhury, P., Chapman, T. A., Charles, I. G., Hammond, J. M. & Djordjevic, S. P. (2016). Genomic microbial epidemiology is needed to comprehend the global problem of antibiotic resistance and to improve pathogen diagnosis. *Frontiers in Microbiology*, 7, 843. DOI: 10.3389/fmicb.2016.00843.
- Yahiaoui, M., Robin, F., Bakour, R., Hamidi, M., Bonnet, R. & Messai, Y. (2015). Antibiotic resistance, virulence, and genetic background of community-acquired uropathogenic *Escherichia coli* from Algeria. *Microbial Drug Resistance*, 21(5), 516-526. DOI: 10.1089/mdr.2015.0045.
- Yibar, A., Saticioglu, I. B., Ajmi, N. & Duman, M. (2024). Molecular characterization and antibacterial resistance determination of *Escherichia coli* isolated from fresh raw mussels and ready-to-eat stuffed mussels: a major public health concern. *Pathogens*, 13(7), 532. DOI: 10.3390/pathogens 13070532.