

Khảo sát tính kháng kháng sinh các chủng *Salmonella* spp. phân lập trên thịt gà và thịt lợn tại TP. Hồ Chí Minh

Phạm Thanh Hồng^{1*}, Ngô Hoàng Kim Ngân¹, Nguyễn Minh Sơn¹, Nguyễn Lê Bảo Châu¹, Nguyễn Ngọc Quỳnh Anh², Lâm Hoàng Anh Thư², Nguyễn Đông Thức², Phan Thị Kim Ngân², Phạm Tiến Dũng², Nguyễn Hữu Tuyền²

¹Khoa Kỹ thuật Y học, Trường Đại học Văn Lang, 233A Phan Văn Trị, phường Bình Lợi Trung, TP. Hồ Chí Minh, Việt Nam

²Trung tâm Nghiên cứu triển khai Khu Công nghệ cao,

Lô I3, N2, khu Công nghệ cao, phường Tăng Nhơn Phú, TP. Hồ Chí Minh, Việt Nam

Ngày nhận bài 25/5/2026; ngày chuyển phản biện 26/5/2026;

ngày nhận phản biện 22/6/2026; ngày chấp nhận đăng 30/6/2026

Tóm tắt:

Trong nghiên cứu này, tổng cộng 47 mẫu thịt (23 mẫu thịt gà và 24 mẫu thịt lợn) được thu thập tại các chợ truyền thống và siêu thị tại TP. Hồ Chí Minh. Từ các mẫu khảo sát, phân lập được 32 chủng *Salmonella* spp. Kết quả cho thấy, 94% các chủng phân lập mang gen độc lực *invA*. Tỷ lệ kháng kháng sinh của các chủng *Salmonella* spp. phân lập ghi nhận là ciprofloxacin (81,3%), tetracycline (81,3%), chloramphenicol (68,8%), ampicillin (56,3%), trimethoprim/sulfamethoxazole (53,1%), cefotaxime (25%), gentamicin (21,9%), azithromycin (9,4%) và meropenem (3,1%). Phân tích kiểu hình đa kháng kháng sinh cho thấy, có đến 75% các chủng *Salmonella* spp. kháng từ 3 nhóm kháng sinh trở lên, trong số này có 2 chủng kháng 7 nhóm kháng sinh khác nhau. Các kết quả phân tích kiểu gen trên các chủng có kiểu hình kháng tương ứng ghi nhận sự hiện diện của gen *tetA* ở 25/26 chủng kháng tetracycline; gen *sul1* ở 8/17 và *sul2* ở 9/17 chủng kháng sulfamethoxazole; gen *cmlA* ở 7/22 chủng kháng chloramphenicol; gen *blaTEM* ở 4/8 chủng và *blaCTX-M* ở 2/8 chủng kháng cefotaxime; gen kháng fluoroquinolone qua trung gian plasmid (PMQR), *aac(6')-Ib-cr* và *qnrS* được ghi nhận lần lượt là 6/26 chủng và 10/26 chủng kháng ciprofloxacin. Kết quả của nghiên cứu cho thấy tỷ lệ lưu hành cao của các chủng đa kháng kháng sinh. Những dữ liệu này nhấn mạnh sự cần thiết của việc tăng cường giám sát và kiểm soát an toàn thực phẩm nhằm hạn chế sự lan truyền vi khuẩn kháng kháng sinh và bảo vệ sức khỏe cộng đồng.

Từ khóa: đa kháng thuốc, kháng kháng sinh, *Salmonella* spp., thịt gà, thịt lợn.

Chỉ số phân loại: 1.6, 4.3

*Tác giả liên hệ: Email: hong.pham@vlu.edu.vn

Investigation of antibiotic resistance of *Salmonella* spp. strains isolated from chicken and pork in Ho Chi Minh City

Thanh Hong Pham^{1*}, Hoang Kim Ngan Ngo¹, Minh Son Nguyen¹, Le Bao Chau Nguyen¹, Ngoc Quynh Anh Nguyen², Hoang Anh Thu Lam², Dong Thuc Nguyen², Thi Kim Ngan Phan², Tien Dung Pham², Huu Tuyen Nguyen²

¹*Faculty of Medical Technology, Van Lang University, 233A Phan Van Tri Street, Binh Loi Trung Ward, Ho Chi Minh City, Vietnam*

²*Saigon Hi-Tech Park Research & Development Center, Lot I3, N2 Street, Tang Nhon Phu Ward, Ho Chi Minh City, Vietnam*

Received 25 May 2026; revised 22 June 2026; accepted 30 June 2026

Abstract:

In this study, a total of 47 meat samples (23 chicken samples and 24 pork samples) were collected from traditional markets and supermarkets in Ho Chi Minh City. From the surveyed samples, 32 *Salmonella* spp. isolates were isolated. The results showed that 94% of the isolates carried the *invA* virulence gene. The antibiotic resistance rates of the isolated *Salmonella* spp. strains were recorded as follows: ciprofloxacin (81.3%), tetracycline (81.3%), chloramphenicol (68.8%), ampicillin (56.3%), trimethoprim/sulfamethoxazole (53.1%), cefotaxime (25%), gentamicin (21.9%), azithromycin (9.4%), and meropenem (3.1%). Multidrug resistance phenotype analysis revealed that up to 75% of the *Salmonella* spp. strains were resistant to three or more antibiotic classes; among these, 2 strains were resistant to 7 different classes of antibiotics. Genotypic analysis of the strains with corresponding resistance phenotypes recorded the presence of the *tetA* gene in 25/26 tetracycline-resistant strains; *sulI* and *sul2* genes in 8/17 and 9/17 sulfamethoxazole-resistant strains, respectively; the *cmlA* gene in 7/22 chloramphenicol-resistant strains; the *blaTEM* gene in 4/8 strains and the *blaCTX-M* gene in 2/8 cefotaxime-resistant strains. Plasmid-mediated quinolone resistance (PMQR) genes, *aac(6')-Ib-cr* and *qnrS*, were detected in 6/26 and 10/26 ciprofloxacin-resistant strains, respectively. The findings of this study indicate a high prevalence of multidrug-resistant strains. These data highlight the need to strengthen food safety surveillance and control to limit the spread of antibiotic-resistant bacteria and protect public health.

Keywords: antimicrobial resistance, chicken, multidrug resistance, pork, *Salmonella* spp.

Classification numbers: 1.6, 4.3

1. Đặt vấn đề

Salmonella là một trong các nguyên nhân phổ biến gây ra bệnh liên quan đến đường tiêu hóa. Chi *Salmonella* gồm hai loài chính: *Salmonella enterica* và *Salmonella bongori*, với hơn 2500 serovar khác nhau. *Salmonella* còn được phân loại thành hai nhóm: thương hàn (typhoid) và không thương hàn (non-typhoid). Các serovar *Salmonella* không thương hàn

(NTS - non-typhoidal *Salmonella*) là nguyên nhân gây ra tiêu chảy với triệu chứng từ nhẹ đến nặng. Theo Tổ chức Y tế Thế giới (WHO), ước tính hàng năm có khoảng 93,8 triệu ca nhiễm *Salmonella* NTS với khoảng 155.000 ca tử vong. *Salmonella* hiện diện nhiều trong các mẫu thực phẩm sống như thịt, thịt gia cầm, rau củ tươi và sữa [1]. Tại Việt Nam, các nghiên cứu giám sát cho thấy *Salmonella* hiện diện với tỷ lệ nhiễm trong các mẫu thịt từ 30 đến 41% [2], đặc biệt, tỷ lệ nhiễm cao được ghi nhận ở các chợ bán lẻ so với trang trại [3]. Thêm vào đó, mật độ nhiễm *Salmonella* trong các mẫu thịt cũng ở mức rất cao, cụ thể: 3,2 log MPN/g ở mẫu thịt gà, 2,4 log MPN ở mẫu thịt lợn [4]. Do đó, việc chế biến thực phẩm không đúng cách, không đảm bảo an toàn thực phẩm, cùng với điều kiện nhiệt độ nóng ẩm, dẫn đến *Salmonella* là nguyên nhân gây ra các vụ ngộ độc tập thể hàng loạt tại Việt Nam [5].

Bên cạnh đó, việc lạm dụng kháng sinh trong chăn nuôi là một thực trạng ở Việt Nam. Hệ quả là sự tồn dư kháng sinh trong thực phẩm, sự hình thành của các chủng vi khuẩn kháng thuốc và nguy cơ lây truyền các gen kháng kháng sinh sang các chủng vi khuẩn khác. Đã có rất nhiều nghiên cứu điều tra về tình hình kháng kháng sinh của *Salmonella* ở Việt Nam. Nghiên cứu của T.K. Nguyen và cs (2021) [6] đã thu thập tổng cộng 3055 mẫu từ các trang trại tại khu vực đồng bằng sông Mekong trong khoảng từ năm 2017 đến 2020 cho thấy các chủng *Salmonella* phân lập kháng với các loại kháng sinh chloramphenicol, tetracycline, ampicillin, và sulfamethoxazole/trimethoprim. Nghiên cứu của T.H.A. Vu và cs (2021) [7] cho thấy sự đề kháng với các kháng sinh như ciprofloxacin, ceftazidime vẫn còn ở mức thấp (<10%). Tuy nhiên, trong các năm gần đây, tỷ lệ *Salmonella* kháng với kháng sinh ciprofloxacin (nhóm quinolone) - một loại kháng sinh đường uống được sử dụng để điều trị các trường hợp nhiễm NTS xâm lấn ở Việt Nam ghi nhận tăng dần 21,6% [8]. Đáng chú ý, nghiên cứu của D. Starkova và cs (2025) [9] trên 49 chủng *Salmonella* phân lập từ thịt lợn, gà và bệnh phẩm ở người trên địa bàn TP. Hồ Chí Minh cho thấy các chủng này có tỷ lệ đề kháng các loại kháng sinh như quinolones, polymyxin, beta-lactam, aminoglycoside đặc biệt cao (>90%).

Sự gia tăng tính kháng kháng sinh của *Salmonella* trong những năm gần đây tác động mạnh đến sức khỏe cộng đồng, vì dẫn đến tăng chi phí điều trị cũng như tiềm ẩn nguy cơ thất bại điều trị đe dọa tính mạng. Trước tình hình các vụ ngộ độc thực phẩm xảy ra liên tục, trong đó có nhiều vụ ngộ độc ghi nhận tại TP. Hồ Chí Minh, nghiên cứu này được thực hiện nhằm điều tra tỷ lệ nhiễm và khả năng kháng kháng sinh của các chủng *Salmonella* phân lập trên các mẫu thịt gà, thịt lợn được thu thập tại các chợ và siêu thị trên địa bàn thành phố. Kết quả của nghiên cứu góp phần cung cấp thêm các thông tin về tình hình kháng kháng sinh của vi khuẩn *Salmonella*.

2. Vật liệu và phương pháp nghiên cứu

2.1. Phân lập vi khuẩn *Salmonella* spp.

Tổng cộng 47 mẫu thịt tươi sống, bao gồm thịt gà (23 mẫu) và thịt lợn (24 mẫu), được thu thập theo phương pháp lấy mẫu ngẫu nhiên từ 5 chợ truyền thống và 5 siêu thị phân bố tại các khu vực khác nhau trên địa bàn TP. Hồ Chí Minh trong thời gian từ tháng 2 đến tháng 4/2025. Mỗi mẫu có khối lượng từ 100 đến 200 g. Đối với mẫu tại chợ, thịt được thu thập trực tiếp từ quầy bán; đối với siêu thị, các mẫu bao gồm thịt tại quầy và thịt đã đóng gói sẵn. Ngay

sau khi lấy, tất cả các mẫu được cho vào túi zip vô trùng, bảo quản trong thùng giữ lạnh (2-8°C) và vận chuyển về phòng thí nghiệm để xử lý trong vòng 24 giờ.

Các chủng *Salmonella* spp. được phân lập dựa theo tiêu chuẩn ISO 6579-1:2017 [10]. Mẫu thịt (25 g) được nghiền nhuyễn và nuôi cấy trong (i) môi trường tiền tăng sinh Buffered peptone water (BPW) (Himedia, Ấn Độ), ủ ở 37°C trong 18-24 giờ; (ii) tăng sinh chọn lọc trên môi trường Muller-Kauffmann Tetrathionate-Novobiocin broth (MKTTn) (Oxoid, Mỹ) 37°C trong 24 giờ và Rappaport Vasiliadis soy peptone broth (RVS) (Himedia, Ấn Độ), ủ ở 41°C trong 24 giờ và (iii) cấy trải trên đĩa thạch Xylose Lysine Deoxycholate (XLD) và Brilliant Green agar (BGA) (Oxoid, Mỹ), ủ ở 37°C trong 18-24 giờ. Các khuẩn lạc nghi ngờ được định danh dựa trên đặc điểm nuôi cấy và các thử nghiệm sinh hóa theo ISO 6579-1:2017. Các chủng *Salmonella* spp. phân lập được lưu giữ ở -70°C trong môi trường BHI bổ sung 15% glycerol.

2.2. Phương pháp thực hiện kháng sinh đồ

Các chủng *Salmonella* spp. phân lập được kiểm tra tính kháng kháng sinh bằng phương pháp Kirby-Bauer trên thạch Mueller-Hinton Agar (Himedia, Ấn Độ). Các khoanh giấy tẩm kháng sinh được sử dụng trong nghiên cứu bao gồm: ampicillin (AMP, 10 µg), cefotaxime (CTX, 30 µg), azithromycin (AZM, 30 µg), chloramphenicol (CHL, 30 µg), ciprofloxacin (CIP, 5 µg), gentamicin (GEN, 10 µg), meropenem (MEM, 10 µg), tetracycline (TET, 30 µg) và trimethoprim/sulfamethoxazole (SXT, 30 µg) (Nam Khoa, Việt Nam). Kết quả xác định mức độ nhạy cảm hay đề kháng của vi khuẩn *Salmonella* spp. đối với kháng sinh dựa theo tiêu chuẩn Viện Tiêu chuẩn về xét nghiệm lâm sàng (Clinical and Laboratory Standards Institute - CLSI) [11]. Chủng chuẩn *Salmonella enterica* serovar *Enteritidis* (ATCC 13076) được sử dụng làm chủng đối chứng.

2.3. Phản ứng chuỗi polymerase (PCR) phát hiện gen *invA* và gen kháng kháng sinh

DNA khuôn được thu nhận bằng phương pháp ly giải nhiệt (boiling lysis method): Một khuẩn lạc đơn được huyền phù trong 200 µl nước không chứa nuclease (nuclease-free water). Huyền dịch vi khuẩn được đun ở 100°C trong 20 phút để ly giải tế bào, sau đó được làm lạnh nhanh trên đá trong 5 phút và được ly tâm ở $10.000 \times g$ trong 3 phút. Phần dịch nổi chứa DNA được thu nhận, chuyển sang tube mới. DNA được bảo quản ở -20°C và được sử dụng cho phản ứng PCR [12].

Thành phần của phản ứng PCR gồm: 12,5 µl Master mix 2X (PhuSa Genomics, Việt Nam), 1 µl mỗi xuôi, 1 µl mỗi ngược, 5 µl DNA khuôn mẫu và nước không chứa nuclease (nuclease-free water) vừa đủ thể tích 25 µl. Điều kiện khuếch đại PCR gồm giai đoạn biến tính ban đầu ở 95°C trong 5 phút, tiếp theo 40 chu kỳ gồm biến tính ở 95°C trong 30 giây, bắt cặp ở 50-60°C trong 60 giây và kéo dài ở 72°C trong 60 giây; kéo dài cuối cùng ở 72°C trong 5 phút. Trình tự mỗi và nhiệt độ bắt cặp tương ứng của gen *invA* và các gen kháng kháng sinh được trình bày trong bảng 1.

Sản phẩm PCR được điện di trên gel agarose 2%. Thang chuẩn DNA được sử dụng trong nghiên cứu là HyperLadder 100 bp (Bioline, Anh Quốc) và 100 bp DNA ladder (Phu Sa Genomics, Việt Nam).

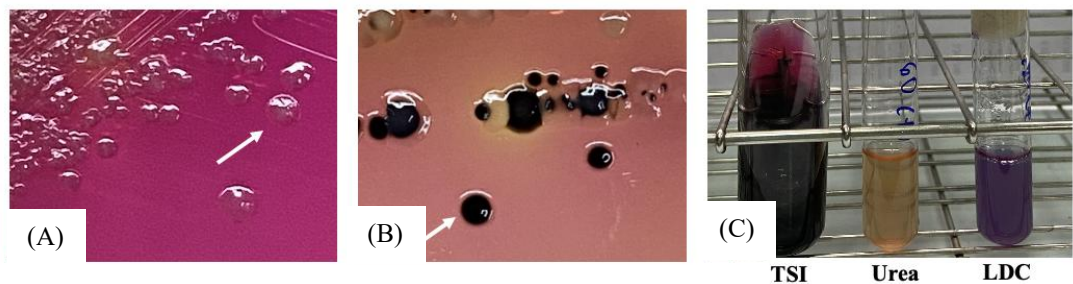
Bảng 1. Trình tự mỗi phát hiện gen độc lực *invA* và các gen kháng kháng sinh.

Gen mục tiêu	Tên gen	Trình tự mỗi (5'-3')	Nhiệt độ bắt cặp	Kích thước (bp)	Tài liệu tham khảo
Gen độc lực	<i>invA</i>	AACGTGTTTCCGTGCGTAAT TCCATCAAATTAGCGGAGGC	60°C	262	[13]
Gen kháng beta lactam	<i>blaTEM</i>	CATTTCCGTGTGCGCCCTTATTC CGTTCATCCATAGTTGCCTGAC	52°C	800	[14]
	<i>blaSHV</i>	AGCCGCTTGAGCAAATTAAAC ATCCCGCAGATAAATCACCAC	52°C	713	
	<i>blaOXA</i>	GGCACCAGATTCAACTTTCAAG GACCCCAAGTTTCCTGTAAGTG	52°C	564	
	<i>blaCTX-M</i>	TTAGGAARTGTGCCGCTGYA CGATATCGTTGGTGGTRCCAT	52°C	688	
Gen kháng Chloramphenicol	<i>cmlA</i>	CGCCACGGTGTTGTTGTTAT GCGACCTGCGTAAATGTCAC	55°C	394	[15]
Gen kháng Sulfamethoxazole	<i>sul1</i>	TGGTGACGGTGTTTCGGCAT GCTAGGCATGATCTAACCCCT	50°C	841	[16]
	<i>sul2</i>	TCAACATAACCTCGGACAGT GATGAAGTCAGCTCCACCT	50°C	707	
Gen kháng Tetracycline	<i>tetA</i>	GGCCTCAATTCCTGACG	55°C	372	[17]
		AAGCAGGATGTAGCCTGTGC			
Gen kháng Fluoroquinolone	<i>aac(6')-Ib-cr</i>	ATGACTGAGCATGACCTTG AACCATGTACACGGCTGG	50°C	900	[18]
	<i>qnrS</i>	GACGTGCTAACTTGCGTGAT AACACCTCGACTTAAGTCTGA	50°C	388	[19]
	<i>qnrA</i>	TTCTCACGCCAGGATTGAG TGCCAGGCACAGATCTTGAC	50°C	571	

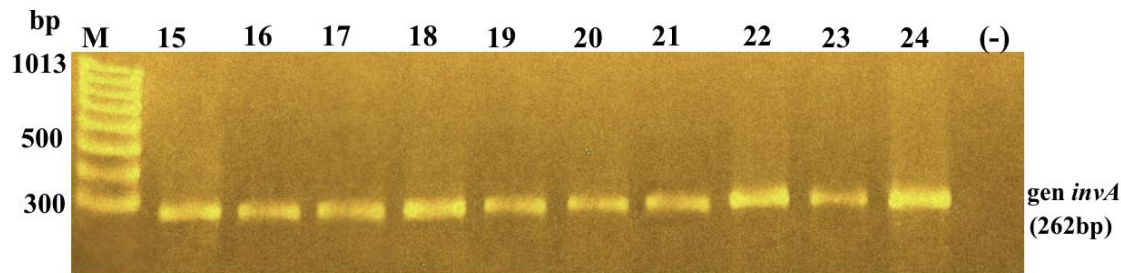
3. Kết quả và bàn luận

3.1. Phân lập vi khuẩn *Salmonella* spp.

Sau khi nuôi cấy trên các môi trường chọn lọc và thực hiện các thử nghiệm sinh hóa, nghiên cứu đã phân lập được 32 chủng *Salmonella* spp. từ 47 mẫu thịt khảo sát (hình 1). Trong đó có 15 chủng từ mẫu thịt gà (15/23; 65,2%) và 17 chủng từ mẫu thịt lợn (17/24; 70,8%). Toàn bộ 32 chủng phân lập được sử dụng để phân tích gen độc lực *invA*, tính kháng kháng sinh, kiểu hình đa kháng thuốc và phát hiện các gen kháng kháng sinh. Kết quả PCR cho thấy, 30/32 (94%) chủng *Salmonella* spp. phân lập mang gen độc lực *invA* với kích thước sản phẩm khuếch đại là 262 bp (hình 2). Gen *invA* mã hóa một protein màng tham gia vào quá trình xâm nhập tế bào biểu mô của vi khuẩn và được xem là một trong những gen độc lực đặc trưng của *Salmonella*. Do có mức độ bảo tồn cao và hiện diện ở phần lớn các serovar *Salmonella* (99,4%), gen *invA* đã được sử dụng rộng rãi làm mục tiêu để phát hiện và xác nhận nhanh *Salmonella* spp. [20].



Hình 1. Hình thái khuẩn lạc nghi ngờ *Salmonella* spp. trên môi trường XLD (A) BGA (B); kết quả định danh sinh hóa (C).



Hình 2. Kết quả PCR phát hiện gen *invA* ở các chủng *Salmonella* spp. phân lập.

3.2. Kết quả phân tích kiểu hình kháng kháng sinh các chủng *Salmonella* spp. phân lập

Tỷ lệ kháng kháng sinh ở các chủng *Salmonella* spp. phân lập được ghi nhận như sau: ciprofloxacin (81,3%), tetracycline (81,3%), chloramphenicol (68,8%), ampicillin (56,3%), trimethoprim/sulfamethoxazole (53,1%), cefotaxime (25%), gentamicin (21,9%), azithromycin (9,4%) và meropenem (3,1%). Hầu hết tỷ lệ đề kháng với các loại kháng sinh thử nghiệm của các chủng *Salmonella* spp. phân lập từ hai nhóm mẫu không khác biệt có ý nghĩa thống kê (bảng 2). Tuy nhiên, đáng lưu ý có một kháng sinh có tỷ lệ đề kháng ở gà cao hơn ở lợn là ciprofloxacin (OR=5,55), nhưng sự khác biệt chưa đạt mức ý nghĩa thống kê ($p=0,178$), điều này có thể do cỡ mẫu còn hạn chế. Cần có những nghiên cứu với cỡ mẫu lớn hơn để khẳng định xu hướng này.

Bảng 2. Tỷ lệ kháng kháng sinh của các chủng *Salmonella* spp. phân lập.

Kháng sinh	Thịt gà (n=15)		Thịt lợn (n=17)		Tổng số chủng (n=32)		Fisher's exact test		
	Số chủng	%	Số chủng	%	Số chủng	%	OR	95%CI	p-value
AMP	9	60	9	52,9	18	56,3	1,32	0,27-6,82	0,735
CTX	5	33,3	3	17,6	8	25	2,27	0,35-18,15	0,423
MEM*	1	6,7	0	0	1	3,1	-	0,03-∞	0,469
CIP	14	93,3	12	70,6	26	81,3	5,55	0,52-294,67	0,178
GEN	3	20	4	23,5	7	21,9	0,82	0,1-5,98	1,000

TET	12	80	14	82,4	26	81,3	0,86	0,1-7,69	1,000
SXT	7	46,7	10	58,8	17	53,1	0,62	0,12-3,06	0,723
CHL	10	66,7	12	70,6	22	68,8	0,84	0,14-4,84	1,000
AZM	3	20	0	0	3	9,4	-	0,49-∞	0,092

*: chủng nghi ngờ kháng với kháng sinh meropenem; OR: tỷ số chênh; CI: khoảng tin cậy.

Kết quả nghiên cứu phù hợp với báo cáo của D. Starkova và cs (2025) [9], trong đó, các chủng *Salmonella* không gây thương hàn (NTS) ghi nhận tỷ lệ đề kháng cao với nhiều nhóm kháng sinh thường được sử dụng như ampicillin, tetracycline, ciprofloxacin, chloramphenicol và trimethoprim/sulfamethoxazole. Nghiên cứu của N.T. Nhung và cs (2024) [2] cho thấy, từ năm 2000 đến năm 2020, tỷ lệ các chủng NTS kháng với nhóm kháng sinh quinolone ghi nhận mức tăng 15,6%. Theo hướng dẫn, nhóm kháng sinh fluoroquinolone (ciprofloxacin) và cephalosporin thế hệ 3 (cefotaxime/ceftriaxone) là những nhóm kháng sinh đầu tiên được sử dụng trong điều trị *Salmonella* xâm lấn. Do đó, tỷ lệ các chủng *Salmonella* đề kháng cao với các nhóm kháng sinh này cảnh báo vấn đề nghiêm trọng trong an toàn thực phẩm và sức khỏe cộng đồng. Bên cạnh đó, nghiên cứu này ghi nhận trong 32 chủng phân lập, có 1 chủng *Salmonella* nghi ngờ kháng với kháng sinh meropenem, đây là nhóm kháng sinh cuối cùng trong điều trị các trường hợp nhiễm *Salmonella* nặng.

Trong các nhóm kháng sinh thử nghiệm, gentamicin là kháng sinh được sử dụng phổ biến trong chăn nuôi lợn, gà ở Việt Nam [4]. Tỷ lệ đề kháng với gentamicin trong nghiên cứu này ghi nhận là 21,9%. Nghiên cứu của D.H. Phu và cs (2022) [21] phân tích các dữ liệu công bố về tính kháng thuốc tại Việt Nam cho thấy tỷ lệ đề kháng với gentamicin ghi nhận đối với vi khuẩn *E. coli* và *Salmonella* phân lập trong thực phẩm với tỷ lệ tương ứng là 18,2-35% và 6,4-12,3%.

Kết quả phân tích kiểu hình kháng kháng sinh trong bảng 3 cho thấy, có đến 75% (24/32) các chủng *Salmonella* spp. phân lập được là các chủng đa kháng thuốc (multidrug-resistant, MDR) [22]. Đáng chú ý, trong số này có 2 chủng kháng 7 nhóm kháng sinh khác nhau. Tỷ lệ các chủng *Salmonella* spp. đa kháng thuốc (MDR) ghi nhận trong nghiên cứu này tương đồng với các nghiên cứu trước đây tại Việt Nam trên các mẫu thực phẩm và người bệnh, cho thấy các chủng *Salmonella* đa kháng đang lưu hành rộng rãi trong cộng đồng [21, 24]. Điều này có thể liên quan đến áp lực chọn lọc từ việc sử dụng kháng sinh trong chăn nuôi và điều trị. Tỷ lệ MDR cao là một cảnh báo đối với công tác kiểm soát kháng kháng sinh và an toàn thực phẩm, do có thể làm hạn chế hiệu quả điều trị và gia tăng nguy cơ lan truyền vi khuẩn kháng thuốc sang người [2].

Bảng 3. Các kiểu hình kháng đa kháng sinh của các chủng *Salmonella* spp. phân lập.

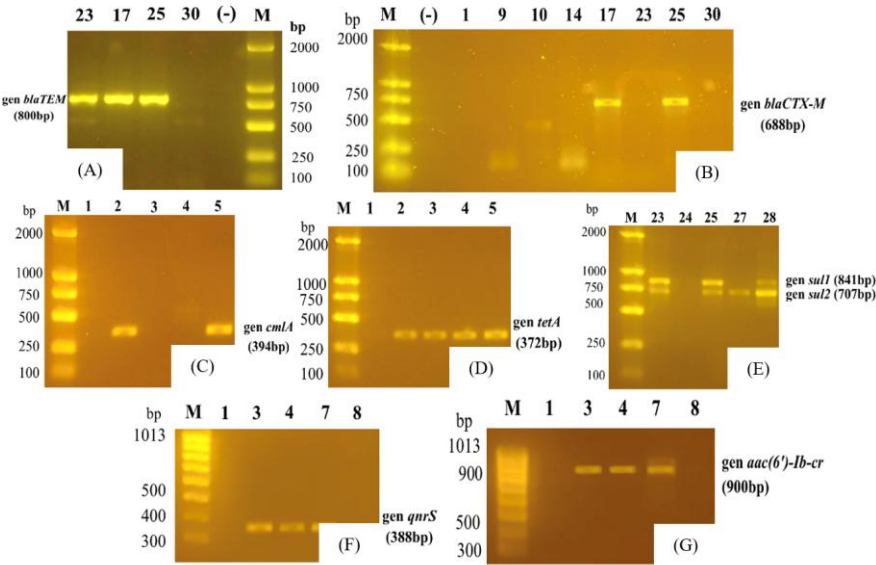
Số lượng kháng sinh kháng thuốc	Kiểu hình kháng kháng sinh	MDR	Số chủng (%)
Kháng 1 loại kháng sinh	TET		1 (3,1)
	CIP		3 (9,4)
Kháng 2 loại kháng sinh	AMP-CIP		1 (3,1)
	TET-CHL		2 (6,3)
	TET-CIP		1 (3,1)

Kháng 3 loại kháng sinh	TET-CHL-CIP		2 (6,3)
	TET-CIP-SXT	MDR	1 (3,1)
	TET-AZM-CIP		1 (3,1)
Kháng 4 loại kháng sinh	AMP-CTX-TET-AZM		1 (3,1)
	AMP-TET-CHL-CIP		1 (3,1)
	AMP-CHL-SXT-CIP	MDR	1 (3,1)
	TET-CHL-SXT-CIP		1 (3,1)
	TET-AZM-CIP-GEN		1 (3,1)
Kháng 5 loại kháng sinh	AMP-TET-CHL-SXT-CIP		6 (18,8)
	AMP-CTX-MEM-SXT-CIP*	MDR	1 (3,1)
	AMP-TET-CHL-SXT-GEN		1 (3,1)
Kháng 6 loại kháng sinh	AMP-CTX-TET-CHL-CIP-GEN		1 (3,1)
	AMP-CTX-TET-CHL-SXT-GEN	MDR	2 (6,3)
	AMP-TET-CHL-SXT-CIP-GEN		1 (3,1)
	CTX-TET-CHL-SXT-CIP-GEN		1 (3,1)
Kháng 7 loại kháng sinh	AMP-CTX-TET-CHL-SXT-CIP-GEN	MDR	2 (6,3)

AMP: ampicillin; CTX: cefotaxime; AZM: azithromycin; CHL: chloramphenicol; CIP: ciprofloxacin; GEN: gentamicin; MEM: meropenem; TET: tetracycline; SXT: sulfamethoxazole/trimethoprim; *: chủng nghi ngờ kháng với kháng sinh meropenem.

3.3. Kết quả phân tích kiểu gen kháng kháng sinh các chủng *Salmonella* spp. phân lập

Để đánh giá mối tương quan giữa kiểu hình và kiểu gen kháng kháng sinh, nghiên cứu tiến hành phân tích sự hiện diện một số gen kháng kháng sinh phổ biến (hình 3). Các gen mã hóa cho enzyme β -lactamase được phân tích trong nghiên cứu này bao gồm: *blaTEM*, *blaOXA* (mã hóa enzyme β -lactamase phổ hẹp); *blaCTX-M* và *blaSHV* (ESBL - extended spectrum β -lactamase kháng với kháng sinh cephalosporin phổ rộng (thế hệ 3, 4)) [23]. Kết quả ở bảng 4 cho thấy, trong nhóm chủng *Salmonella* có kiểu hình kháng cefotaxime (thuộc nhóm cephalosporin thế hệ 3), gen *blaTEM* và *blaCTX-M* được ghi nhận lần lượt là 4/8 và 2/8 chủng. Các gen kháng khác như *blaSHV* và *blaOXA* không phát hiện ở các chủng này. Nghiên cứu của H.C. The và cs (2023) [24] phân tích trên dòng trình tự *Salmonella* ST34 với 454 bộ gen cho thấy sự tiếp nhận plasmid đa kháng mang gen *blaCTX-M-55* liên quan đến sự lan truyền và mở rộng của *Salmonella* ST34 tại Việt Nam. Ngoài ra, nhóm gen kháng này thường liên quan đến plasmid nên có thể truyền ngang giữa các vi khuẩn thuộc họ Enterobacteriaceae. Kết quả nghiên cứu của T. Nakayama và cs (2022) [25] cũng cho thấy, các gen *blaCTX-M* và *blaTEM* là các gen kháng phổ biến nhất hiện diện ở các chủng *E. coli* ESBL phân lập từ các mẫu thịt gà tại Việt Nam.



Hình 3. Điện di đồ phân tích sản phẩm PCR khuếch đại các gen kháng kháng sinh từ các chủng phân lập trên gel agarose 2%. (A) *blaTEM*, (B) *blaCTX-M*, (C) *cmlA*, (D) *tetA*, (E) *sul1* và *sul2*, (F) *qnrS*, (G) *aac(6')-Ib-cr*.

Bảng 4. Mối tương quan giữa kiểu hình và kiểu gen kháng kháng sinh.

Nhóm kháng sinh	Gen kháng	Số chủng mang gen/ tổng số chủng	Tỷ lệ (%)
Cefotaxime	<i>blaTEM</i>	4/8	50
	<i>blaOXA</i>	0/8	0
	<i>blaCTX-M</i>	2/8	25
	<i>blaSHV</i>	0/8	0
Chloramphenicol	<i>cmlA</i>	7/22	31,82
Tetracycline	<i>tetA</i>	25/26	96,15
Trimethoprim/sulfamethoxazole	<i>sul1</i>	8/17	47,06
	<i>sul2</i>	9/17	52,94
Ciprofloxacin	<i>aac(6')-Ib-cr</i>	6/26	23,08
	<i>qnrA</i>	0/26	0
	<i>qnrS</i>	10/26	38,46

Đối với nhóm kháng sinh chloramphenicol, số chủng mang gen *cmlA* chiếm 31,82%. Trong số các chủng đề kháng với kháng sinh tetracycline, gen *tetA* được ghi nhận ở mức rất cao 96,15%. Trong các chủng đề kháng với trimethoprim/sulfamethoxazole, tỷ lệ gen *sul1* và *sul2* ghi nhận được lần lượt là 47,06 và 52,94%. Các kết quả trên cho thấy sự tương đồng giữa kiểu gen và kiểu hình đề kháng, đặc biệt là kháng sinh tetracycline. Tỷ lệ cao gen *tetA* ở các chủng *Salmonella* có thể cho thấy khả năng truyền ngang của gen kháng tetracycline [26]. Kết quả của chúng tôi cũng tương đồng với nghiên cứu của T.H.A. Vu và cs (2021) [7] với các gen kháng hiện diện ở *Salmonella* như *cmlA*, *tetA*, *sul1*, *sul2*. Tuy nhiên, kết quả cũng cho thấy một số chủng biểu hiện kiểu hình kháng nhưng không mang các gen kháng được khảo sát trong nghiên cứu. Điều này có thể liên quan đến sự hiện diện của các gen kháng khác như *floR* (kháng chloramphenicol); *tetB*, *tetC* (kháng tetracycline); *sul3*, *sul4* (kháng sulfonamide). Do đó, cần có các nghiên cứu chuyên sâu hơn để làm rõ cơ chế kháng kháng sinh ở các chủng *Salmonella* này.

Kết quả nghiên cứu ghi nhận tỷ lệ các gen kháng quinolone qua trung gian plasmid (PMQR - plasmid mediated quinolone resistance gene) gồm *aac(6')-Ib-cr* và *qnrS* lần lượt là 23,07 và 38,46%. Trước đó, các nghiên cứu của T.H. Thai và cs (2012) [27] và A.T. Vo và cs (2010) [28] chưa phát hiện sự hiện diện của các gen kháng PMQR như *qnrA*, *qnrB*, *qnrS*, *qepA*, *aac(6')-Ib-cr* trên các chủng *Salmonella* phân lập từ thực phẩm tại Việt Nam. Tính kháng kháng sinh fluoroquinolone tại thời điểm này liên quan chủ yếu đến các đột biến trên gen *gyrA* [27, 28]. Tuy nhiên, trong các năm gần đây, sự xuất hiện của các gen kháng PMQR, đặc biệt là biến thể *qnrS1*, có xu hướng gia tăng tại Việt Nam. Nghiên cứu của N. Holohan và cs (2022) [29] khảo sát tình hình kháng kháng sinh trên các mẫu thịt lợn thu thập tại các trang trại và chợ bán lẻ ở Việt Nam trong giai đoạn năm 2014-2019 cho thấy có 46,49% các chủng *Salmonella* mang gen *qnrS1*. Tương tự, nghiên cứu của T.T. Nguyen và cs (2023) [30] ghi nhận 7/8 chủng *Salmonella* phân lập từ thịt vịt tại Hà Nội có kiểu hình kháng ciprofloxacin mang gen *qnrS1_1*. Ngoài ra, nghiên cứu của H.C. The và cs (2023) [24] cho thấy, gen *qnrS1* hiện diện trong các dòng vi khuẩn *Salmonella* ST34 gây bệnh chính ở Việt Nam như VN2, VN3 và VN4. Kết quả phân tích bộ gen các chủng này cũng chỉ ra, gen *qnrS1* chủ yếu được tìm thấy trên các plasmid đa kháng thuốc kích thước lớn thuộc nhóm IncA/C2 và IncHI2, góp phần tăng khả năng thích nghi và lan truyền tính kháng nhờ cơ chế tiếp hợp plasmid. Kết quả nghiên cứu của T. Nakayama và cs (2022) [25] cũng chứng minh gen *qnrS* có thể lan truyền từ vi khuẩn *E. coli* sang vi khuẩn *Salmonella* thông qua tiếp hợp.

4. Kết luận

Trong tổng số 47 mẫu thịt gà và thịt lợn được khảo sát, có 32 mẫu dương tính với *Salmonella* spp., trong số đó, 30/32 chủng mang gen độc lực *invA*. Kết quả kiểm tra tính miễn cảm kháng sinh cho thấy, có đến 75% các chủng *Salmonella* MDR (kháng với từ 3 nhóm kháng sinh trở lên), 15,6% các chủng kháng với 6 loại kháng sinh và 6,3% kháng với 7 loại kháng sinh. Các chủng *Salmonella* spp. phân lập đề kháng với ciprofloxacin (81,3%), tetracycline (81,3%), chloramphenicol (68,8%), ampicillin (56,3%), trimethoprim/sulfamethoxazole (53,1%), cefotaxime (25%), gentamicin (21,9%), azithromycin (9,4%) và meropenem (3,1%).

Kết quả phân tích kiểu gen kháng kháng sinh trên các nhóm kiểu hình kháng tương ứng ghi nhận tỷ lệ các gen kháng gồm *tetA* (25/26 chủng), *sul1* (8/17 chủng), *sul2* (9/17 chủng), *cmlA* (7/22 chủng), *blaTEM* (4/8 chủng), *blaCTX-M* (2/8 chủng), *aac(6')-Ib-cr* (6/26 chủng) và *qnrS* (10/26 chủng). Kết quả nghiên cứu cho thấy cần áp dụng các chiến lược “một sức khỏe” (One Health) trong công tác giám sát, điều tra nhằm nâng cao chất lượng an toàn thực phẩm và bảo vệ sức khỏe cộng đồng.

LỜI CẢM ƠN

Nhóm tác giả xin trân trọng cảm ơn Trường Đại học Văn Lang và Trung tâm Nghiên cứu triển khai Khu công nghệ cao TP. Hồ Chí Minh (SHTP) đã cung cấp cơ sở vật chất và phòng thí nghiệm phục vụ nghiên cứu. Nghiên cứu này không nhận bất kỳ nguồn tài trợ nào từ bên ngoài.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] World Health Organization (2018), “Salmonella (non-typhoidal)”, [https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/salmonella-\(non-typhoidal\)](https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/salmonella-(non-typhoidal)), accessed 20 April 2026.
- [2] N.T. Nhung, D.H. Phu, J.J.Carrique-Mas, et al. (2024), “A review and meta-analysis of non-typhoidal *Salmonella* in Vietnam: Challenges to the control and antimicrobial resistance traits of a neglected zoonotic pathogen”, *One Health*, **18**, DOI: 10.1016/j.onehlt.2024.100698.
- [3] C. Xin, T.T. Hoang, D.Q. Truong, et al. (2025), “Prevalence of *Campylobacter* and non-typhoidal *Salmonella* along broiler chicken production and distribution networks, Northern Vietnam”, *PLOS Negl. Trop. Dis.*, **19(11)**, DOI: 10.1371/journal.pntd.0013615.
- [4] N.T. Nhung, N.T.B. Van, N.V. Cuong, et al. (2018), “Antimicrobial residues and resistance against critically important antimicrobials in non-typhoidal *Salmonella* from meat sold at wet markets and supermarkets in Vietnam”, *Int. J. Food. Microbiol.*, **266**, pp.301-309, DOI: 10.1016/j.ijfoodmicro.2017.12.015.
- [5] T.H. Ho, P.H. Hoang, L.V.T. Ngoc, et al. (2024), “Large-scale *Salmonella* outbreak associated with banh mi, Viet Nam, 2024”, *Western Pac. Surveill. Response J.*, **15(3)**, pp.1-7, DOI: 10.5365/wpsar.2024.15.3.1168.
- [6] T.K. Nguyen, L.T. Nguyen, T.T.H. Chau, et al. (2021), “Prevalence and antibiotic resistance of *Salmonella* isolated from poultry and its environment in the Mekong Delta, Vietnam”, *Vet World*, **14(12)**, pp.3216-3223, DOI: 10.14202/vetworld.2021.3216-3223.
- [7] T.H.A. Vu, N.H.K. Tu, C.V. Hai, et al. (2021), “Characteristics of quinolone and beta-lactam antibiotic resistance in *Salmonella* isolated from raw meat in Ho Chi Minh City”, *Vietnam Journal of Food Control*, **4(2)**, DOI: 10.47866/2615-9252/vjfc.3789.
- [8] C.T.T. Huong, P.T. Ngoc, T.H. Thai (2023), “Prevalence and antibiotic resistance of *Salmonella* spp. and *Escherichia coli* isolated from poultry farms in the North Vietnam”, *Journal of Dairy, Veterinary & Animal Research*, **12(1)**, DOI: 10.15406/jdvar.2023.12.00326.
- [9] D. Starkova, S. Egorova, L. Suzhaeva, et al. (2025), “Antimicrobial resistance and phylogenetic analysis of multidrug-resistant non-typhoidal *Salmonella* isolates from different sources in Southern Vietnam”, *Antibiotics*, **14(5)**, 23pp, DOI: 10.3390/antibiotics14050489.
- [10] International Organization for Standardization (2017), *Microbiology of The Food Chain - Horizontal Method for The Detection, Enumeration and Serotyping of Salmonella - Part 1: Detection of Salmonella spp.*, 15pp.
- [11] Clinical and Laboratory Standards Institute (2025), *CLSI M100TM Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing*, 396pp.
- [12] M.-E. Dimitrakopoulou, V. Stavrou, C. Kotsalou, et al. (2020), “Boiling extraction method vs commercial kits for bacterial DNA isolation from food samples”, *Journal of Food Science and Nutrition Research*, **3(4)**, pp.311-319, DOI: 10.26502/jfsnr.2642-11000057.

- [13] C.M. Cheng, W. Lin, K.T. Van, et al. (2008), “Rapid detection of *Salmonella* in foods using real-time PCR”, *Journal of Food Protection*, **71(12)**, pp.2436-2441, DOI: 10.4315/0362-028x-71.12.2436.
- [14] C. Dallenne, A.D. Costa, D. Decré, et al. (2010), “Development of a set of multiplex PCR assays for the detection of genes encoding important beta-lactamases in Enterobacteriaceae”, *J. Antimicrob. Chemother.*, **65(3)**, pp.490-495, DOI: 10.1093/jac/dkp498.
- [15] S. Chen, S. Zhao, D.G. White, et al. (2004), “Characterization of multiple-antimicrobial-resistant *Salmonella* serovars isolated from retail meats”, *Appl. Environ. Microbiol.*, **70(1)**, pp.1-7, DOI: 10.1128/aem.70.1.1-7.2004.
- [16] C. Chu, C.H. Chiu, W.Y. Wu, et al. (2001), “Large drug resistance virulence plasmids of clinical isolates of *Salmonella enterica* serovar Choleraesuis”, *Antimicrob. Agents Chemother.*, **45(8)**, pp.2299-2303, DOI: 10.1128/aac.45.8.2299-2303.2001.
- [17] G. Guillaume, D. Verbrugge, M. Chasseur-Libotte, et al. (2000), “PCR typing of tetracycline resistance determinants (Tet A-E) in *Salmonella enterica* serotype Hadar and in the microbial community of activated sludges from hospital and urban wastewater treatment facilities in Belgium”, *FEMS Microbiology Ecology*, **32(1)**, pp.77-85, DOI: 10.1111/j.1574-6941.2000.tb00701.x.
- [18] C.H. Park, A. Robicsek, G.A. Jacoby, et al. (2006), “Prevalence in the United States of aac(6)-Ib-cr encoding a ciprofloxacin-modifying enzyme”, *Antimicrob. Agents Chemother.*, **50(11)**, pp.3953-3955, DOI: 10.1128/aac.00915-06.
- [19] F.P. Eftekhari, S.M.M. Seyedpour (2015), “Prevalence of qnr and aac(6)-Ib-cr genes in clinical isolates of *Klebsiella pneumoniae* from Imam Hussein Hospital in Tehran”, *Iran J. Med. Sci.*, **40(6)**, pp.515-521.
- [20] K. Rahn, S.A.D. Grandis, R.C. Clarke, et al. (1992), “Amplification of an *invA* gene sequence of *Salmonella typhimurium* by polymerase chain reaction as a specific method of detection of *Salmonella*”, *Mol. Cell. Probes.*, **6(4)**, pp.271-279, DOI: 10.1016/0890-8508(92)90002-f.
- [21] D.H. Phu, T. Wongtawan, D.B. Truong, et al. (2022), “A systematic review and meta-analysis of integrated studies on antimicrobial resistance in Vietnam, with a focus on Enterobacteriaceae, from a One Health perspective”, *One Health*, **15**, 11pp, DOI: 10.1016/j.onehlt.2022.100465.
- [22] A.P. Magiorakos, A. Srinivasan, R.B. Carey, et al. (2012), “Multidrug-resistant, extensively drug-resistant and pandrug-resistant bacteria: An international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance”, *Clin. Microbiol. Infect.*, **18(3)**, pp.268-281, DOI: 10.1111/j.1469-0691.2011.03570.x.
- [23] W.A. Adel, A.M. Ahmed, Y. Hegazy, et al. (2021), “High prevalence of ESBL and plasmid-mediated quinolone resistance genes in *Salmonella enterica* isolated from retail meats and slaughterhouses in Egypt”, *Antibiotics (Basel)*, **10(7)**, DOI: 10.3390/antibiotics10070881.

- [24] H.C. The, P. Pham, T.H. Thanh, et al. (2023), “Multidrug resistance plasmids underlie clonal expansions and international spread of *Salmonella* enterica serotype 1,4,[5],12:i:- ST34 in Southeast Asia”, *Commun. Biol.*, **6(1)**, 15pp, DOI: 10.1038/s42003-023-05365-1.
- [25] T. Nakayama, H.L. Thi, P.N. Thanh, et al. (2022), “Abundance of colistin-resistant *Escherichia coli* harbouring *mcr-1* and extended-spectrum β -lactamase-producing *E. coli* co-harboring *bla*_{CTX-M-55} or -65 with *bla*_{TEM} isolates from chicken meat in Vietnam”, *Arch. Microbiol.*, **204(137)**, DOI: 10.1007/s00203-021-02746-0.
- [26] A. Indrawati, L. Azizah, I. Wayan, et al. (2020), “Detection of *tet* gene in multidrug-resistant *Salmonella* spp. isolates from layers and broiler breeders”, *American Journal of Animal and Veterinary Sciences*, **15(2)**, DOI: 10.3844/ajavsp.2020.163.168.
- [27] T.H. Thai, T. Hirai, N.T. Lan, et al. (2012), “Antimicrobial resistance of *Salmonella* serovars isolated from beef at retail markets in the North Vietnam”, *J. Vet. Med. Sci.*, **74(9)**, pp.1163-1169, DOI: 10.1292/jvms.12-0053.
- [28] A.T. Vo, E.V. Duijkeren, W. Gaastra, et al. (2010), “Antimicrobial resistance, class 1 integrons, and genomic island 1 in *Salmonella* isolates from Vietnam”, *PLoS One*, **5(2)**, 8pp, DOI: 10.1371/journal.pone.0009440.
- [29] N. Holohan, M. Wallat, T.H.Y. Luu, et al. (2022), “Analysis of antimicrobial resistance in non-typhoidal *Salmonella* collected from pork retail outlets and slaughterhouses in Vietnam using whole genome sequencing”, *Front. Vet. Sci.*, **9**, 15pp, DOI: 10.3389/fvets.2022.816279.
- [30] T.T. Nguyen, H.V. Le, H.V.T. Hai, et al. (2023), “Whole-genome analysis of antimicrobial-resistant *Salmonella* enterica isolated from duck carcasses in Hanoi, Vietnam”, *Curr. Issues Mol. Biol.*, **45(3)**, pp.2213-2229, DOI: 10.3390/cimb45030143.