

XÁC ĐỊNH MỘT SỐ GEN QUY ĐỊNH ĐỘC LỰC VÀ TƯƠNG ĐỒNG KIỂU GEN CÁC CHỦNG *SALMONELLA* TRONG CHUỖI SẢN XUẤT THỊT GÀ TẠI MỘT SỐ HUYỆN TP. HÀ NỘI

**Phạm Thị Ngọc¹, Trương Thị Quý Dương¹, Trương Thị Hương Giang¹,
Luu Quỳnh Hương¹, Trần Thị Nhật¹, Hoàng Thị Thu Hà²**

TÓM TẮT

Kết quả phân tích 100 chủng *Salmonella* phân lập được trong chuỗi sản xuất thịt gà trên địa bàn các huyện Đông Anh, Sóc Sơn, Gia Lâm - Thành phố Hà Nội bằng phương pháp PCR cho thấy có cả 3 chủng *Salmonella* (*S. typhimurium*, *S. enteritidis* và *S. alban*) đều mang gen Sip B, trong đó 2 serotype (100 % các chủng *S. typhimurium* và *S. enteritidis*) mang gen này và 98% các chủng vi khuẩn *Salmonella* trên mang gen InvA; trong đó 100% chủng thuộc 2 serotype (*S. typhimurium* và *S. enteritidis*) mang gen InvA.

Khi phân tích kiểu gen bằng phương pháp PFGE từ các ảnh chụp ADN giới hạn của 250 chủng vi khuẩn *Salmonella* trong chuỗi trên, đã phân loại thành 41 kiểu gen, trong đó kiểu 15 có 14/250 chủng (5,6%), chiếm tỷ lệ cao nhất và phổ biến nhất; kiểu 36 có 1/250 chủng (0,4%) chiếm tỷ lệ thấp nhất, kiểu gen không xếp loại được có 43/250 chủng (17,2%) là các chủng hoàn toàn khác so với các kiểu gen đã được xếp từ 1 đến 41. Đây là căn cứ để đánh giá cơ chế gây bệnh, tương quan về nguồn gốc của vi khuẩn *Salmonella* ở các khâu trong chuỗi sản xuất thịt gà để biết cách phòng tránh.

Từ khóa: Thịt gà, Chuỗi sản xuất, *Salmonella*, Gen độc lực, Tương đồng gen, TP. Hà Nội

Determination of some virulent genes and genotype similarity of *Salmonella* strains in the chicken meat production chain at some districts, Ha Noi City

**Pham Thi Ngoc, Truong Thi Quy Duong, Truong Thi Huong Giang,
Luu Quynh Huong, Tran Thi Nhat, Hoang Thi Thu Ha**

SUMMARY

The result of analysing 100 *Salmonella* strains isolated in the chicken meat production chain at Dong Anh, Soc Son, Gia Lam districts, Ha Noi City indicated that all of three *Salmonella* strains (*S. typhimurium*, *S. enteritidis* and *S. alban*) carried Sip B gene. Of which, 2 serotypes (100% of *S. typhimurium* and *S. enteritidis*) carried this gene and 98 % of the above mentioned *Salmonella* strains carried InvA gene. Of which 100% strains belonged to 2 serotypes (*S. typhimurium* and *S. enteritidis*) carried InvA.

Analysis of genotypes by PFGE method from the restriction DNA of the *Salmonella* strains in the above mentioned chain indicated that there were 41 genotypes classified. Of which, genotype 15 including 14/250 strains accounted for the highest rate and common (5.6%), genotype 36 including 1/250 strains accounted for the lowest rate (0.4%). The genotypes were not classified including 43/250 strains (17.2%). This is base for assessment of pathological mechanism, correlation of *Salmonella* bacteria origin in the stages of the chicken meat production chain. Also, this is essential for disease prevention.

Keywords: Chicken meat, Production chain, *Salmonella*, Virulent gene, Gene similarity, Ha Noi City

¹ Viện Thú y

² Viện Vệ sinh dịch tễ

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Ô nhiễm môi trường trong chăn nuôi gà nói chung và trong chuỗi sản xuất thịt gà nói riêng đang là vấn nạn nhức nhối, không chỉ ở Việt Nam mà còn tồn tại ở nhiều nước trên thế giới.

Những năm qua, chăn nuôi gà phát triển khá mạnh về số lượng lẫn quy mô. Chăn nuôi gà có khoảng 1.950 trang trại trong toàn quốc, cung cấp một lượng thực phẩm không hề nhỏ cho cộng đồng. Theo dự báo những năm tới, sản phẩm chăn nuôi gà của Việt Nam sẽ tiếp tục tăng để đáp ứng nhu cầu đa dạng và ngày một tăng của xã hội, nhưng đồng thời chính ngành sản xuất này cũng sẽ góp phần đem đến nhiều sự biến đổi môi trường và khí hậu theo chiều hướng không mong đợi. Để đảm bảo sức khỏe cộng đồng khi cung cấp sản phẩm ra thị trường thì phải đảm bảo vệ sinh an toàn thực phẩm. Muốn làm được điều này, về mặt kỹ thuật chúng ta phải quan tâm cả chuỗi sản xuất từ khâu chăn nuôi gà trong trang trại, vận chuyển, giết mổ cho tới khâu tiêu thụ sản phẩm để không bị ô nhiễm. Một trong những nguyên nhân gây ô nhiễm, ngộ độc thực phẩm mà cả thế giới quan tâm là vi khuẩn *Salmonella*.

Trong nghiên cứu này, chúng tôi trình bày kết quả xác định một số gen quy định độc lực của các chủng *Salmonella* và xác định mức độ tương đồng về kiểu gen của chúng có nguồn gốc khác nhau trong chuỗi sản xuất thịt gà ở Hà Nội để thấy được sự phân bố các gen gây bệnh nguy hiểm và nguồn gốc kiểu gen tương đồng trong chuỗi, giúp cho người tiêu dùng sản phẩm biết được cách phòng tránh, bảo vệ sức khỏe cộng đồng.

II. NỘI DUNG, VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1 Nội dung

- Xác định một số gen quy định độc lực của các chủng *Salmonella* phân lập được.

- Xác định mức độ tương đồng về kiểu gen của các chủng *Salmonella* có nguồn gốc khác nhau trong chuỗi sản xuất so với các chủng *Salmonella* phân lập từ các mẫu thân thịt và thịt gà.

2.2 Vật liệu

- Với 250 chủng *Salmonella* phân lập được trong chuỗi sản xuất từ trại gà giống, lò ấp trứng, trại gà thịt, gà chờ giết mổ tại các điểm/ cơ sở giết mổ, vận chuyển gà và nơi tiêu thụ trên địa bàn các huyện Đông Anh, Sóc Sơn, Gia Lâm - Hà Nội.

- Các dụng cụ, hóa chất, kit dùng cho phản ứng PCR xác định gen quy định độc lực và điện di đánh giá mối tương quan kiểu gen của vi khuẩn *Salmonella*.

- Trang thiết bị, máy móc Phòng thí nghiệm của Viện Thú y

- Thời gian nghiên cứu: 2014 - 2015.

2.3 Phương pháp nghiên cứu

- Phương pháp PCR xác định độc lực bằng cách thiết kế các cặp mồi của gen độc của vi khuẩn *Salmonella*, dựa trên các thông tin về trình tự của các gen được công bố trên NCBI và chương trình <http://frodo.wi.mit.edu/primer3/>. Trong nghiên cứu này, chúng tôi kiểm tra phát hiện 2 loại gen độc lực là gen Sip B (gen tấn công các tế bào phi thực bào, giết các đại thực bào) và gen Inv A (gen xâm nhập).

Bảng 1. Trình tự mồi dùng trong khuếch đại các gen độc

Tên gen	Trình tự mồi		Mã số trên GenBank	Kích thước (bp)
Sip B (Entry into nonphagocytic cells, killing of macrophages)	F	GGACGCCGCCCCGGGAAAACTCTC	NC003197	875
	R	ACACTCCCGTCGCCGCCTTCACAA		
Inv A (Host recognition/invasion)	F	CTGGCGGTGGGTTTTGTTGTCTTCTCTATT	NC003197	1070

- Phương pháp PFGE (Pulsed-Field Gel Electrophoresis) đánh giá mối tương quan về kiểu gen của các chủng vi khuẩn, dựa trên nguyên lý: Dùng một máy điện di đặc biệt để phân tách các đoạn ADN đặc trưng được sinh ra bởi sự phân cắt phân tử ADN nguyên vẹn của vi khuẩn bằng enzyme giới hạn (Restriction endonuclease). Thực hiện phương pháp này, vi khuẩn thuần khiết được nhồi vào trong các nút thạch (plugs), tại đó chúng được xử lý bởi enzyme ly giải vi khuẩn (lysozyme, proteinase K) để giải phóng ra ADN nguyên vẹn. Sau đó, ADN được phân cắt bằng enzyme giới hạn tại một số vị trí giới hạn đặc trưng trên phân tử ADN để tạo ra nhiều đoạn ADN có kích thước lớn (10 – 800 kilobases, kb). Vì các mảnh ADN có kích

thước lớn được sinh ra, nên để phân tách có hiệu quả các mảnh ADN này, đòi hỏi phải sử dụng một xung điện trường có nhiều cực đi ngang qua gel agarose chứ không phải là điện trường không đổi như điện di thông thường.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1 Kết quả xác định một số gen quy định độc lực của các chủng *Salmonella* phân lập được bằng phản ứng PCR

Chọn 100/250 chủng vi khuẩn *Salmonella* phân lập được tại các khâu của chuỗi sản xuất thịt gà được chúng tôi lựa chọn, tiến hành xác định hai gen quy định độc lực (gen Sip B và Inv A) bằng phản ứng PCR. Kết quả trình bày ở bảng 2.

Bảng 2. Các chủng *Salmonella* lựa chọn để tiến hành xác định gen quy định độc lực

Serotype	Cơ sở gà giống bố mẹ	Cơ sở ấp trứng	Trại gà nông hộ	Lò mổ	Điểm tiêu thụ	Tổng
<i>S. typhimurium</i>	5	4	5	6	7	27
<i>S. enteritidis</i>	3	4	5	6	9	27
<i>S. alban</i>	10	10	9	7	10	46
Tổng	18	18	19	19	26	100

Sip B là gen quy định khả năng tấn công các tế bào phi thực bào và giết các đại thực bào. Inv A là gen quy định khả năng xâm nhập vào tế bào chủ, bước đầu cho cơ chế gây bệnh của *Salmonella*. Kết quả được trình bày tại bảng 3.

Kết quả tại bảng 3 cho thấy 100% các chủng *Salmonella* đều mang gen Sip B là gen có khả năng tấn công các tế bào phi thực bào và giết các đại thực bào, trong đó 100% các chủng serotype *S. typhimurium* và *S. enteritidis*, 98% chủng vi khuẩn *Salmonella* tại các khâu mang gen Inv A quy định cho khả năng xâm nhập của vi khuẩn vào tế bào chủ. Cũng như gen Sip B,

100% chủng thuộc 2 serotype *S. typhimurium* và *S. enteritidis* đều mang gen InvA. Trong khi đó chỉ 2 chủng thuộc serotype *S. alban* phân lập tại cơ sở ấp trứng và trại gà nông hộ không mang loại gen này.

Theo Nguyễn Mạnh Phương và cs (2011), 96,77% chủng *Salmonella* phân lập được trên lợn tiêu chảy có mang gen Inv A, trong đó chỉ có 1/2 chủng thuộc serotype *S. ruziti* phân lập được không mang loại gen này. Cũng theo Oludairo O Oladapo và cs (2013), chỉ có 5/8 chủng vi khuẩn *Salmonella* phân lập được từ các động vật hoang dã được nuôi nhốt có mang loại gen này.

Bảng 3. Kết quả xác định gen quy định độc lực của các chủng vi khuẩn phân lập được

Serotype	Nguồn gốc	Số chủng dương tính <i>Sip B</i> (n/N)	Số chủng dương tính <i>Inv A</i> (n/N)
<i>S.typhimurium</i>	Trại gà giống	5/5	5/5
	Cơ sở ấp trứng	4/4	4/4
	Trại gà nông hộ	5/5	5/5
	Cơ sở giết mổ	6/6	6/6
	Nơi tiêu thụ	7/7	7/7
<i>S.enteritidis</i>	Trại gà giống	3/3	3/3
	Cơ sở ấp trứng	4/4	4/4
	Trại gà nông hộ	5/5	5/5
	Cơ sở giết mổ	6/6	6/6
	Nơi tiêu thụ	9/9	9/9
<i>S.albany</i>	Trại gà giống	10/10	10/10
	Cơ sở ấp trứng	10/10	9/10
	Trại gà nông hộ	9/9	8/9
	Cơ sở giết mổ	7/7	7/7
	Nơi tiêu thụ	10/10	10/10
Tổng		100/100	98/100

3.2 Xác định mức độ tương đồng về kiểu gen của các chủng *Salmonella* có nguồn gốc khác nhau trong chuỗi sản xuất

250 chủng vi khuẩn *Salmonella* đã được chọn ra từ các chủng vi khuẩn *Salmonella* phân lập được tại các khâu của chuỗi sản xuất (không trình bày trong báo cáo này).

Dựa vào kết quả phân tích kiểu PFGE (theo phương pháp của Tenover và cộng sự, 1995) từ ảnh chụp các kiểu ADN giới hạn của 250 chủng vi khuẩn, chúng tôi phân loại kiểu gen của 250 chủng vi khuẩn này thành 41 nhóm, kết quả được trình bày tại bảng 4.

250 chủng vi khuẩn sau khi được xác định kiểu gen bằng kỹ thuật PFGE, nhóm nghiên cứu đã xếp chúng vào 41 nhóm kiểu gen khác nhau. Kiểu 15 có 14 chủng, chiếm tỷ lệ cao nhất (5,6%) so với các kiểu còn lại, điều đó cho thấy đây là kiểu PFGE phổ biến nhất. Kiểu 36 chiếm tỉ lệ thấp nhất, chỉ có 1/250 chủng (0,4%). Nhóm kiểu gen không xếp loại được có 43 chủng chiếm tỷ lệ 17,2%, kiểu gen của các

chủng này hoàn toàn khác so với các kiểu gen đã được xếp nhóm từ 1 đến 41.

27 chủng thuộc serotype *S.typhimurium*, đã được phân lập từ 5 khâu của chuỗi sản xuất. Kiểu gen của chúng cũng được xếp vào 5 nhóm riêng biệt (nhóm 1 đến nhóm 5). 5 serotype *S.typhimurium* phân lập từ trại gà bố mẹ thuộc 2 nhóm 1 và 2; 4 serotype từ cơ sở ấp trứng thuộc nhóm 2; 5 serotype từ trại gà nông hộ thuộc 2 kiểu gen khác nhau là nhóm 3 và nhóm 4; 6 serotype từ cơ sở giết mổ có kiểu gen thuộc nhóm 4; 7 serotype từ nơi tiêu thụ thuộc 2 nhóm là nhóm 4 và nhóm 5. Trong đó, có 1 chủng vi khuẩn có chung nguồn gốc từ khâu trại gà giống cho đến cơ sở ấp trứng. Tại 3 khâu, từ trại gà nông hộ, cơ sở giết mổ đến nơi tiêu thụ có mối liên quan dịch tễ chặt chẽ với nhau do có một số chủng phân lập tại cả 3 khâu đều thuộc nhóm 3, cho thấy *Salmonella* tại 3 mắt xích của chuỗi có chung nguồn gốc. Xét trong cả chuỗi sản xuất thì các chủng vi khuẩn có mối liên quan yếu với nhau. Tại khâu tiêu thụ, 1 chủng vi khuẩn không

được xếp vào nhóm nào, cho thấy có sự ô nhiễm vi khuẩn từ môi trường bên ngoài vào thân thịt.

Tương tự, 27 chủng vi khuẩn *S. enteritidis* được phân lập tại 5 khâu cũng thuộc 5 kiểu gen khác nhau, từ kiểu 6 đến kiểu 10. Các chủng vi khuẩn thuộc trại gà giống bố mẹ và cơ sở ấp trứng có mối liên quan khít kín với nhau đều thuộc 2 kiểu gen là kiểu 6 và kiểu 7. Các chủng thuộc trại gà nông hộ và cơ sở giết mổ, cơ sở giết mổ và nơi tiêu thụ cũng tạo thành cặp có mối liên quan khít kín. Mặt khác, các nhóm từ nhóm 6 đến nhóm 10 cũng có mối liên quan gần với nhau, cho thấy có mối tương quan nguồn gốc dù chưa được khẳng định chắc chắn ở cả 5 khâu của chuỗi. 1 chủng phân lập tại nơi tiêu thụ cũng có kiểu gen không được xếp vào nhóm nào, lại một lần nữa cho thấy nguồn ô nhiễm *Salmonella* vào thân thịt cũng có một phần từ môi trường bên ngoài.

6 chủng vi khuẩn thuộc serotype *pullorum gallinarum* thuộc 2 kiểu gen nhóm 11 và 12, chúng có mối liên quan gần với nhau.

51 chủng vi khuẩn *Salmonella* thuộc serotype *S. alban*y cũng được xếp thành 5 nhóm khác nhau, từ nhóm 13 đến nhóm 17, trong đó 15 chủng thuộc 4 khâu của chuỗi có kiểu gen không xếp loại được. Cũng như các chủng *S. enteritidis*, các chủng có mối liên quan dịch tễ chặt chẽ với nhau theo từng cặp mắt xích trong chuỗi. Một số chủng thuộc trại gà bố mẹ và cơ sở ấp trứng có chung một nguồn gốc. Một số chủng tại trại gà nông hộ, điểm giết mổ và nơi tiêu thụ có chung một nguồn gốc. Tuy nhiên, không tìm thấy chủng vi khuẩn có chung nguồn gốc ở cả 5 khâu của chuỗi sản xuất. Nhưng giữa các chủng này cũng có mối liên quan nguồn gốc với nhau. 5 chủng *S. alban*y tại nơi tiêu thụ có kiểu gen khác hoàn toàn so với các kiểu gen khác, cho thấy có sự ô nhiễm vi khuẩn từ môi trường ngoài vào thân thịt.

32 chủng *S. agona* tại 5 khâu của chuỗi được xếp vào 5 nhóm khác nhau, từ nhóm 18 đến nhóm 22. Đối với các chủng thuộc serotype này, chỉ thấy một số chủng vi khuẩn phân lập tại cơ sở giết mổ và nơi tiêu thụ cùng có chung nguồn gốc. Các chủng còn lại thuộc 5 mắt xích của khâu có mối tương quan nguồn gốc yếu. 9 chủng *S. agona* thuộc 3 khâu đầu tiên của chuỗi sản xuất có kiểu gen khác hoàn toàn so với các kiểu khác và không được xếp loại vào các nhóm.

14 chủng *S. hadar* phân lập tại 5 khâu của chuỗi sản xuất được xếp vào 4 nhóm, từ nhóm 23 đến nhóm 26. Trong đó, có 1 chủng duy nhất phân lập được tại trại gà nông hộ có kiểu gen khác hoàn toàn so với kiểu gen khác và không được xếp loại. Các chủng vi khuẩn thuộc serotype này không có mối liên quan nguồn gốc giữa các khâu.

35 chủng *S. derby* phân lập được xếp vào 5 nhóm khác nhau, từ nhóm 27 đến nhóm 32. Không tìm thấy mối liên quan giữa các chủng vi khuẩn phân lập tại trại gà bố mẹ và cơ sở ấp trứng. Tuy nhiên, một số chủng phân lập được tại 3 khâu cuối của chuỗi sản xuất có chung nguồn gốc với nhau. 8 chủng vi khuẩn thuộc 4 khâu cuối của chuỗi có kiểu gen khác biệt không được xếp vào các nhóm.

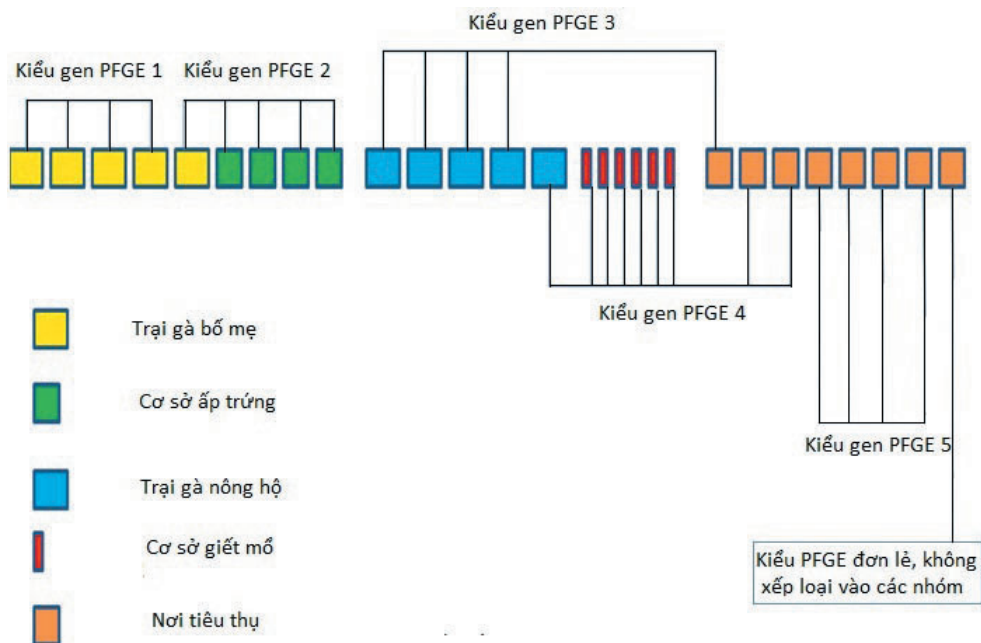
12 chủng *S. shalkwijk* phân lập được tại trại gà bố mẹ, trại gà nông hộ, lò mổ và nơi tiêu thụ thuộc 4 nhóm khác nhau, từ nhóm 32 đến nhóm 35. Trong đó, chỉ có các chủng tại cơ sở giết mổ và nơi tiêu thụ có mối tương quan yếu về dịch tễ. 4 chủng thuộc trại gà giống và trại gà nông hộ có kiểu gen không được xếp loại vào nhóm nào.

19 chủng vi khuẩn còn lại thuộc 2 serotype khác nhau là *S. saint paul* và *S. anatum* thuộc 5 kiểu gen khác nhau, từ nhóm 36 tới nhóm 41. Không tìm thấy mối liên quan dịch tễ giữa các chủng này.

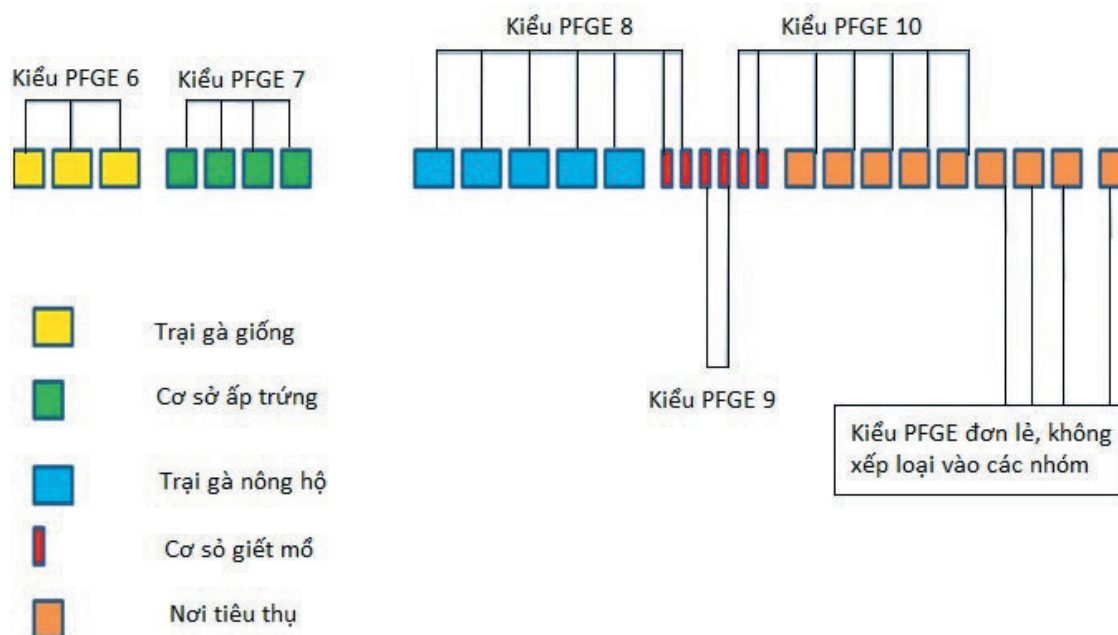
Bảng 4. Phân loại kiểu gen của toàn bộ 250 chủng vi khuẩn *Salmonella* đã được thực hiện kỹ thuật PFGE

Kiểu PFGE	Số chủng (%)	Mức độ liên quan	Ghi chú
1	4 (1,6%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.typhimurium</i> , trại gà bố mẹ
2	5 (2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm. Có liên quan gần với nhóm 1 (khác nhau 3 băng)	<i>S.typhimurium</i> , 4 cơ sở ấp trứng, 1 trại gà bố mẹ
3	5 (2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm, hoặc chỉ khác nhau 1 băng	<i>S.typhimurium</i> , 4 trại gà nông hộ, 1 điểm tiêu thụ
4	9 (3,6%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm. Có liên quan gần đến nhóm 3	<i>S.typhimurium</i> , 6 cơ sở giết mổ, 2 điểm tiêu thụ, 1 trại gà nông hộ
5	4 (1,6%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm. Chỉ khác nhau 2 băng so với kiểu 4	<i>S.typhimurium</i> , điểm tiêu thụ
6	3 (1,2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.enteritidis</i> , trại gà giống bố mẹ
7	4 (1,6%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm, có liên quan gần đến nhóm 6	<i>S.enteritidis</i> , cơ sở ấp trứng
8	7 (2,8%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm, có liên quan gần nhóm 6	<i>S.enteritidis</i> , 5 trại gà nông hộ, 2 cơ sở giết mổ
9	2 (0,8%)	Giống nhau hoàn toàn, hoặc chỉ khác nhau 1 băng trong nhóm. Có liên quan gần với nhóm 8 (khác nhau 3 băng)	<i>S.enteritidis</i> , cơ sở giết mổ
10	7 (2,8%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm, hoặc chỉ khác nhau 1 băng, có mối liên quan gần đến nhóm 8	<i>S.enteritidis</i> , 5 nơi tiêu thụ, 2 cơ sở giết mổ
11	3 (1,2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.pullorum gallinarum</i> , trại gà nông hộ
12	3 (1,2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm, có liên quan gần với nhóm 11	<i>S.pullorum gallinarum</i> , cơ sở giết mổ
13	10 (4%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.albany</i> , 7 trại gà bố mẹ, 3 cơ sở ấp trứng
14	3 (1,2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.albany</i> , cơ sở ấp trứng
15	14 (5,6%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm, có liên quan gần với nhóm 13	<i>S.albany</i> , 11 trại gà nông hộ, 2 cơ sở giết mổ, 1 nơi tiêu thụ
16	7 (2,8%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.albany</i> , 5 cơ sở giết mổ, 2 nơi tiêu thụ
17	2 (0,8%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.albany</i> , nơi tiêu thụ
18	11 (4,4%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm, có liên quan gần với nhóm 20	<i>S.agona</i> , trại gà bố mẹ
19	5 (2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.agona</i> , cơ sở ấp trứng
20	6 (2,4%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.agona</i> , trại gà nông hộ
21	8 (2,4%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.agona</i> , 6 cơ sở giết mổ, 2 nơi tiêu thụ
22	4 (1,6%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm, có liên quan gần với nhóm 20	<i>S.agona</i> , nơi tiêu thụ
23	5 (2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.hadar</i> , trại gà bố mẹ

24	4 (1,6%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.hadar</i> , cơ sở ấp trứng
25	3 (1,2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.hadar</i> , cơ sở giết mổ
26	2 (0,8%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.hadar</i> , nơi tiêu thụ
27	8 (3,2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>D.derby</i> , trại gà bố mẹ
28	8 (3,2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm, có liên quan gần với nhóm 27	<i>D.derby</i> , cơ sở ấp trứng
29	6 (2,4%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>D.derby</i> , 3 trại gà nông hộ, 2 cơ sở giết mổ, 1 nơi tiêu thụ
30	6 (2,4%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>D.derby</i> , cơ sở giết mổ
31	7 (3,2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>D.derby</i> , nơi tiêu thụ
32	2 (0,8%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.shalkwijk</i> , trại gà bố mẹ
33	3 (1,2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.shalkwijk</i> , trại gà nông hộ
34	5 (2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm, có liên quan gần với nhóm 33	<i>S.shalkwijk</i> , cơ sở giết mổ
35	2 (0,8%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm, có liên quan gần với nhóm 34	<i>S.shalkwijk</i> , nơi tiêu thụ
36	1 (0,4%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.saint paul</i> , trại gà bố mẹ
37	5 (2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.saint paul</i> , cơ sở ấp trứng
38	4 (1,6%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.saint paul</i> , trại gà nông hộ
39	4 (1,6%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.saint paul</i> , nơi tiêu thụ
40	3 (1,2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.anatum</i> , cơ sở ấp trứng
41	3 (1,2%)	Giống nhau hoàn toàn trong nhóm	<i>S.anatum</i> , cơ sở giết mổ
Không xếp loại	43 (17,2%)	Khác nhau hoàn toàn trong nhóm, có thể có liên quan với các nhóm khác	



Sơ đồ 1. Mối liên quan về kiểu gen PFGE của các chủng vi khuẩn *Salmonella typhimurium* phân lập theo chuỗi sản xuất



Sơ đồ 2. Mối liên quan về kiểu gen PFGE của các chủng vi khuẩn *Salmonella enteritidis* phân lập được theo chuỗi sản xuất thịt gà

IV. KẾT LUẬN

Trong 100/250 chủng vi khuẩn *Salmonella* phân lập được tại các khâu của chuỗi sản xuất thịt gà cho thấy 100% các chủng *Salmonella* mang gen Sip B. Có 98% chủng vi khuẩn *Salmonella* mang gen Inv A, trong đó 100% chủng thuộc 2 serotype (*S. typhimurium* và *S. enteritidis*) cũng mang gen Inv A, chỉ 2 chủng thuộc serotype *S. albania* là không mang loại gen này.

250 chủng vi khuẩn *Salmonella* chọn ra từ các chủng vi khuẩn *Salmonella* được xác định thêm kiểu gen, đã phân loại thành 41 kiểu, trong đó 14/250 chủng (5,6%) thuộc kiểu gen 15 (cao nhất) và 1/250 chủng (0,4%) thuộc kiểu 36 (thấp nhất), 43/250 chủng (17,2%) là hoàn toàn khác với các kiểu gen đã được xếp.

Mối quan hệ của các chủng *Salmonella* phân lập được trong các công đoạn của quá trình sản xuất thịt gà qua phân tích gen chứng tỏ *Salmonella* có mặt trong các công đoạn đã có cùng một nguồn gốc.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Dương Thị Toan và cộng sự (2010). “Khảo sát tình trạng ô nhiễm một số vi khuẩn chỉ điểm vệ sinh an toàn thực phẩm trong thịt lợn, thịt trâu, bò tại một số cơ sở giết mổ trên địa bàn tỉnh Bắc Giang”, *Tạp chí Khoa học và phát triển*. 8 (3), tr 466-471.
2. Đỗ Ngọc Thúy, Cù Hữu Phú, Koichi Takeshi, Văn Thị Hường, Lê Thị Minh Hằng, Nguyễn Xuân Huyền, Âu Xuân Tuấn, Trần Việt Dũng Kiên, Nguyễn Thị Thu Hằng, Phạm Bảo Ngọc, Đào Thị Hào, Vũ Ngọc Quý, Eiki Yamashaki, Sou-Ichi Makino, 2009. Tỷ lệ và một số đặc tính của vi khuẩn *Salmonella* spp phân lập từ thịt tươi bán trên thị trường Hà Nội. *Tạp chí Khoa học kỹ thuật Thú y* 16, 6. 25-32.
3. Lưu Quỳnh Hương, Trần Thị Hạnh, Fries Reinhard, Pawin Padungtod, 2006. Kết quả định typ các chủng *Salmonella* phân lập từ thịt gà trên địa bàn Hà Nội. *Tạp chí Khoa học kỹ thuật Thú y* 13. 1. 50-53.

4. Nguyễn Viết Không, Phạm Thị Ngọc, Đinh Xuân Tùng, Lapar Ma Lucila, Fred Unger, Nguyễn Việt Hùng, Phạm Đức Phúc, Phạm Thị Nga, Gilbert Jeffrey và các cộng sự. Ô nhiễm *Salmonella* ở các điểm giết mổ gia cầm qui mô nhỏ tại các huyện ngoại thành Hà Nội. *Tạp chí Khoa học công nghệ Nông nghiệp và PTNT*. Kỳ 2-12/2012; Tr.60 -66
5. Trần Thị Hạnh, Lưu Quỳnh Hương, Trương Thị Quý Dương, Phạm Thị Ngọc, Nguyễn Tiến Thành, Ngô Chung Thủy, Trương Thị Hương Giang, 2011. Kết quả nghiên cứu tỷ lệ nhiễm *Salmonella* ở gà thịt giết mổ theo 2 hình thức công nghiệp và thủ công. *Tạp chí Khoa học kỹ thuật Thú y*, 9 (2): pp. 25 -30
6. Bailey, J. S., N. A. Cox, S. E. Craven, and D. E. Cosby, 2002. Serotype tracking of *Salmonella* through integrated broiler chicken operations. *J. Food Prot.* 65 (5):742-745
7. Carli KT, Eyigor A, Caner V. Prevalence of *Salmonella* serovars in chickens in Turkey. *J Food Prot.*2001;64 (11):1832–1835.
8. Chadfield M, Skov M, Christensen J, *et al.* An epidemiological study of *Salmonella enterica* serovar 4, 12:b:- in broiler chickens in Denmark. *Vet Microbiol.* 2001;82(3):233–247.
9. Centers for Disease Control and Prevention (CDC) (2006a). Human Salmonellosis associated with animal-derived pet treats - United States and Canada, 2005. *WR Morb Mortal Wkly Rep.* 2006 Jun 30;55(25):702-5.
10. G. Moy J. Rocourt, K. Vierk and J. Schlundt (2003). The present state of foodborne disease in OECD countries, *World Health Organization*, 43.
11. Goutam K. Adak *et al.* (2005). “Disease risks from foods, England and Wales, 1996-2000”, *Emerging Infectious Diseases*. 11(3), p. 365-372.
12. Havelaar AH, Brul S, de Jonge A, de Jonge R, Zwietering MH, and ter Kuile BH (2010). Future challenges to microbial food safety. *International Journal of Food Microbiology* 139:S79-S94.
13. Luu QH, Fries R, Padungtod P, Tran TH, Kyule MN, Baumann MP, Zessin KH (2006a). Prevalence of *Salmonella* in retail chicken meat in Hanoi, Vietnam. *Ann NY Acad Sci.* 2006, Oct;1081, 257-61.
14. Rose N, Beaudeau F, Drouin P, *et al.* Risk factors for *Salmonella enterica* subsp enterica contamination in French broiler chicken flocks at the end of the rearing period. *Prev Vet Med.* 1999;39(4):265–277.
15. Teunis P. F. M. *et al.* (2010). Dose–response modeling of *Salmonella* using outbreak data, *International Journal of Food Microbiology*. 144, p.243–249.
16. Uyttendaele M. *et al.* (2009). Comparing the effect of various contamination levels for *Salmonella* in chicken meat preparation on the probability of illness in Belgium. *Journal of food protection.* 72(10), p. 2093-2015.
17. WHO and FAO (2002). Risk assessments of *Salmonella* in eggs and broiler chickens. *Microbiological Risk Assessment Series 2, World Health Organization, Geneva.*

Nhận ngày 18-4-2016

Phản biện ngày 12-5-2016