

NGHIÊN CỨU TÌNH TRẠNG VI KHUẨN KHÁNG KHÁNG SINH VÀ SỰ PHỔ BIẾN GEN KHÁNG KHÁNG SINH Ở MỘT SỐ AO NUÔI CÁ TRẠI TẠI CẦN THƠ VÀ ĐỒNG THÁP

Vũ Đặng Hải Long^{1,2}, Nguyễn Đăng Quang², Nguyễn Quang Huy^{2*}

¹ Học viện Khoa học và Công nghệ, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam, Hà Nội, Việt Nam

² MICH, Trường Đại học Khoa học và Công nghệ Hà Nội, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam, Hà Nội, Việt Nam

TÓM TẮT

Kháng kháng sinh (KKS) là một mối đe dọa nghiêm trọng đối với sức khỏe cộng đồng và môi trường, tác động trực tiếp đến thực hiện các mục tiêu phát triển bền vững của Liên Hợp Quốc. Có rất nhiều nghiên cứu về KKS trong lĩnh vực y tế, tuy nhiên nghiên cứu về KKS trong môi trường lại chưa được nghiên cứu ở Việt Nam. Sông Mekong, với vai trò quan trọng trong phát triển kinh tế và an ninh lương thực, đang đối mặt với sự ô nhiễm nghiêm trọng từ các hoạt động của con người. Mục tiêu của nghiên cứu này nhằm xác định tình trạng vi khuẩn KKS và sự phổ biến gen KKS tại một số ao nuôi cá tra ở Cần Thơ và Đồng Tháp. Tổng cộng 105 chủng vi khuẩn đã được định danh bằng phương pháp MALDI-TOF MS, trong đó xác định được 24 loài gây bệnh ở người và động vật, phổ biến nhất gồm *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Enterobacter cloacae*, *Aeromonas hydrophila*, *Aeromonas caviae*, *Aeromonas jandaei* và *Aeromonas veronii*. Các chủng vi khuẩn gây bệnh đã kháng với ít nhất một loại kháng sinh được thử nghiệm. Tỷ lệ KKS cao nhất đối với Amoxicillin-Clavulanic acid (64.3%), Cefepime (32.4%), Cefoxitin (55.4%), Azetronam (31.7%) và Cefotaxime (30%). Bên cạnh đó, các gen KKS gồm *Sul1*, *Sul2*, *TetM*, *TetQ*, *TetX* và *blaNDM* đã được phát hiện ở tất cả các mẫu nghiên cứu (100%). Kết quả nghiên cứu này nhấn mạnh sự cần thiết của việc giám sát và quản lý chặt chẽ việc sử dụng kháng sinh trong nuôi thủy sản để giảm thiểu sự chọn lọc và lây lan vi khuẩn kháng thuốc trong môi trường sông và chuỗi thực phẩm, tiềm ẩn rủi ro sức khỏe con người.

Từ khóa: Cá tra, Gen kháng thuốc, Kháng kháng sinh, Sông Mekong, Vi khuẩn gây bệnh.

MỞ ĐẦU

Sự xuất hiện và phổ biến của tình trạng kháng thuốc kháng sinh (KKS) đã trở thành mối đe dọa nghiêm trọng tới sức khỏe cộng đồng trên toàn thế giới. Ngày nay, hầu hết tất cả các nhóm kháng sinh cùng với nhiều loại vi khuẩn KKS và gen KKS đã được ghi nhận trong môi trường sông. *Enterobacteriaceae*, *Moraxellaceae*, *Pseudomonadaceae* và *Vibrionaceae* là những họ vi khuẩn thường gặp trong môi trường thủy sinh nhưng trong đó có nhiều loài là những tác nhân gây bệnh ở người và động vật (Rico *et al.*, 2013). Đáng lưu ý, chúng vừa là vật chủ và có khả năng trao đổi, tiếp nhận gen KKS với nhau và với các loài khác (kể cả loài gây bệnh và không gây bệnh), dẫn đến bùng phát nhanh chóng các loài VK đa kháng thuốc (VKĐKT) (Van Boeckel *et al.*, 2019).

Sông Mekong là con sông lớn nhất khu vực Đông Nam Á, lớn thứ 7 tại Châu Á và thứ 12 trên thế giới, là nguồn sống, là nơi lưu trú và nuôi dưỡng trên 100 triệu người (tương đương dân số cả Việt Nam) của 06 quốc gia gồm Trung Quốc, Myanmar, Thái Lan, Lào, Campuchia và Việt Nam. Các nghiên cứu từ Việt Nam cho thấy 70% kháng sinh được sử dụng thường xuyên trong hệ thống nuôi trồng thủy sản cùng loại và hoặc cùng nhóm kháng sinh sử dụng ở người, trong đó gồm cả những nhóm kháng sinh cực kỳ quan trọng, kháng sinh dự phòng trong điều trị. Do đó, sông Mekong có thể là một điểm nóng môi trường quan trọng, thúc đẩy sự chọn lọc và phát tán vi khuẩn KKS trên phạm vi rộng lớn của các quốc gia sông Mekong. Mục tiêu của nghiên cứu này là nhằm xác định thực trạng tình hình ô nhiễm vi khuẩn gây bệnh KKS và gen KKS tại khu vực nhánh sông Mekong (nơi cấp nước và thải nước cho ao nuôi cá tra) và trong ao nuôi cá tra ven bờ sông. Kết quả của nghiên cứu này sẽ góp phần cảnh báo, kiểm soát và đưa ra những biện pháp quản lý kịp thời góp phần giảm thiểu tối đa tác động đến cộng đồng.

NGUYÊN LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

Nguyên liệu

Tổng cộng 17 mẫu nước và 17 mẫu bùn trầm tích đã được thu thập từ các ao nuôi cá tra tại Cần Thơ, Đồng Tháp và khu vực cấp nước/thải nước từ sông Mekong vào ao nuôi cá. Các mẫu nghiên cứu được bảo quản trong các thùng đá lạnh và được vận chuyển về phòng thí nghiệm cho các phân tích tiếp theo.

Phương pháp nghiên cứu

Phân lập và định dạng các chủng vi khuẩn có khả năng gây bệnh

Đối với các mẫu nước, 30 mL nước được lọc qua màng lọc vô trùng kích thước 0.22 µL với sự hỗ trợ của bơm hút chân không. Sau đó, màng lọc được đặt trực tiếp lên bề mặt các đĩa môi trường chọn lọc Coliform CHROMagar Orientation Medium (Merck, Đức) và Aeromonas (Merck, Đức). Đối với mẫu trầm tích, 10 g mẫu được trộn với 9 mL nước khử trùng, lắc đều trong 10 phút, sau đó thực hiện chuỗi pha loãng (10^0 - 10^4). Tại mỗi độ pha loãng, 100 µL dịch huyền phù sẽ được dàn trải trên bề mặt đĩa môi trường chọn lọc Coliform và Aeromonas. Các đĩa nuôi vi khuẩn được ủ ở điều kiện nhiệt độ 35°C trong vòng 18 – 24h. Sau đó, các chủng vi khuẩn được phân lập, cấy ria trên môi trường chọn lọc tương ứng. Khuẩn lạc thuần được định danh bằng hệ thống MALDI-TOF MS (Bruker, Đức) sử dụng bộ kit IVD Matrix HCCA-portioned (Bruker, Đức) theo hướng dẫn của nhà sản xuất.

Kháng sinh đồ

Vi khuẩn đã định danh được xác định kháng sinh đồ bằng phương pháp khuếch tán trên đĩa môi trường Mueller Hinton Agar (MHA, Sigma, Đức) theo hướng dẫn M100 của Viện Tiêu chuẩn Lâm sàng và Phòng thí nghiệm (CLSI), Mỹ (CLSI 2020). Cụ thể, các loài vi khuẩn thuộc chi *Aeromonas* được xác định kháng sinh đồ với 18 loại kháng sinh và các loài vi khuẩn thuộc chi *Pseudomonas* được xác định kháng sinh đồ với 12 loại kháng sinh (Bảng 1). Chúng vi khuẩn *Escherichia coli* ATCC 25922 được sử dụng cho tất cả các thí nghiệm làm đối chứng dương.

Bảng 1. Danh sách kháng sinh đồ của các loài vi khuẩn thuộc chi *Aeromonas* (A) và các loài vi khuẩn thuộc chi *Pseudomonas* (B)

A				B			
Nhóm kháng sinh sử dụng cho loài vi khuẩn chi <i>Aeromonas</i>	Kháng sinh	Nồng độ	Ngưỡng đường kính vùng ức chế (mm)	Nhóm kháng sinh sử dụng cho loài vi khuẩn chi <i>Pseudomonas</i>	Kháng sinh	Nồng độ	Ngưỡng đường kính vùng ức chế (mm)
Aminoglycoside	Amikacin	30 µg	S ≥ 17 R ≤ 14	Carbapenems	Meropeneme	10 µg	S ≥ 18, R ≤ 14
	Tobramycin	10 µg	S ≥ 15 R ≤ 12		Imipenem	10 µg	S ≥ 23, R ≤ 19
	Gentamicin	10 µg	S ≥ 15 R ≤ 12	Penicillin	Piperacillin	30 µg	S ≥ 14, R < 14
Beta-lactam	Amoxicillin-clavulanate	20 µg + 10 µg	S ≥ 18 R ≤ 13		Ticarcillin	75 µg	S ≥ 23, R ≤ 20
	Ticarcillin-clavulanate	75 µg + 10 µg	S ≥ 20 R ≤ 14		Ticarcillin-clavulanate	75 µg + 10 µg	S ≥ 20, R ≤ 14
	Piperacillin-tazobactam	36 µg	S ≥ 21 R ≤ 17		Piperacillin-tazobactam	36 µg	S ≥ 20, R < 20
Penicillin	Ticarcillin	75 µg	S ≥ 23, R ≤ 20	Quinolone	Nalixidic acid	30 µg	S ≥ 19, R ≤ 13
	Piperacillin	30 µg	S ≥ 21 R ≤ 17		Ciprofloxacin	5 µg	S ≥ 26, R ≤ 21
Cephalosporin	Cefoxitin	30 µg	S ≥ 18 R ≤ 14		Levofloxacin	5 µg	S ≥ 21, R ≤ 16
	Cefepime	30 µg	S ≥ 25 R ≤ 18	Cephalosporin	Cefepime	30 µg	S ≥ 25, R ≤ 18
Carbapenems	Ertapenem	10 µg	S ≥ 22 R ≤ 18	Monobactam	Aztreonam	30 µg	S ≥ 21, R ≤ 17
	Imipenem	10 µg	S ≥ 23 R ≤ 19	Aminoglycoside	Gentamicin	10 µg	S ≥ 15, R ≤ 12
Quinolone	Nalixidic acid	30 µg	S ≥ 19 R ≤ 13				
	Ciprofloxacin	5 µg	S ≥ 26 R ≤ 21				
	Levofloxacin	5 µg	S ≥ 21 R ≤ 16				
Monobactam	Aztreonam	30 µg	S ≥ 21 R ≤ 17				
Phosphonic acid	Fosfomicin	200 µg	S ≥ 16 R ≤ 12				
Folate Pathway Antagonist	Trimethoprim-sulfamethoxazole	1.25 µg + 23.75 µg	S ≥ 16 R ≤ 10				

S: Nhạy cảm với kháng sinh; R: Kháng với kháng sinh.

Sự đa dạng của kháng sinh được sử dụng cho phép nghiên cứu này có cái nhìn toàn diện về khả năng kháng thuốc của vi khuẩn đối với nhiều loại kháng sinh khác nhau, giúp xác định mức độ kháng kháng sinh một cách chi tiết hơn. Các kháng sinh được chọn đều có phổ kháng khuẩn rộng, bao gồm cả kháng sinh có tác dụng đối với cả vi khuẩn Gram âm và Gram dương. Ngoài ra, các kháng sinh này thường được sử dụng trong thực hành lâm sàng để điều trị các nhiễm trùng do vi khuẩn gây ra.

Trong ngành nuôi trồng thủy sản, việc sử dụng kháng sinh để phòng và trị bệnh cho cá là khá phổ biến. Những kháng sinh được chọn trong nghiên cứu này đều có khả năng đã được sử dụng trong thực tiễn nuôi trồng thủy sản, nên việc nghiên cứu sự kháng thuốc của vi khuẩn trong môi trường này sẽ cung cấp dữ liệu quan trọng để quản lý và kiểm soát sử dụng kháng sinh, giúp cung cấp dữ liệu toàn diện và hữu ích cho cả khoa học và ứng dụng thực tế.

Tách DNA tổng số

Một lít nước được lọc qua màng lọc 0.22 μm (500 mL/màng lọc) để thu nhận sinh khối vi khuẩn. DNA tổng số từ mẫu nước và trầm tích được tách chiết bằng bộ kit Dneasy PowerWater (Qiagen, Đức) theo hướng dẫn của nhà sản xuất. Nồng độ và độ tinh sạch DNA được xác định bằng NannoDrop ND-2000. DNA sau đó được làm khuôn nhân gen cho các nghiên cứu tiếp theo.

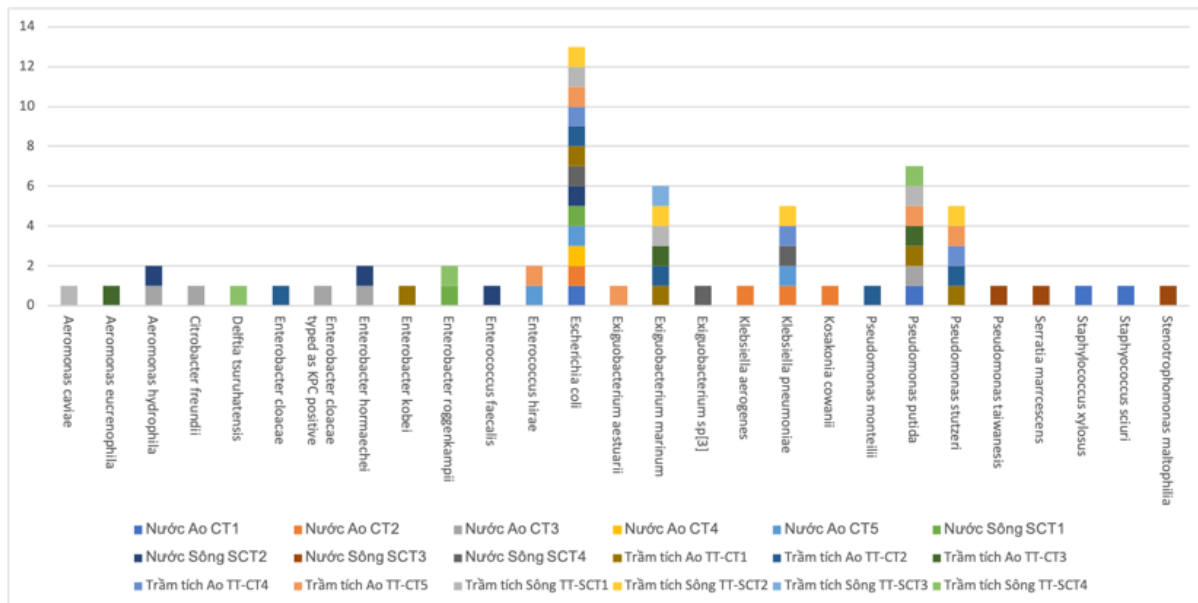
Xác định mật độ vi khuẩn và định lượng gen KKS

Tám (08) gen KKS thuộc nhóm 3 nhóm kháng sinh được sàng lọc bằng PCR gen đích gồm: Sulfonamide (*Sul1*, *Sul2*), Tetracycline (*TetQ*, *TetX*, *TetM*), Carbapenems (*blaKPC*, *blaNDM*, *blaVIM*). Thành phần phản ứng bao gồm hỗn hợp 10 μL Master mix qPCR, 7.2 μL H₂O, 0.4 μL primer (mỗi loại) và 2 μL DNA tổng số. Các thông số chu kỳ là 95°C trong 2 phút, tiếp theo là 35 chu kỳ 95°C trong 30 giây, 52-60°C (tuỳ thuộc vào nhiệt độ bắt cặp) trong 15 giây, 72°C trong 10 phút. Trên hệ thống Realtime PCR Quanstudio 5 (Thermo, Mỹ).

KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

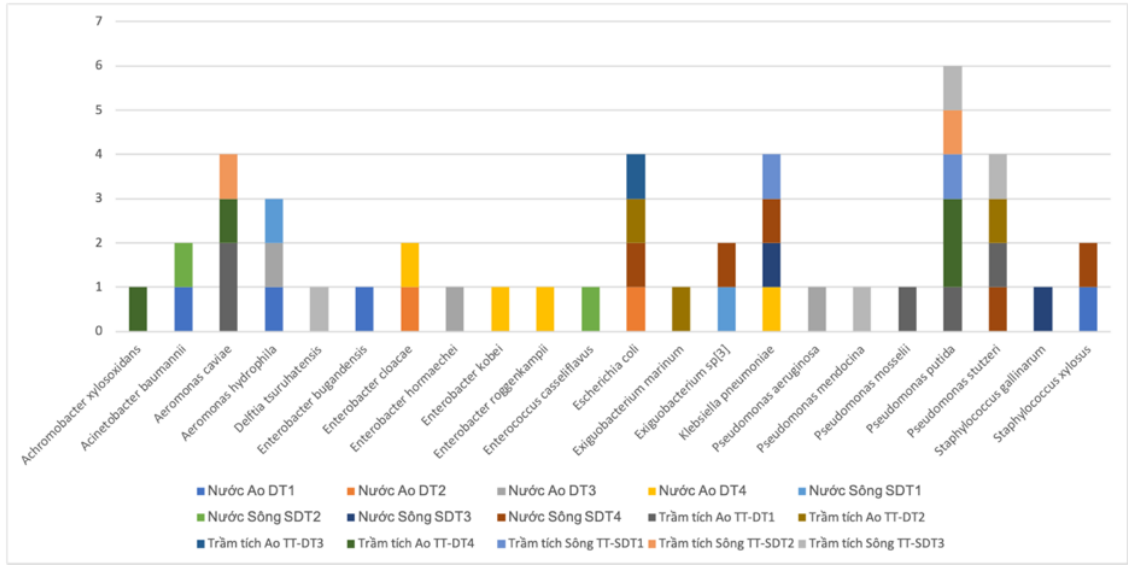
Xác định sự xuất hiện vi khuẩn gây bệnh trong ao nuôi cá tra và ở nhánh sông Mekong liền kề ao cá

Từ phân tích đặc điểm hình thái kiểu hình, tổng số 159 chủng vi khuẩn đã được phân lập từ các mẫu nước và trầm tích. Tuy nhiên, 105 chủng được định danh thành công trên hệ thống MALDI-TOF MS, trong khi 54 mẫu không thể xác định được. Hiện tại, hệ thống MALDI-TOF MS Biotyper (Bruker, Đức) đang phát triển thư viện gồm các chủng vi khuẩn gây bệnh với mục đích định danh nhanh các loài vi khuẩn gây bệnh, phục vụ trong lâm sàng, do đó cơ sở dữ liệu của hệ thống đối với định danh vi khuẩn môi trường còn hạn chế. Do đó, từ kết quả định danh đã xác định được 24 loài thuộc nhóm vi khuẩn gây bệnh ở người và động vật.



Hình 1. Phân bố của các vi khuẩn phân lập từ sông Mekong và ao cá tra tại Cần Thơ

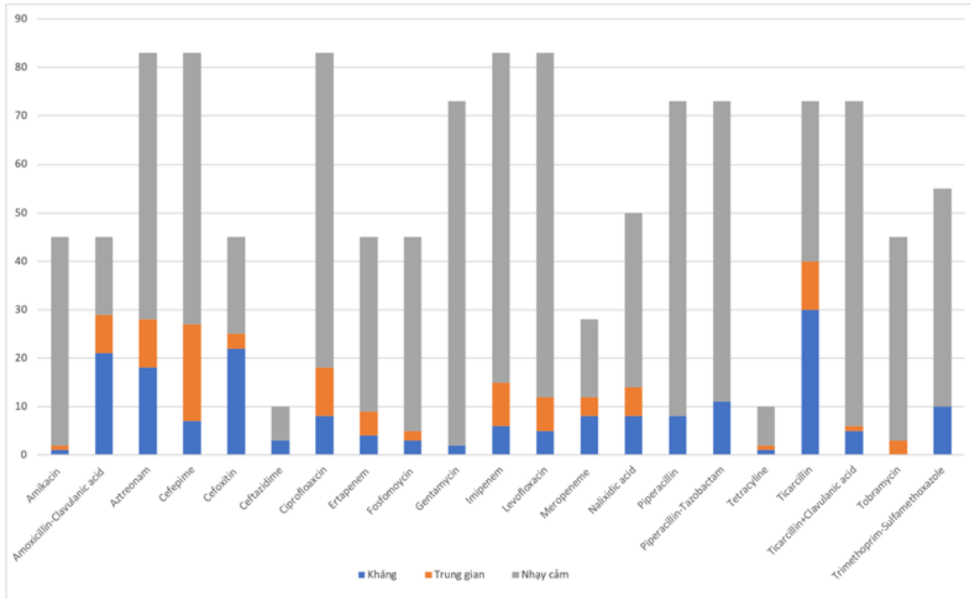
Tại Cần Thơ, 62 chủng được phân lập từ các mẫu nghiên cứu, trong đó gồm 29 chủng từ mẫu nước và 33 chủng từ mẫu trầm tích (Hình 1). 28 loài vi khuẩn đã được xác định, trong đó chiếm ưu thế nhất là nhóm vi khuẩn đường ruột *Enterobacteriaceae* (n=10), tiếp theo là chi *Aeromonas* (n=3) và các loài vi khuẩn khác. *Escherichia coli* là loài phổ biến nhất được tìm thấy ở 13/17 (76.5%) mẫu nghiên cứu. Kết quả này cho thấy tỷ lệ nhiễm coliform trong ao cá tra và lưu vực sông Mekong ở mức rất cao. Một số loài vi khuẩn cũng xuất hiện phổ biến trong môi trường sông Mekong và ao nuôi cá tra gồm *Pseudomonas putida* (n=7), *Exiguobacterium marium* (n=6) và *Pseudomonas stutzeri* (n=5). Trong khi đó, các loài vi khuẩn khác ít phổ biến hơn và được phân lập rải rác từ các mẫu nghiên cứu. Tương tự, 43 chủng vi khuẩn được định danh phân lập từ các mẫu nước (n=24) và bùn trầm tích (n=19) tại Đồng Tháp (Hình 2). 22 loài vi khuẩn được xác định, trong đó vi khuẩn phổ biến nhất gồm *Pseudomonas putida* (n=6), *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Aeromonas caviae* và *Pseudomonas stutzeri* (n=4, mỗi loài). Như vậy có sự khác biệt giữa thành phần và tỷ lệ các chủng vi khuẩn phân lập được từ mẫu nghiên cứu ở Cần Thơ so với các mẫu nghiên cứu ở khu vực Đồng Tháp. Nhìn chung, các mẫu môi trường thu thập tại Cần Thơ có sự đa dạng vi khuẩn cao hơn trong cả mẫu nước và trầm tích so với Đồng Tháp.



Hình 2. Phân bố của các vi khuẩn được lấy từ mẫu nước và mẫu trầm tích tại tỉnh Đồng Tháp

Nghiên cứu này cho thấy có sự hiện diện của một số loài vi khuẩn gây bệnh ở người và động vật đang lưu hành trong nước sông Mekong và trong ao nuôi cá tra như *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Enterobacter cloacae*, *Aeromonas hydrophila*, *Aeromonas caviae*, *Aeromonas jandaei* và *Aeromonas veronii*. Các loài này có thể gây ra các bệnh nhiễm trùng đường tiêu hoá, nhiễm trùng da và mô mềm (Pineda-Reyes *et al.*, 2024). Đáng lưu ý, sự xuất hiện của một số loài vi khuẩn như *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* ở nhiều khu vực nghiên cứu tại Cần Thơ và Đồng Tháp cho thấy mức độ ô nhiễm coliform, vi khuẩn đường ruột ở mức cảnh báo.

Hiện trạng vi khuẩn gây bệnh kháng kháng sinh



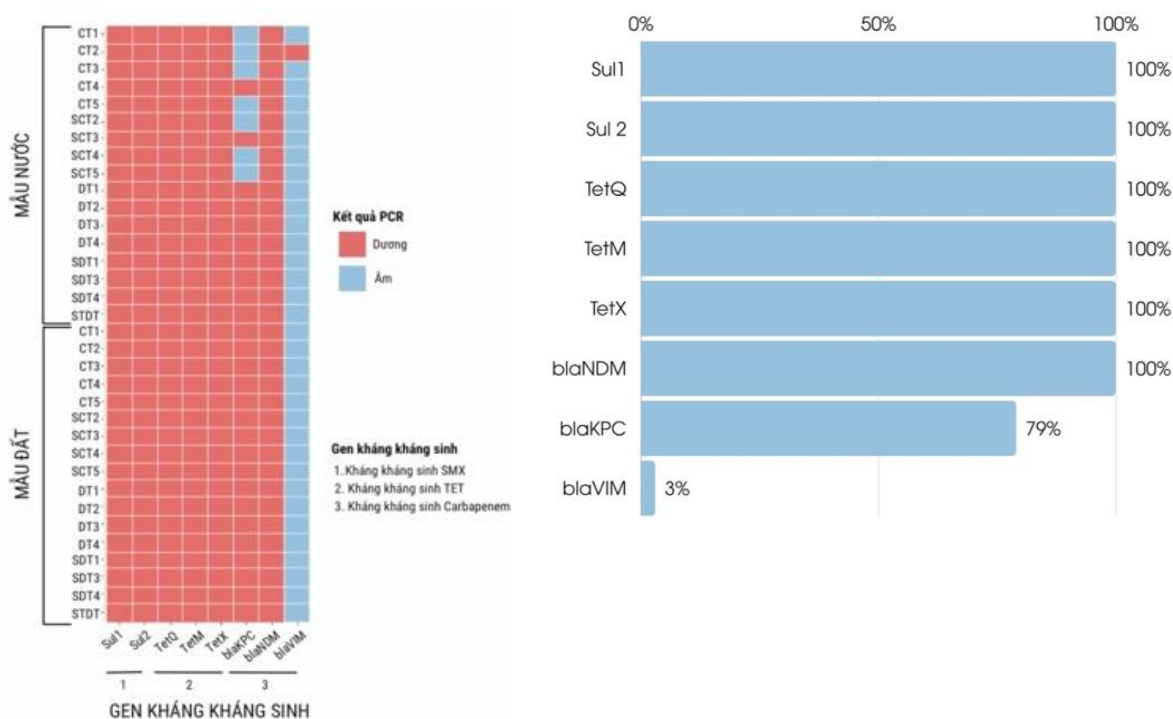
Hình 3. Tỷ lệ vi khuẩn kháng kháng sinh trong nước và trầm tích tại hai tỉnh Cần Thơ và Đồng Tháp

Nhìn chung, các chủng vi khuẩn kháng với ít nhất 1 loại kháng sinh với tỷ lệ KKS được xác định từ 4.4% đến 64.3%, tùy thuộc loại kháng sinh thử nghiệm (Hình 3). Cụ thể, kháng Amoxicillin-Clavulanic acid (64.3%) chiếm tỷ lệ cao nhất, tiếp theo là Cefepime (32.4%), Cefoxitin (31.7%) và Cefazidime (30%). Điều này cho thấy vi khuẩn trong ao nuôi cá và khu vực sông Mekong đã kháng với nhiều loại thuốc thường được sử dụng trong điều trị nhiễm khuẩn ở người và động vật (Paterson *et al.*, 2004). Như vậy, việc sử dụng Cefoxitin, Amoxicillin-Clavulanic acid, và Ticarcillin trong nuôi trồng thủy hải sản có thể là nguyên nhân hàng đầu dẫn đến thúc đẩy và chọn lọc các vi khuẩn kháng thuốc trong môi trường ao nuôi cá và trong sông Mekong. Mặc dù vậy, vi khuẩn có tỷ lệ nhạy cảm rất cao đối với Gentamycin (97.26%), Amikacin (95.6%), và Tobramycin (93.33%), tiếp theo là Fosfomycin (88.89%), Levofloxacin (85.54%), Imipemen (81.92%), Ertapenem (80%) và Ciprofloxacin

(78.31%). Đây là các thuốc thuộc nhóm kháng sinh mạnh, thế hệ sau, nên tỷ lệ kháng thuốc còn thấp ở nhiều loài vi khuẩn gây bệnh. Những kết quả nghiên cứu này phù hợp với các nghiên cứu ở các khu nuôi thủy hải sản và ở các dòng sông trên thế giới, nơi mà tình trạng KKS đang gia tăng và diễn biến hết sức phức tạp, tiềm ẩn nguy cơ ảnh hưởng sức khỏe người, động vật và hệ sinh thái thủy sinh.

Tỷ lệ và phân bố của gen KKS

Trong nghiên cứu này, các gen KKS gồm *Sul1*, *Sul2*, *TetM*, *TetQ*, *TetX* và *blaNDM* đã được phát hiện ở tất cả các mẫu nghiên cứu (100%) (Hình 4). Trong khi đó, gen *blaKPC* được phát hiện trong 27/34 (79%) mẫu nghiên cứu, và xuất hiện ở toàn bộ mẫu thu thập tại Đồng Tháp. Tuy nhiên, tỷ lệ phát hiện gen *blaVIM* rất thấp (3%), được tìm thấy duy nhất ở một mẫu nước thu thập tại Cần Thơ. Các nghiên cứu trước đây chủ yếu báo cáo sự xuất hiện của các gen KKS phổ biến như *Sul1*, *Sul2*, *TetA*... Trong khi đó khá ít nghiên cứu xác định được sự có mặt của các gen *TetM*, *TetQ*, *TetX* và *blaNDM* trong môi trường thủy sản và trong các dòng sông. Điều này cho thấy diễn biến KKS trong lưu vực sông Mekong đang diễn ra hết sức phức tạp. Tỷ lệ xuất hiện gen KKS rất cao và phân bố ở hầu hết các khu vực nghiên cứu cho thấy nguy cơ phát tán và lây truyền nhanh các gen KKS trong hệ sinh thái này.



Hình 4. Tỷ lệ và phân bố gen KKS trong môi trường ao nuôi cá và trong sông Mekong

KẾT LUẬN

Mặc dù tỷ lệ vi khuẩn gây bệnh KKS trong ao nuôi cá tra và trong sông Mekong còn thấp, tuy nhiên đã phát hiện được những chủng vi khuẩn kháng với một số kháng sinh dự phòng, kháng sinh mạnh dùng trong điều trị lâm sàng như Carbapenems (Imipenem, Ertapenem), Levofloxacin. Bên cạnh đó, tỷ lệ rất cao (100%) và sự phân bố rộng của gen KKS nhất là *blaNDM*, *TetM* và *TetQ* sẽ thúc đẩy quá trình trao đổi gen ngang làm bùng phát nhanh chóng các chủng vi khuẩn KKS. Kết quả này nhấn mạnh sự cần thiết của việc giám sát và quản lý chặt chẽ việc sử dụng kháng sinh trong nuôi trồng thủy hải sản để hạn chế việc chọn lọc và lây nhiễm các chủng vi khuẩn gây bệnh KKS dự phòng tới người dân thông qua tiếp xúc trực tiếp với môi trường sống và chuỗi thức ăn.

Lời cảm ơn: Nghiên cứu này được tài trợ bởi Dự án MOHIP – Đại Học Michigan – Mỹ và Chương trình phát triển Nhóm nghiên cứu tiềm năng của USTH giai đoạn 2024 – 2026 dành cho Nhóm nghiên cứu MICH.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Giebel R, Worden C, Rust SM, et al. (2010). Microbial fingerprinting using matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) applications and challenges. *Advances in Applied Microbiology*, 71: 149-184.
- Karungamy P, Rugaika A, Mtei K, Machunda R. (2023). Antibiotic resistance patterns of *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, and *Pseudomonas aeruginosa* isolated from hospital wastewater. *Applied Microbiology*, 3(3): 867-882.
- Neu HC. (1992). The crisis in antibiotic resistance. *Science*, 257(5073): 1064-1073.

Paterson DL, Bonomo RA. (2004). Extended-spectrum beta-lactamases: a clinical update. *Clinical Microbiology Reviews*, 17(4): 657-686.

Pineda-Reyes R, Neil BH, Orndorff J, Williams-Bouyer N, Netherland M, Hasan NA, Tahashilder MI, Sha J, Chopra AK, Reynoso D. (2024). Clinical presentation, antimicrobial resistance, and treatment outcomes of *Aeromonas* human infections: A 14-year retrospective study and comparative genomics of 2 isolates from fatal cases. *Clinical Infectious Diseases*, 2024, ciae272.

Rico A, Tran M P, Satapornvanit K, Min J, Shahabuddin A M, Henriksson P J G, Murray F J, Little D C, Dalsgaard A, Brink P J V D (2013). Use of veterinary medicines, feed additives and probiotics in four major internationally traded aquaculture species farmed in Asia. *Aquaculture*, 412-413: 231-243.

Van Boeckel TP, Pires J, Silvester R, Zhao C, Song J, Criscuolo N G, Gibert M, Bonhoeffer S, Laxminarayan R (2019). Global trends in antimicrobial resistance in animals in low- and middle-income countries. *Science*, 365(6459).

STUDY ON ANTIBIOTIC RESISTANT BACTERIA AND ANTIBIOTIC RESISTANCE GENES IN SOME PANGASIUS PONDS IN CAN THO AND DONG THAP

Vu Dang Hai Long^{1,2}, Nguyen Dang Quang², Nguyen Quang Huy^{2*}

¹ Graduate University of Science and Technology, Vietnam Academy of Science and Technology, Hanoi, Vietnam

² MICH University of Science and Technology of Hanoi, Vietnam Academy of Science and Technology, Hanoi, Vietnam

ABSTRACT

Antimicrobial resistance (AMR) is a serious threat to public health and the environment, directly impacting the implementation of the United Nations' sustainable development goals. Many studies on AMR in the medical area have been conducted, nevertheless research on AMR in the environment has not been well studied in Vietnam. The Mekong River, with its important role in economic development and food security, is facing serious pollution from human activities. The objective of this study is to determine antibiotic-resistant bacteria and the prevalence of antibiotic resistant genes in some *Pangasius* ponds in Can Tho and Dong Thap provinces. A total of 105 bacterial strains were identified using the MALDI-TOF MS method, of which 24 species that cause disease in humans and animals were identified. The most common bacterial species include *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Enterobacter cloacae*, *Aeromonas hydrophila*, *Aeromonas caviae*, *Aeromonas jandaei* and *Aeromonas veronii*. The pathogenic bacterial strains were resistant to at least one tested antibiotic. The proportion of antibiotic resistance was highest for Amoxicillin-Clavulanic acid (64.3%), Cefepime (32.4%), Cefoxitin (55.4%), Azetronam (31.7%) and Ceftazidime (30%). In addition, antibiotic-resistant genes including *Sul1*, *Sul2*, *TetM*, *TetQ*, *TetX* and *bla_{NDM}* were detected in all research samples (100%). Our findings highlight the need for strict monitoring and management of antibiotic use in aquaculture to minimize the selection and spread of drug-resistant bacteria in river ecosystems and the food chain which could pose potential risks to human health.

Keywords: Antibiotic resistance, Antibiotic-resistant bacteria, Antibiotic resistant genes, Pangasius, Mekong river.

* Corresponding author: Tel: +84-2432121576; Email: nguyen-quang.huy@usth.edu.vn