

RICKETTSIA FELIS TRÊN BỌ CHẾT CTENOCEPHALIDES FELIS KÝ SINH TRÊN CHÓ TẠI MỘT SỐ TỈNH VIỆT NAM

Nguyễn Ngọc Đình¹, Nguyễn Thị Vân Anh¹, Hoàng Thị Minh Trang²

TÓM TẮT

Rickettsia là vi khuẩn gram âm, thuộc lớp Alphaproteobacteria. Trong các loài thuộc giống *Rickettsia*, vi khuẩn *Rickettsia felis* thuộc nhóm Spotted fever group (SFG). Cho đến nay chưa có nhiều nghiên cứu xác định sự lưu hành của vi khuẩn này trên bọ chét ký sinh ở chó. Kết quả xác định hình thái 337 bọ chét thu được từ 32 con chó ở 6 tỉnh/thành phố của Việt Nam cho thấy loài bọ chét *Ct. orientis* chiếm ưu thế với tỷ lệ 66,4%; thấp hơn là loài *Ct. felis* (30,6%) và *Ct. canis* (3,0%). Trong tổng số 32 mẫu gộp của bọ chét *Ct. felis* được xét nghiệm bằng phương PCR đặc hiệu cho *Rickettsia* nhóm SFG, có 22 (68,8%) mẫu dương tính. Phản ứng nested-PCR đặc hiệu cho loài *R. felis* cho thấy 53,1% mẫu bọ chét *Ct. felis* mang vi khuẩn *R. felis*. Với sự hiện diện của *R. felis* trong bọ chét ký sinh ở chó, người nuôi cần ý thức tự bảo vệ khỏi việc nhiễm *R. felis*.

Từ khóa: Chó, bọ chét, *Rickettsia*.

The presence of *Rickettsia felis* in *Ctenocephalides felis* fleas parasited in dogs in some provinces of Viet Nam

Nguyen Ngoc Dinh, Nguyen Thi Van Anh, Hoang Thi Minh Trang

SUMMARY

Rickettsia is a gram-negative bacterium belonging to Alphaproteobacteria class. Among *Rickettsia* species, *Rickettsia felis* is classified into the Spotted fever group (SFG). Until now few studies have been conducted to identify the circulation of this bacterium in fleas parasited in dogs. Morphological identification of 337 fleas collected from 32 dogs in 6 provinces and cities of Viet Nam showed that flea species *Ct. orientis* predominated with a proportion of 66.4%, followed by *Ct. felis* (30.6%) and *Ct. canis* (3.0%). In a total of 32 pooled *Ct. felis* samples were tested by specific PCR method to identify *Rickettsia* SFG group, of which, there were 22 (68.8%) positive samples. The result of specific nested-PCR assay to identify *R. felis* indicated that there were 53.1% of *Ct. felis* flea samples carried bacteria (*R. felis*). With the presence of *R. felis* in fleas in dogs, the dog owners should be aware of self-protection from *R. felis* infection.

Keywords: Dogs, fleas, *Rickettsia*.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Rickettsia là vi khuẩn gram âm, thuộc ngành Proteobacteria, lớp Alphaproteobacteria. *Rickettsia* ký sinh nội bào bắt buộc, gồm 27 loài trong đó có khoảng 17 loài gây bệnh cho người và động vật (Fang *et al.*, 2017; Troyo *et al.*, 2018). Vi khuẩn *Rickettsia* được chia thành hai nhóm chính: nhóm spotted fever group (SFG) truyền lây qua ve và bọ chét, nhóm typhus group (TG) truyền lây qua côn trùng (Troyo *et al.*, 2018).

Trong các loài thuộc giống *Rickettsia*, vi khuẩn *Rickettsia felis* thuộc nhóm SFG. Trong tự nhiên, loài vi khuẩn này duy trì vòng đời giữa động vật có vú và động vật chân đốt (Mediannikov *et al.*, 2013; Parola *et al.*, 2013). Chó là động vật mang trùng của vi khuẩn *R. felis* do khi gây nhiễm *R. felis* trong phòng thí nghiệm, chó không biểu hiện triệu chứng của bệnh, không có sự thay đổi về chỉ tiêu huyết học (Ng-*Nguyen et al.*, 2020). Ng-*Nguyen et al.* (2020) cũng cho biết *R. felis* có thể được truyền dọc qua nhiều thế hệ bọ chét; bọ chét có thể

¹ Khoa Chăn nuôi Thú y, Trường Đại học Tây Nguyên

² Khoa Y, Trường Đại học Buôn Ma Thuột

truyền *R. felis* cho chó và ngược lại bộ chét cũng có thể nhiễm *R. felis* từ chó. Như vậy bộ chét vừa là vector truyền bệnh vừa là vật mang trùng.

Ở động vật chân đốt, *R. felis* được tìm thấy trên bộ chét *Ctenocephalides canis*, đặc biệt phổ biến ở bộ chét *Ctenocephalides felis*. DNA của *R. felis* được tìm thấy trong mẫu máu của chó tại Thái Lan (Mongkol *et al.*, 2018), Campuchia (Inpankaew *et al.*, 2016) và Australia (Hii *et al.*, 2011) mặc dù chó không có triệu chứng của bệnh. Mongkol *et al.* (2018) cho biết ngoài việc phát hiện DNA của *R. felis* trong máu chó, DNA của loài vi khuẩn này cũng được tìm thấy ở người tại Brisban (Australia), Bangkok (Thái Lan). Williams *et al.* (2011) báo cáo trường hợp 2 người trưởng thành và 3 trẻ em sống tại bang Victoria (Australia) nhiễm *R. felis* do bộ chét *Ct. felis* ký sinh trên mèo cắn. Xét nghiệm PCR và kháng thể cho thấy cả bộ chét và mèo đều nhiễm *R. felis*. Từ những phát hiện trên cho thấy *R. felis* có thể được truyền từ bộ chét *Ct. felis* qua chó hoặc người hay ngược lại từ chó qua bộ chét.

Nước ta thuộc khu vực nhiệt đới, nơi phân bố của nhiều loài bộ chét; tuy nhiên báo cáo về sự lưu hành của vi khuẩn *R. felis* trên bộ chét *Ct. felis* ký sinh ở chó còn rất hạn chế. Đứng trước vấn đề này, chúng tôi tiến hành thu thập mẫu bộ chét ký sinh trên chó ở một số tỉnh ở Việt Nam nhằm bước đầu xác định sự hiện diện của loài vi khuẩn này trên bộ chét *Ct. felis*.

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

2.1. Nội dung nghiên cứu

Xác định thành phần loài bộ chét thu được từ chó

Xác định sự hiện diện của *R. felis* trên bộ chét *Ct. felis*.

2.2. Nguyên liệu

Bộ chét trưởng thành thu được trên chó được

nuôi ở các tỉnh Nghệ An, Thái Bình, Yên Bái, Quảng Nam, Đắk Lắk và thành phố Hồ Chí Minh.

Bộ kit tách chiết DNA bộ chét: Isolate II Genomic DNA (Bioline).

Các hóa chất sử dụng cho phản ứng PCR và điện di sản phẩm PCR.

2.3. Phương pháp nghiên cứu

2.3.1. Thu thập bộ chét

Bộ chét thu được từ chó nuôi tại các tỉnh Nghệ An, Thái Bình, Yên Bái, Quảng Nam, Đắk Lắk và thành phố Hồ Chí Minh. Ở mỗi tỉnh/thành, bộ chét được thu từ 2 – 10 chó, bằng cách dùng lược mau chải đều trên lông chó. Tất cả bộ chét thu được trên cùng 1 chó được lưu thành 1 mẫu và bảo quản trong cồn 70% cho đến khi phân tích.

2.3.2. Định danh loài bộ chét

Bộ chét được định danh dựa vào đặc điểm hình thái học của phần trán và đốt ống chân sau theo mô tả của Hii *et al.* (2015).

2.3.3. Tách chiết DNA

Khoảng 5-10 bộ chét thuộc loài *Ct. felis* trên cùng một chó được gộp chung và tách chiết DNA bằng bộ kit Isolate II Genomic DNA (Bioline). Trước khi thực hiện quy trình tách chiết, mẫu bộ chét được nghiền trong 200 µl dung dịch Lysis G3, vortex và ủ ở chế độ rung 1000 vòng/phút trong 30 phút. Sau đó thêm vào 210 µl cồn tuyệt đối. Hỗn dịch mẫu thu được sử dụng cho việc tách chiết DNA theo hướng dẫn của nhà sản xuất.

2.3.4. PCR đặc hiệu cho *Rickettsia* nhóm SFG

Phản ứng PCR được thực hiện theo mô tả của Hii *et al.* (2015). Phản ứng PCR đặc hiệu cho các vi khuẩn *Rickettsia* thuộc nhóm SFG, khuếch đại đoạn gen có độ dài 300 bp (base pairs) thuộc vùng gen *ompB* bằng cặp mồi xuôi 5'-CGACGTTAACGGTTTCTCATTCT-3' và mồi ngược 5'-ACCGGTTTCTTTGTAGTTTTCGTC-3'.

2.3.5. Nested-PCR đặc hiệu cho loài *R. felis*

Phản ứng nested-PCR đặc hiệu cho loài *R. felis* được sử dụng để kiểm tra những mẫu đã dương tính với *Rickettsia* thuộc nhóm SFG. Phản ứng nested-PCR gồm 2 vòng PCR nhằm khuếch đại đoạn gen thuộc vùng gen *gltA*. Vòng một sử dụng cặp primers *gltA-F1* 5'-GCAAG-TATTGGTGAGGATGTAATC-3' và *gltA-R1* 5'-CTGCGGCACGTGGGTC ATAG-3'; sản phẩm PCR của vòng 1 tiếp tục được sử dụng cho phản ứng PCR vòng 2 với cặp primers *gltA-F2* 5'-GCGACATCGAGGATATGACAT-3' và *gltA-R2* 5'-GGAATATTCTCAGAACTACCG-3' tăng sinh đoạn gen với độ dài 654 bp. Điều kiện và thành phần của phản ứng nested-PCR theo mô tả của Hii *et al.* (2011).

2.3.6. Giải trình tự gen khẳng định loài *R. felis*

Sản phẩm PCR thu được từ phản ứng PCR

đặc hiệu cho *Rickettsia* nhóm SFG và nested-PCR được giải trình tự gen nhằm xác định loài *R. felis* tại công ty Macrogen (Hàn Quốc). Trình tự gen được đối chiếu với trình tự gen công bố trong Ngân hàng Gen bằng chương trình Blast (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>).

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Nghiên cứu đã tiến hành thu thập mẫu bọ chét trong tổng số 32 chó ở 6 tỉnh/thành trên toàn quốc. Các mẫu bọ chét này được xác định thành phần loài dưới kính hiển vi và tiến hành xét nghiệm PCR để xác định sự hiện diện của *R. felis* trên bọ chét *Ct. felis*.

3.1. Thành phần loài bọ chét trên chó

Kết quả định danh thành phần loài bọ chét ký sinh trên chó dựa vào hình thái ở 6 tỉnh/thành được trình bày ở bảng 1.

Bảng 1. Kết quả định danh loài các mẫu bọ chét thu được trên chó ở 6 tỉnh/thành

Tỉnh/thành phố	Số chó thu bọ chét	Tổng số bọ chét	Số lượng (tỷ lệ %) loài bọ chét		
			<i>Ct. felis</i>	<i>Ct. orientis</i>	<i>Ct. canis</i>
Nghệ An	5	55	17 (30,9)	34 (61,8)	4 (7,3)
Thái Bình	5	60	30 (50,0)	27 (45,0)	3 (5,0)
Yên Bái	5	40	13 (32,5)	25 (62,5)	2 (5,0)
Quảng Nam	5	52	13 (25,0)	39 (75,0)	0 (0,0)
Đắk Lắk	10	100	22 (22,0)	78 (78,0)	0 (0,0)
Hồ Chí Minh	2	30	8 (26,7)	21 (70,0)	1 (3,3)
Tổng	32	337	103 (30,6)	224 (66,4)	10 (3,0)

Trong tổng số 337 mẫu bọ chét thu được ở 6 tỉnh/thành trên toàn quốc, loài bọ chét *Ctenocephalides orientis* chiếm đa số với tỷ lệ 66,4%; tiếp theo là loài *Ct. felis* (30,6%) và loài *Ct. canis* (3,0%) (bảng 1). Nghiên cứu của Suntsov *et al.* (1992) cho biết có sự hiện diện của 2 loài *Ct. felis* và *Ct. orientis* tại tỉnh Đắk Lắk; loài *Ct. orientis* lưu hành phổ biến và chiếm ưu thế ở Việt Nam. Kết quả nghiên cứu của chúng tôi phù hợp với nghiên cứu này, loài *Ct. felis* chiếm tỷ lệ cao nhất (66,4%). Ở 1 nghiên cứu khác, trong 20 mẫu bọ chét thu được từ chó tại

Hà Nội và thành phố Hồ Chí Minh có 11 mẫu là loài *Ct. felis*, còn lại là loài *Ct. canis* (Nguyen *et al.*, 2020). Tại Đắk Lắk trong 100 mẫu bọ chét chỉ có sự hiện diện của 2 loài *Ct. felis* và *Ct. orientis*, không thấy sự hiện diện của loài *Ct. canis*. Tuy nhiên cần có nghiên cứu với dung lượng mẫu lớn hơn để khẳng định kết quả này.

Phoosangwalthong *et al.* (2018) cho biết loài *Ct. felis* chiếm ưu thế tại Thái Lan với 100% trong tổng số 234 bọ chét thu được. Tương tự tại Ethiopia, loài *Ct. felis* cũng chiếm ưu thế với

tỷ lệ khoảng 95% (Kumsa *et al.*, 2019). Ngược lại tại các nước Lào, Malaysia, loài *Ct. orientis* chiếm ưu thế hơn so với loài khác với tỷ lệ dao động từ 73% đến 86% (Kernif *et al.*, 2012). Sự khác biệt về thành phần loài bọ chét giữa các địa điểm có thể do sự tác động của môi trường. Nhiệt độ trung bình năm càng cao thì loài *Ct. felis* càng phổ biến nhưng loài *Ct. canis* càng giảm về số lượng (Gracia *et al.*, 2008).

3.2. Sự hiện diện của *R. felis*

Trong tổng cộng 32 chó được thu bọ chét, 100% chó đều có loài bọ chét *Ct. felis* ký sinh. 5 đến 10 bọ chét *Ct. felis* từ mỗi chó được gộp thành một mẫu; tạo thành tổng 32 mẫu. Những mẫu này tiếp tục được tách DNA và chạy PCR nhằm xác định sự hiện diện của các vi khuẩn *Rickettsia* thuộc nhóm SFG. Kết quả được trình bày ở bảng 2.

Bảng 2. Kết quả PCR xác định vi khuẩn *Rickettsia* nhóm SFG ở bọ chét *Ct. felis*

Tỉnh/thành phố	Mẫu có bọ chét <i>Ct. felis</i>	PCR xác định <i>Rickettsia</i> nhóm SFG	
		Bọ chét dương tính (+)	Bọ chét âm tính (-)
Nghệ An	5	3 (60,0)	2 (40,0)
Thái Bình	5	5 (100)	0 (0,0)
Yên Bái	5	5 (100)	0 (0,0)
Quảng Nam	5	2 (40,0)	3 (60,0)
Đắk Lắk	10	6 (60,0)	4 (40,0)
Hồ Chí Minh	2	1 (50,0)	1 (50,0)
Tổng	32	22 (68,8%)	10 (31,2%)

Kết quả PCR cho thấy trong tổng số 32 mẫu bọ chét (mẫu gộp) có 22 mẫu dương tính với vi khuẩn *Rickettsia* nhóm SFG; chiếm tỷ lệ 68,8%. Tỷ lệ nhiễm *Rickettsia* trong mẫu bọ chét thu tại 6 tỉnh thành cũng rất cao, dao động từ 40% đến 60%. Theo Paris *et al.* (2008), *Rickettsia* thuộc nhóm SFG gồm có 19 loài khác nhau. Trong đó có loài *R. felis* có khả năng gây bệnh cho người.

Trong tổng cộng 22 mẫu dương tính với *Rickettsia* nhóm SFG, sản phẩm PCR từ 5 mẫu được chọn ngẫu nhiên để giải trình tự. Kết quả so sánh trình tự trên Ngân hàng Gen cho thấy các mẫu đều có độ tương đồng từ 96-100% trình tự gen của loài vi khuẩn *R. felis* (GQ385243, AF210695, GQ385243, CP000053, MK923736).

22 mẫu bọ chét dương tính với PCR đặc hiệu cho *Rickettsia* thuộc nhóm SFG tiếp tục được xét nghiệm bằng nested-PCR (phản ứng PCR đặc hiệu cho vi khuẩn *R. felis*) nhằm xác định

loài *R. felis*. Kết quả xét nghiệm được thể hiện qua bảng 3.

Bảng 3 cho thấy tỷ lệ bọ chét *Ct. felis* nhiễm *R. felis* là 53,1%. Tại các tỉnh/thành, tỷ lệ này dao động từ 40% đến 60%. Qua nghiên cứu cho thấy tỷ lệ nhiễm *R. felis* ở bọ chét *Ct. felis* rất cao. Tuy nhiên, cần tiến hành nghiên cứu với số lượng lớn hơn và đại diện hơn để khẳng định kết quả này. Có 5/22 mẫu âm tính với phản ứng nested-PCR, điều này chứng tỏ 5 mẫu này nhiễm một trong 19 loài *Rickettsia* thuộc nhóm SFG, ngoại trừ *R. felis* đã xác định bằng phản ứng nested-PCR. Kết quả giải trình tự sản phẩm từ phản ứng nested-PCR cho thấy các mẫu đều tương đồng từ 97% đến 100% với trình tự gen của vi khuẩn *R. felis* (KP749467, JN375498, JN375498). Vi khuẩn *R. felis* là loài tìm thấy trong mẫu máu của người và/hoặc chó tại Ấn Độ (Hii *et al.*, 2015a), Thái Lan (Mongkol *et al.*, 2018; Phoosangwalthong *et al.*, 2018b), Australia (Hii *et al.*, 2011; Teoh *et*

al., 2016). Bộ chét có thể truyền *R. felis* sang người hay chó, bộ chét cũng là vật mang *R. felis*; do đó người có nguy cơ cao nhiễm *R. felis*. Với

sự hiện diện của *R. felis* trong bộ chét ký sinh ở chó, người nuôi cần có ý thức tự bảo vệ khỏi việc nhiễm *R. felis*.

Bảng 3. Kết quả nested-PCR xác định loài *R. felis*

Tỉnh/thành phố	Tổng mẫu	Mẫu dương tính với <i>Rickettsia</i> nhóm SFG	Nested-PCR dương tính với loài <i>R. felis</i>
Nghệ An	5	3	3 (60,0)
Thái Bình	5	5	2 (40,0)
Yên Bái	5	5	3 (60,0)
Quảng Nam	5	2	2 (40,0)
Đắk Lắk	10	6	6 (60,0)
Hồ Chí Minh	2	1	1 (50,0)
Tổng	32	22	17 (53,1)

IV. KẾT LUẬN

Bộ chét *Ct. orientis* chiếm ưu thế trong các mẫu bộ chét thu được tại 6 tỉnh/thành trên toàn quốc.

Có sự lưu hành của vi khuẩn *R. felis* trên bộ chét *Ct. felis* thu được trên chó tại 6 tỉnh/thành nghiên cứu.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Fang, R., Blanton, L.S., Walker, D.H., 2017. *Rickettsia* as emerging infectious agents. *Clin. Lab. Med.* 37, 383–400. <https://doi.org/10.1016/j.cll.2017.01.009>
- Gracia, M.J., Calvete, C., Estrada, R., Castillo, J.A., Peribáñez, M.A., Lucientes, J., 2008. Fleas parasitizing domestic dogs in Spain. *Vet. Parasitol.* 151, 312–319. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2007.10.006>
- Hii, S.-F., Kopp, S.R., Thompson, M.F., O’Leary, C. a, Rees, R.L., Traub, R.J., 2011. Molecular evidence of *Rickettsia felis* infection in dogs from Northern Territory, Australia. *Parasit. Vectors* 4, 198. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-4-198>
- Hii, S.F., Lawrence, A.L., Cuttall, L., Tynas, R., Abd Rani, P.A.M., Šlapeta, J., Traub, R.J., 2015a. Evidence for a specific host-endosymbiont relationship between *Rickettsia* sp. genotype RF2125 and *Ctenocephalides felis orientis* infesting dogs in India. *Parasites and Vectors* 8, 1–9. <https://doi.org/10.1186/s13071-015-0781-x>
- Inpankaew, T., Hii, S.F., Chimnoi, W., Traub, R.J., 2016. Canine vector-borne pathogens in semi-domesticated dogs residing in northern Cambodia. *Parasit. Vectors* 9, 253. <https://doi.org/10.1186/s13071-016-1552-z>
- Kernif, T., Socolovschi, C., Wells, K., Lakim, M.B., Inthalad, S., Slesak, G., Boudebouch, N., Beaucournu, J.-C., Newton, P.N., Raoult, D., Parola, P., 2012. Bartonella and *Rickettsia* in arthropods from the Lao PDR and from Borneo, Malaysia. *Comp. Immunol. Microbiol. Infect. Dis.* 35, 51–57. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2011.10.003>
- Kumsa, B., Abiy, Y., Abunna, F., 2019. Ectoparasites infesting dogs and cats in Bishoftu, central Oromia, Ethiopia. *Vet. Parasitol. Reg. Stud. reports* 15, 100263. <https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2019.100263>
- Mediannikov, O., Socolovschi, C., Edouard, S., Fenollar, F., Mouffok, N., Bassene, H., Diatta, G., Tall, A., Niangaly, H., Doumbo, O., Lekana-Douki, J.B., Znazen, A., Sarih,

- M., Ratmanov, P., Richet, H., Ndiath, M.O., Sokhna, C., Parola, P., Raoult, D., 2013. Common epidemiology of *Rickettsia felis* infection and malaria, Africa. *Emerg. Infect. Dis.* 19, 1775–1783. <https://doi.org/10.3201/eid1911.130361>
9. Mongkol, N., Suputtamongkol, Y., Taweethavonsawat, P., Foongladda, S., 2018. Molecular evidence of *Rickettsia* in human and dog blood in Bangkok. *Vector borne zoonotic Dis.* 18, 297–302. <https://doi.org/10.1089/vbz.2017.2180>
10. Ng-Nguyen, D., Hii, S., Hoang, M.T., Ngu, V.T., 2020. Domestic dogs are mammalian reservoirs for the emerging zoonosis flea-borne spotted fever, caused by *Rickettsia felis*. *Sci. Rep.* 10, 1–10. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-61122-y>
11. Nguyen, V.-L., Colella, V., Greco, G., Fang, F., Nurcahyo, W., Hadi, U.K., Venturina, V., Tong, K.B.Y., Tsai, Y.-L., Taweethavonsawat, P., 2020. Molecular detection of pathogens in ticks and fleas collected from companion dogs and cats in East and Southeast Asia. *bioRxiv*.
12. Paris, D.H., Blacksell, S.D., Stenos, J., Graves, S.R., Unsworth, N.B., Phetsouvanh, R., Newton, P.N., Day, N.P.J., 2008. Real-time multiplex PCR assay for detection and differentiation of *Rickettsiae* and orientiae. *Trans. R. Soc. Trop. Med. Hyg.* 102, 186–193. <https://doi.org/10.1016/j.trstmh.2007.11.001>
13. Parola, P., Paddock, C.D., Socolovschi, C., Labruna, M.B., Mediannikov, O., Kernif, T., Abdad, M.Y., Stenos, J., Bitam, I., Fournier, P.-E., Raoult, D., 2013. Update on Tick-Borne Rickettsioses around the World: a Geographic Approach. *Clin. Microbiol. Rev.* 26, 657–702. <https://doi.org/10.1128/CMR.00032-13>
14. Phoosangwalthong, P., Hii, S.F., Kamyinkird, K., Kengradomkij, C., Pinyopanuwat, N., Chimnoi, W., Traub, R.J., Inpankaew, T., 2018a. Cats as potential mammalian reservoirs for *Rickettsia* sp. genotype RF2125 in Bangkok, Thailand. *Vet. Parasitol. Reg. Stud. reports* 13, 188–192. <https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2018.07.001>
15. Phoosangwalthong, P., Hii, S.F., Kamyinkird, K., Kengradomkij, C., Pinyopanuwat, N., Chimnoi, W., Traub, R.J., Inpankaew, T., 2018b. Cats as potential mammalian reservoirs for *Rickettsia* sp. genotype RF2125 in Bangkok, Thailand. *Vet. Parasitol. Reg. Stud. reports* 13, 188–192. <https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2018.07.001>
16. Suntsov, V. V, Huong, L.T., Suntsova, N.I., 1992. Notes on fleas (Siphonaptera) in plague foci on the Tay Nguyen plateau (Vietnam). *Parazitologiya* 26, 516–520.
17. Teoh, Y.T., Hii, S.F., Graves, S., Rees, R., Stenos, J., Traub, R.J., 2016. Evidence of exposure to *Rickettsia felis* in Australian patients. *One Health.* 2, 95–98. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2016.06.001>
18. Troyo, A., Jose, S., Rica, C., 2018. A review of the genus *Rickettsia* in Central America. *Res. Rep. Trop. Med.* 9, 103–112.
19. Williams, M., Izzard, L., Graves, S.R., Stenos, J., Kelly, J.J., 2011. First probable Australian cases of human infection with *Rickettsia felis* (cat-flea typhus). *Med. J. Aust.* 194, 41–43.

Ngày nhận 3-3-2021

Ngày phản biện 25-3-2021

Ngày đăng 1-6-2021