

PHÁT HIỆN KHẢ NĂNG KHÁNG KHÁNG SINH CỦA CÁC CHỦNG VI KHUẨN ENTEROCOCCI PHÂN LẬP TỪ HỆ ĐƯỜNG RUỘT CỦA NGƯỜI

DETECTION OF ANTIBIOTIC RESISTANCE IN ENTEROCOCCI FROM HUMAN GUTS

Tác giả: Phạm Trần Vĩnh Phú*

Tóm tắt bằng tiếng Việt:

Khảo sát sự có mặt của gene kháng kháng sinh trong các chủng enterococci từ mẫu phân của 3 bệnh nhân đang điều trị kháng sinh, và từ ống thông hồi tràng của 1 người không điều trị kháng sinh. Phân loại *Enterococcus* spp. bằng 16S rRNA và (GTG)₅ PCR. Sự kháng vancomycin và erythromycin lần lượt phát hiện bằng phương pháp Nồng độ ức chế tối thiểu (MIC) và Kháng sinh kép. Phát hiện gene kháng vancomycin (*vanA*, *vanB*, *vanC1/C2/C3*, *vanD*, *vanE* và *vanG*) và erythromycin (*ermA*, *ermB*, *ermC* và *mefA/E*) bằng PCR. Trong 63 chủng (19 từ phân, 44 từ hồi tràng) có 13 (21%) là *E. faecium*, 29 (46%) *E. faecalis*, 5 (8%) *E. gallinarum* và 16 (25%) *E. avium*. *E. gallinarum* và *E. avium* chỉ tìm thấy từ hồi tràng. 59 chủng (94%) kháng vancomycin, nhưng chỉ gene *vanC1* được phát hiện (*E. gallinarum*). Tất cả enterococci từ phân và 13 (30%) từ hồi tràng có kiểu hình tạo thành (cMLSb) erythromycin. Gene *ermB* được tìm thấy trong 6 chủng từ phân và 12 chủng từ hồi tràng (*E. avium* và *E. gallinarum*). Các enterococci này được coi là nguồn kháng 2 loại kháng sinh trên.

Từ khóa: Sự kháng kháng sinh; vancomycin; erythromycin; Enterococcus spp.; người.

Tóm tắt bằng tiếng Anh:

We investigated the presence of antibiotic resistance genes in enterococci isolates that were obtained from faecal samples of 3 hospitalized patients receiving antibiotic prophylaxis therapy, and from ileostomy effluent of 1 subject without antibiotic dosage. 16S rRNA gene sequencing and (GTG)₅ PCR were used for classification of *Enterococcus* spp. Minimal Inhibitory Concentration (MIC) of vancomycin and double diffusion test for erythromycin resistance were determined. The carriage of vancomycin (*vanA*, *vanB*, *vanC1*, *vanC2/C3*, *vanD*, *vanE* and *vanG*) and erythromycin (*ermA*, *ermB*, *ermC* and *mefA/E*) resistance genes were investigated by PCR. Of 63 isolates (19 from faecal samples and 44 from ileostomy effluent), 13 (21%) were identified as *E. faecium*, 29 (46%) *E. faecalis*, 5 (8%) *E. gallinarum* and 16 (25%) *E. avium*. Only *E. gallinarum* and *E. avium* were found in ileostomy samples. A total of 59 isolates (94%) were resistant to vancomycin; however, only *vanC1* gene was found in isolates (*E. gallinarum*). The phenotype found in all faecal isolates and in 13 (30%) of the ileostomy isolates corresponded to constitutive phenotype (cMLSb) erythromycin. *ErmB* genes were identified in 6 isolates from feces and 12 from ileostomy (*E. avium* and *E. gallinarum*). Additionally, these enterococci populations can be reservoirs for antibiotic resistance.

Key words: Antibiotic resistance; vancomycin; erythromycin; Enterococcus spp.; humans.