

DOI:10.22144/ctu.jvn.2020.148

## KHẢO SÁT GENE MÃ HÓA ĐỘC LỰC VÀ QUAN HỆ DI TRUYỀN CỦA VI KHUẨN *Salmonella* WELTEVREDEN VÀ *Salmonella* TYPHIMURIUM PHÂN LẬP TRÊN HEO, MÔI TRƯỜNG VÀ ĐỘNG VẬT HOANG DÃ TẠI TỈNH VĨNH LONG

Lý Thị Liên Khai\*, Nguyễn Khánh Thuận, Nguyễn Đăng Khoa và Lâm Ngọc Điệp

Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ

\*Người chịu trách nhiệm về bài viết: Lý Thị Liên Khai (email: ltlkhai@ctu.edu.vn)

### Thông tin chung:

Ngày nhận bài: 02/07/2020

Ngày nhận bài sửa: 12/08/2020

Ngày duyệt đăng: 28/12/2020

### Title:

The prevalence of pathogenic genes and genetic relationship of *Salmonella* Weltevreden and *Salmonella* Typhimurium isolated from pigs, environment, and wild animals in Vinh Long province

### Từ khóa:

Heo, gene độc lực, quan hệ di truyền, *S. Typhimurium*, *S. Weltevreden*, Vĩnh Long

### Keywords:

Genetic relationship, *S. Typhimurium*, *S. Weltevreden*, swine, Vinh Long, virulent genes

### ABSTRACT

The study was conducted the presence of virulent genes and genetic relationship of *S. Weltevreden* and *S. Typhimurium* in pigs, husbandry environment, and wild animals in Vinh Long province. The PCR assay was used for determining the prevalence of pathogenic genes in 22 *S. Weltevreden* isolates and 19 *S. Typhimurium* isolates. The results of PCR showed the presence of 6/6 virulent genes surveyed from the two strains, in which gene *sopB* occupied the highest proportion in both *S. Weltevreden* (81.82%) and *S. Typhimurium* (94.74%). The ERIC-PCR method was done to clarify the genetic relationship of *S. Weltevreden* and *S. Typhimurium*, it indicated that *S. Weltevreden* and *S. Typhimurium* isolates showed a relatively close genetic relationship. *S. Weltevreden* strains showed high phenotype diversity (21 phenotypes) and cross-infection through feces, waste water, cockroaches and especially from lizards which were considered as concerned hosts. *S. Typhimurium* strains also showed phenotype diversity (17 phenotypes) and cross-contamination through feces, insects such as flies and ants.

### TÓM TẮT

Nghiên cứu nhằm khảo sát sự hiện diện của gene độc lực và quan hệ di truyền của hai chủng *S. Weltevreden* và *S. Typhimurium* phân lập trên heo, môi trường và động vật hoang dã tại tỉnh Vĩnh Long. Kỹ thuật PCR được sử dụng để xác định sự hiện diện của các gene độc lực trên 22 chủng *S. Weltevreden* và 19 chủng *S. Typhimurium*. Kết quả cho thấy có sự hiện diện 6/6 gene độc lực được khảo sát trên hai chủng vi khuẩn này, trong đó gene *sopB* chiếm tỷ lệ cao nhất ở cả *S. Weltevreden* (81,82%) và *S. Typhimurium* (94,74%). Ứng dụng phương pháp ERIC-PCR trong nghiên cứu này để xác định mối quan hệ di truyền của các chủng *S. Weltevreden* và *S. Typhimurium* cho thấy các chủng phân lập được có mối quan hệ di truyền tương đồng khá cao. Các chủng *S. Weltevreden* đa dạng với 21 kiểu hình và có khả năng lây nhiễm qua phân, nước thải, gián và đặc biệt từ thằn lằn là loài động vật trung gian đáng quan tâm. *S. Typhimurium* cũng có sự đa dạng về kiểu hình di truyền (17 kiểu hình) và có thể nhiễm qua phân, côn trùng như ruồi, kiến.

Trích dẫn: Lý Thị Liên Khai, Nguyễn Khánh Thuận, Nguyễn Đăng Khoa và Lâm Ngọc Điệp, 2020. Khảo sát gene mã hóa độc lực và quan hệ di truyền của vi khuẩn *Salmonella* weltevreden và *Salmonella* Typhimurium phân lập trên heo, môi trường và động vật hoang dã tại tỉnh Vĩnh Long. Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ. 56(6B): 104-111.

## 1 GIỚI THIỆU

*Salmonella* là một trong những tác nhân chính gây bệnh trên người và động vật (Boyen *et al.*, 2008). Trong số các chủng *Salmonella*, *Salmonella enterica* serovar Weltevreden (*S. Weltevreden*) là một trong những chủng gây bệnh cho người thường xuất hiện ở khu vực Đông Nam Á và Tây Thái Bình Dương (Antony *et al.*, 2009). Bên cạnh đó, *Salmonella enterica* serovar Typhimurium (*S. Typhimurium*) là một mầm bệnh phổ biến gây bệnh ở động vật và người trên toàn thế giới (Neto *et al.*, 2010). Hai chủng *Salmonella* này cũng được ghi nhận tìm thấy với tỷ lệ khá cao trên heo, môi trường và động vật hoang dã tại các trại, hộ chăn nuôi (Trương Anh Thy, 2018; Huỳnh Thị Thúy An, 2018). Khả năng gây bệnh của các chủng *Salmonella* có liên quan đến nhiều gene hiện diện trên các đảo độc lực của *Salmonella* (SPI: *Salmonella* pathogenic island) (Nayak *et al.*, 2004). Các gene *sopE1*, *sseC* và *sopB* được tìm thấy trên SPI cho phép *Salmonella* có thể xâm nhập vào tế bào biểu mô (Amavisit *et al.*, 2003). Trong khi gene *agfA* nằm trên vùng mã hóa fimbrial giúp *Salmonella* bám dính vào mô ruột (Humphries *et al.*, 2001). Trên prophage, gene *sodCI* có vai trò trong việc bảo vệ vi khuẩn khỏi đại thực bào của vật chủ (Ammendola *et al.*, 2005). Ngoài ra, gene *spvC* (plasmid) có liên quan đến độc lực, đồng thời cần thiết cho sự sống và sinh trưởng của vi khuẩn trong tế bào (Swamy *et al.*, 1996). Nghiên cứu về quan hệ di truyền giữa các chủng vi khuẩn *Salmonella* góp phần hỗ trợ trong việc phòng ngừa, điều trị đồng thời có thể truy tìm nguồn gốc mầm bệnh (Ranjbar *et al.*, 2013). Phương pháp ERIC-PCR cho thấy độ chính xác tương đương phương pháp PFGE (Pulsed field gel electrophoresis) nhưng đơn giản và ít tốn kém khi sử dụng để phân tích quan hệ di truyền của vi khuẩn *Salmonella* (Hulton *et al.*, 1991; Millemann *et al.*, 1996; Weigelet *et al.*, 2004).

Tỉnh Vĩnh Long là nơi có quy mô đàn heo lớn ở khu vực Đồng bằng sông Cửu Long, nhưng vẫn chưa có nhiều nghiên cứu về gene độc lực gây bệnh và đặc điểm di truyền của vi khuẩn *Salmonella* lưu hành tại đây. Do đó, nghiên cứu này được thực hiện

nhằm xác định sự lưu hành của các gene độc lực và ứng dụng kỹ thuật ERIC-PCR để xác định mối quan hệ di truyền của các chủng *S. Weltevreden* và *S. Typhimurium* với mục đích cung cấp thông tin hữu ích trong bảo vệ sức khỏe cộng đồng tại khu vực nghiên cứu.

## 2 VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1 Vật liệu nghiên cứu

Từ tháng 4 đến tháng 10 năm 2019, tổng số 41 chủng *Salmonella* bao gồm 22 chủng *S. Weltevreden* và 19 chủng *S. Typhimurium* đã được phân lập trên heo, môi trường (nền chuồng, thức ăn, nước uống, nước thải) và động vật hoang dã (kiến, gián, ruồi, thằn lằn, rắn mối, chuột) tại các trại và hộ chăn nuôi thuộc huyện Trà Ôn và Tam Bình, tỉnh Vĩnh Long.

Các chủng này được phân lập và bảo quản tại phòng Thí nghiệm Thú Y chuyên ngành 2, Bộ môn Thú Y, Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ.

### 2.2 Phương pháp nghiên cứu

#### 2.2.1 Phương pháp xác định các gene mã hóa độc lực của vi khuẩn *Salmonella*

DNA khuôn mẫu của vi khuẩn *S. Typhimurium* và *S. Weltevreden* được tách chiết bằng phương pháp sốc nhiệt của Soumet *et al.* (1994). Hỗn hợp cho một phản ứng PCR (Polymerase chain reaction) (25,0  $\mu$ L) bao gồm Master Mix 2X (12,5  $\mu$ L); đoạn mồi xuôi và mồi ngược với nồng độ 10  $\mu$ M (0,5  $\mu$ L/đoạn); nước cất tinh khiết (9,5  $\mu$ L) và DNA khuôn mẫu (2,0  $\mu$ L).

Hỗn hợp PCR được tiến hành phản ứng theo chu trình nhiệt sau: tiền biến tính (95°C, 30 giây); 35 chu kỳ: biến tính (95°C, 30 giây), gắn mồi (58°C, 30 giây), kéo dài (72°C, 60 giây); kết thúc (72°C, 10 phút).

Sản phẩm PCR được điện di trên thạch gel 1,5% agarose được nhuộm Safeview trong dung môi (TAE 1X) ở hiệu điện thế 50V trong vòng 60 phút; đọc kết quả bằng cách quan sát và chụp ảnh gel dưới ánh sáng UV.

**Bảng 1: Trình tự nucleotide của các cặp mồi sử dụng trong phản ứng PCR**

Vùng mã hóa	Gene	Trình tự primer (5'-3')	Độ dài (bp)	Tài liệu tham khảo
SPI-1	<i>sopE1</i>	CGGGCAGTGTGACAAATAAAG TGTTGGAATTGCTGTGGAGTC	422	Huehn <i>et al.</i> (2010)
SPI-2	<i>sseC</i>	TATGGTAGGTGCAGGGGAAG CTCATTCCGCATAGCCATTT	121	Fazl <i>et al.</i> (2013)
SPI-5	<i>sopB</i>	GATGTGATTAATGAAGAAATGCC GCAAACCATAAAAACACTACTCA	1.170	Khoo <i>et al.</i> (2009)
Prophage	<i>sodC1</i>	CCAGTGGAGCAGGTTTATCG GGTGCCTCATCAGTTGTTTC	424	Huehn <i>et al.</i> (2010)
Fimbrial operon	<i>agfA</i>	TCCGGCCCGGACTCAACG CAGCGCGGCGTTATTACCG	261	Craciunas <i>et al.</i> (2012)
Plasmid	<i>spvC</i>	ACTCCTTGCACAACCAATGCGGA TGTCTTCTGCATTTGCCACCATCA	570	Capuano <i>et al.</i> (2013)

SPI: *Salmonella* Pathogenic Island

2.2.2 Phương pháp xác định mối quan hệ di truyền của các chủng *S. Weltevreden* và *S. Typhimurium*

Phương pháp ERIC-PCR (Enterobacterial repetitive intergenic consensus polymerase chain reaction) được sử dụng để xác định mối quan hệ di truyền của các chủng *S. Weltevreden* và *S. Typhimurium* phân lập được trên heo, môi trường và động vật hoang dã. Thành phần hỗn hợp của mỗi phản ứng ERIC-PCR (25,0 µL) tương tự như phản ứng PCR xác định gene mã hoá độc lực; chu trình

nhật và trình tự đoạn mồi của phản ứng dựa trên khuyến cáo của Sahilah *et al.* (2000) được thể hiện qua Bảng 2.

Sản phẩm ERIC-PCR được điện di tương tự như quá trình phân tích sản phẩm khảo sát các gene gây bệnh. Kết quả hình ảnh điện di được sử dụng để thiết lập sơ đồ phả hệ bằng phương pháp phân tích sự giống nhau UPGMA (Unweighted pair group method with arithmetic average) (Sokal and Michener, 1958).

**Bảng 2: Trình tự nucleotide và chu trình nhiệt của cặp mồi sử dụng trong phản ứng ERIC-PCR (Sahilah *et al.*, 2000)**

Tên đoạn mồi	Trình tự	Chu trình nhiệt (°C)		
		Biến tính	Bắt cặp	Kéo dài
ERIC-F	AAGTAAGTGA CTGGGGTGAGCG	94 (45)	52 (60)	65 (60)
ERIC-R	CACTTAGGGGTCCTCGAATGTA			

( ): thời gian phản ứng (giây), F: primer forward (mồi xuôi), R: primer reverse (mồi ngược)

**2.3 Phương pháp xử lý số liệu**

Số liệu thô được xử lý bằng phần mềm Microsoft Excel 2013 và được phân tích thống kê bằng phương pháp Chi bình phương, Fisher’s exact test với độ tin cậy 95% trên phần mềm Minitab 16. Mối quan hệ di truyền và sơ đồ phả hệ được thiết lập bằng phần mềm Biomumerics 7.5.

**3 KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN**

**3.1 Kết quả phân tích các gene mã hóa độc lực gây bệnh của các chủng vi khuẩn *S. Weltevreden* và *S. Typhimurium* trên heo, môi trường và động vật hoang dã tại tỉnh Vĩnh Long**

Kết quả kiểm tra sự hiện diện các gene mã hóa độc lực của hai chủng *S. Weltevreden* và *S.*

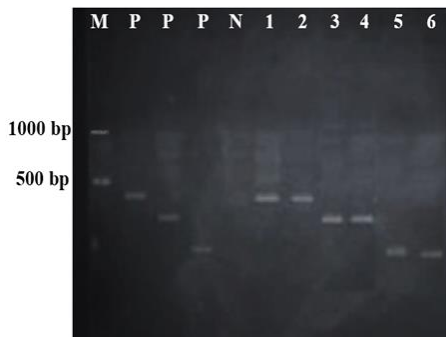
*Typhimurium* trên heo, môi trường và động vật hoang dã tại tỉnh Vĩnh Long cho thấy, có sự hiện diện của tất cả 6 gene độc lực với tỷ lệ khác nhau và sự khác biệt này là rất có ý nghĩa thống kê (P<0,01) (Bảng 3; Hình 1, 2). Trong đó, gene *sopB* và *agfA* chiếm tỷ lệ cao nhất ở cả hai chủng khảo sát với tỷ lệ lần lượt là 81,82%; 77,27% ở chủng *S. Weltevreden*, và 94,74 %; 89,47% đối với chủng *S. Typhimurium*. Kết quả này khá tương đồng với nghiên cứu trước đó của Hur *et al.* (2011) về sự hiện diện của gene *sopB* trên chủng *S. Typhimurium* chiếm tỷ lệ khoảng 90,00%. Điều này có thể là do đây là hai loại gene phổ biến, có vai trò quan trọng trong quá trình xâm nhập và gây bệnh của cả hai chủng vi khuẩn. Tuy nhiên, gene *sopE1* chiếm tỷ lệ

thấp nhất (4,55%) trên các chủng *S. Weltevreden*, và gene *sseC* chiếm tỷ lệ thấp nhất (15,79%) trên *S. Typhimurium*. Trong nghiên cứu của Corrente *et al.* (2006), gene *sopE1* được nhận định là gene thường xuất hiện ở các chủng *S. Paratyphi B* gây bệnh. Theo kết quả nghiên cứu này, có sự xuất hiện của gene

*sopE1* ở các chủng *S. Weltevreden* và *S. Typhimurium* và sự hiện diện của các gene độc lực khác cho thấy sự đa dạng và khả năng gây bệnh của các chủng *Salmonella* phân lập được trên heo và môi trường tại tỉnh Vĩnh Long.

**Bảng 3: Tỷ lệ hiện diện các gene gây bệnh của các chủng *S. Weltevreden* và *S. Typhimurium* trên heo, môi trường và động vật hoang dã**

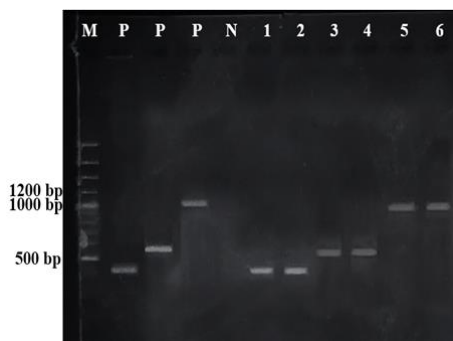
Gene	<i>S. Weltevreden</i>			<i>S. Typhimurium</i>		
	Số mẫu kiểm tra	Số mẫu dương tính	Tỷ lệ (%)	Số mẫu kiểm tra	Số mẫu dương tính	Tỷ lệ (%)
<i>sopE1</i>	22	1	4,55	19	4	21,05
<i>sseC</i>	22	6	27,27	19	3	15,79
<i>sopB</i>	22	18	81,82	19	18	94,74
<i>sodC1</i>	22	4	18,18	19	6	31,58
<i>agfA</i>	22	17	77,27	19	17	89,47
<i>spvC</i>	22	2	9,09	19	5	26,32
			<i>P=0,00</i>			<i>P=0,00</i>



**Hình 1: Kết quả điện di sản phẩm PCR của gene *sodC1* (424 bp), *agfA* (261 bp) và *sseC* (121 bp)**

*M*: DNA marker (100bp); *P*: đối chứng dương; *N* đối chứng âm; giếng 1 (*S.W*), 2 (*S.T*): (+) *sodC1*; giếng 3 (*S.W*), 4 (*S.T*): (+) *agfA*; 5 (*S.W*), 6 (*S.T*): (+) *sseC*.

*S.W*: *S. Weltevreden*; *S.T*: *S. Typhimurium*



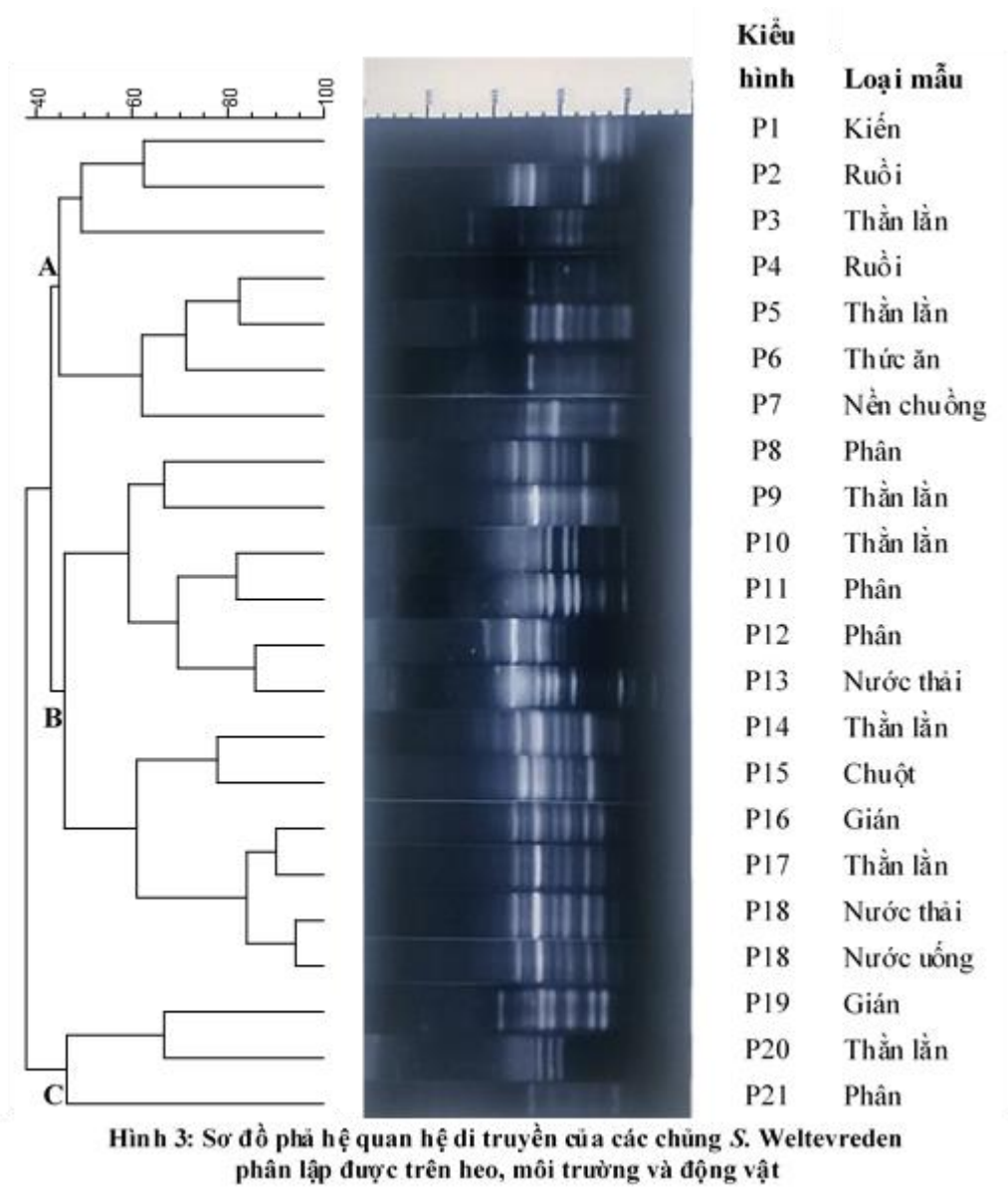
**Hình 2: Kết quả điện di sản phẩm PCR của gene *sopE1*(422 bp), *spvC* (570 bp) và *sopB* (1170 bp)**

*M*: DNA marker (100bp); *P*: đối chứng dương; *N* đối chứng âm; giếng 1 (*S.W*), 2 (*S.T*): (+) *sopE1*; giếng 3 (*S.W*), 4 (*S.T*): (+) *spvC*; 5 (*S.W*), 6 (*S.T*): (+) *sopB*.

*S.W*: *S. Weltevreden*; *S.T*: *S. Typhimurium*

**3.2 Kết quả xác định mối quan hệ di truyền của các chủng *S. Weltevreden* và *S. Typhimurium* trên heo, môi trường và động vật hoang dã tại tỉnh Vĩnh Long**

Từ kết quả phân tích, chủng *S. Weltevreden* được chia làm 3 phân nhóm là A, B và C. Trong mỗi phân nhóm có sự đa dạng về kiểu hình, cao nhất là nhóm B với 11 kiểu hình, nhóm A là 7 kiểu hình và cuối cùng là nhóm C với 3 kiểu hình (Hình 3). Ngoài ra, kết quả cho thấy thằn lằn là loài có kiểu hình đa dạng nhất (7/21 kiểu hình) hiện diện trên cả 3 nhóm và có sự liên hệ di truyền với các loại mẫu khác như heo (phân), ruồi và gián với tỷ lệ khá cao (>80%). Điều này có thể do thằn lằn tiếp xúc với mầm bệnh thông qua phân hoặc các loài động vật, sau đó mang mầm bệnh và lây lan đến những địa điểm môi trường và các loài động vật hoang dã khác trong trại chăn nuôi heo. Vì vậy khi kiểm tra mối quan hệ di truyền giữa các chủng phân lập được từ heo, môi trường và động vật hoang dã bằng ERIC-PCR đã cho kết quả có sự tương đồng. Mức độ tương đồng tìm thấy cao nhất (95%) ở kiểu hình P18 (nước uống và nước thải) trong nhóm B; kiểu hình P17 (thằn lằn), P16 (gián) mức độ tương đồng cao (90%); kiểu hình P12 (phân), P13 (nước thải) có mức độ tương đồng (86%); P10 (thằn lằn), P11 (phân) có mức tương đồng khá cao (82%). Tương tự, kiểu hình P4 (ruồi) và P5 (thằn lằn) trong phân nhóm A cũng cho mức độ tương đồng cao (83%). Qua đó, phân, môi trường như nước thải và động vật hoang dã như gián, ruồi và đặc biệt là thằn lằn là loài động vật trung gian mang mầm bệnh quan trọng. Các chủng *S. Weltevreden* phân lập được có sự đa dạng di truyền và có khả năng vấy nhiễm chéo trong môi trường chăn nuôi heo tại Vĩnh Long.

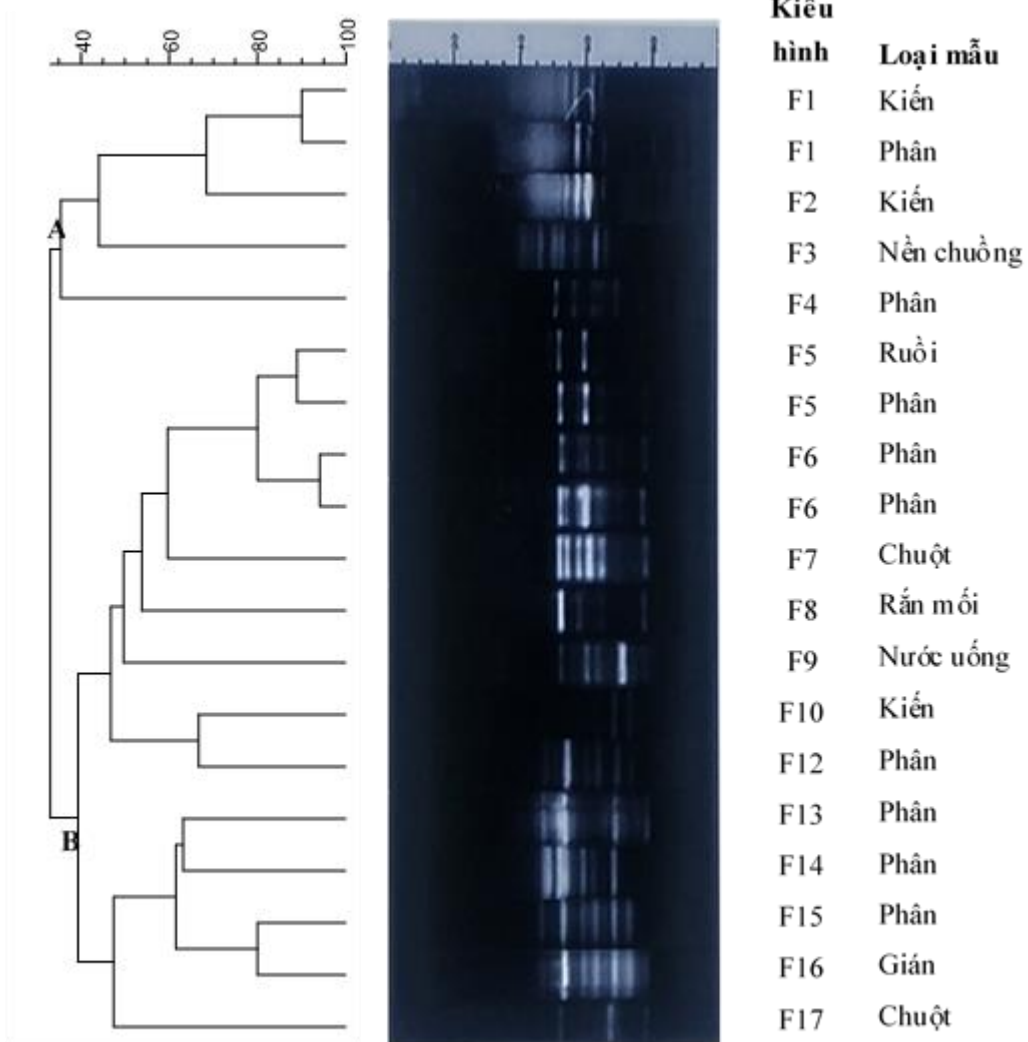


**Hình 3: Sơ đồ phả hệ quan hệ di truyền của các chủng *S. Weltevreden* phân lập được trên heo, môi trường và động vật**

Các chủng *S. Typhimurium* được chia thành 2 phân nhóm A và B. Trong mỗi phân nhóm, các chủng vi khuẩn phân lập được có mối tương đồng từ 38-90% (Hình 4). Mức độ tương đồng cao (>90%) thuộc về kiểu hình F1 (kiến và phân) trong phân nhóm A; tương tự, kiểu hình F5 (ruồi và phân) và F6 (phân) trong nhóm B. Điều này cho thấy, chủng *S. Typhimurium* trên heo và môi trường và động vật hoang dã tại tỉnh Vĩnh Long có mức độ lây lan mầm bệnh rất cao từ phân heo trong trại và lây sang các loài côn trùng xung quanh trại như ruồi, kiến, cũng như khả năng lây nhiễm từ côn trùng sang các loài gia súc. Zhou *et al.* (2018) kiểm tra sự giống nhau

của các chủng *S. Typhimurium* phân lập được trên thân thịt, dụng cụ, môi trường và nước rửa thân thịt heo và tìm thấy sự tương đồng của chúng từ 50-100%. Almeida *et al.* (2016) cũng xác định mối quan hệ di truyền của các chủng *S. Typhimurium* từ heo (thân thịt, phân, mẫu swab), con người và môi trường; kết quả tìm thấy độ tương đồng của các chủng này lên đến 60,3-100%. Từ kết quả khảo sát này cho thấy chủng *S. Typhimurium* phân lập được có sự đa dạng di truyền, có thể lan truyền mầm bệnh qua phân, côn trùng như ruồi, kiến và có khả năng vấy nhiễm chéo mầm bệnh trong môi trường chăn nuôi.





Hình 4: Sơ đồ phân hệ quan hệ di truyền của các chủng *S. Typhimurium* phân lập được trên heo, môi trường và động vật

#### 4 KẾT LUẬN

Nghiên cứu cho thấy các chủng *S. Weltevreden* và *S. Typhimurium* phân lập được trên heo, môi trường và động vật hoang dã tại tỉnh Vĩnh Long đều mang 6/6 gene mã hóa độc lực, đây là các yếu tố xâm nhập và gây bệnh cho heo cũng như trên người, trong đó *sopB* chiếm tỷ lệ cao nhất ở cả *S. Weltevreden* (81,82%) và *S. Typhimurium* (94,74%). Đồng thời, các chủng *S. Weltevreden* và *S. Typhimurium* phân lập được có sự đa dạng di truyền và có khả năng bị vấy nhiễm chéo trong môi trường chăn nuôi qua phân, nước thải, thẩn lẩn và côn trùng (gián, kiến, ruồi). Do đó, việc kiểm soát và tiêu độc sát trùng là rất cần thiết tại các trại, hộ chăn nuôi nhằm hạn chế sự phát tán, lây lan mầm

bệnh trong đàn vật nuôi và môi trường sống của con người.

#### 5 LỜI CẢM ƠN

Đề tài này được tài trợ bởi Dự án nâng cấp Trường Đại học Cần Thơ VN14-P6 bằng nguồn vốn vay ODA từ Chính phủ Nhật Bản.

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

Almeida, F., Medeiros, M.I.C., Kich, J.D., and Falcão, J.P., 2016. Virulence-associated genes, antimicrobial resistance and molecular typing of *Salmonella* Typhimurium strains isolated from swine from 2000 to 2012 in Brazil. *Journal of Applied Microbiology*. 120(6): 1677-1690. DOI: 10.1111/jam.13110

- Amavisit, P., Lightfoot, D., Browning, G. F., and Markham, P. F., 2003. Variation between pathogenic serovars within *Salmonella* pathogenicity islands. *Journal of Bacteriology*. 185(12): 3624-3635. doi: 10.1128/JB.185.12.3624-3635.2003
- Ammendola, S., Ajello, M., Pasquali, P., *et al.*, 2005. Differential contribution of sodC1 and sodC2 to intracellular survival and pathogenicity of *Salmonella* enterica serovar Choleraesuis. *Microbes and Infection*. 7(4): 698-707. <https://doi.org/10.1016/j.micinf.2005.01.005>
- Antony, B., Dias, M., Shetty, A. K., and Rekha, B., 2009. Food poisoning due to *Salmonella* enterica serotype Weltevreden in Mangalore. *Indian Journal of Medical Microbiology*. 27(3): 257-258. DOI: 10.4103/0255-0857.53211
- Boyen, F., Haesebrouck, F., Maes, D., Immerseel, F.V., Ducatelle, R., and Pasmans, F., 2008. Non-typhoidal *Salmonella* infections in pigs: A closer look at epidemiology, pathogenesis and control. *Veterinary Microbiology*. 130(1-2): 1-9. doi: 10.1016/j.vetmic.2007.12.017.
- Capuano, F., Mancusi, A., Capparelli, R., Esposito, S., and Proroga, Y.T.R., 2013. Characterization of drug resistance and virulotypes of *Salmonella* strains isolated from food and humans. *Foodborne Pathogens and Disease*. 10(11): 963-968. DOI: 10.1089/fpd.2013.1511
- Corrente, M., Totaro, M., Martella, V. *et al.*, 2006. Reptile associated salmonellosis in man, Italy. *Emerging Infectious Diseases Journal*. 12(2): 358-359. <https://dx.doi.org/10.3201/eid1202.050692>.
- Craciunas, C., Keul, A.L., Flonta, M., and Cristea, M., 2012. DNA-based diagnostic tests for *Salmonella* strains targeting *hila*, *agfA*, *spvC* and *sef* genes. *Journal of Environmental Management*. 95 Supplement: 15-18. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2010.07.027>
- Fazl, A. A., Salehi, T. Z., Jamshidian, M., Amini, K., and Jangjou, A. H., 2013. Molecular detection of *invA*, *ssaP*, *sseC* and *pipB* genes in *Salmonella* Typhimurium isolated from human and poultry in Iran. *African Journal of Microbiology Research*. 7(13): 1104-1108. <https://doi.org/10.5897/AJMR12.1576>
- Huehn, S., La Ragione, R. M., Anjum, M. *et al.*, 2010. Virulotyping and antimicrobial resistance typing of *Salmonella enterica* serovars relevant to human health in Europe. *Foodborne Pathogens and Disease*. 7(5): 523-535. DOI: 10.1089/fpd.2009.0447
- Hulton, C.S., Higgins, C.F., and Sharp, P.M., 1991. ERIC sequences: a novel family of repetitive elements in the genomes of *Escherichia coli*, *Salmonella* Typhimurium and other Enterobacteria. *Molecular Microbiology*. 5(4): 825-834. doi: 10.1111/j.1365-2958.1991.tb00755.x.
- Humphries, A.D., Townsend, S.M., Kingsley, R.A., Nicholson, T.L., Tsolis, R.M., and Bäuml, A. J., 2001. Role of fimbriae as antigens and intestinal colonization factors of *Salmonella* serovars. *FEMS Microbiology Letters*. 201(2): 121-125. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2001.tb10744.x>
- Hur, J., Choi, Y.Y., Park, J.H. *et al.*, 2011. Antimicrobial resistance, virulence-associated genes, and pulsed-field gel electrophoresis profiles of *Salmonella enterica* subsp. enterica serovar Typhimurium isolated from piglets with diarrhea in Korea. *Canadian Journal of Veterinary Research*. 75(1): 49-56. PMID: PMC3003562
- Huỳnh Thị Thúy An, 2018. Khảo sát sự lưu hành của vi khuẩn *Salmonella* Weltevreden và *Salmonella* Typhimurium trên heo và môi trường tại một số cơ sở chăn nuôi thuộc tỉnh Vĩnh Long. Thạc sĩ. Trường Đại học Cần Thơ. Thành phố Cần Thơ, Việt Nam.
- Khoo, C.H., Cheah, Y.K., Lee, L.H. *et al.*, 2009. Virulotyping of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* isolated from indigenous vegetables and poultry meat in Malaysia using multiplex-PCR. *Antonie van Leeuwenhoek*. 96(4): 441-457. doi: 10.1007/s10482-009-9358-z.
- Millemann, Y., Lesage-Descauses, M.C., Lafont, J.P., and Chaslus-Dancla, E., 1996. Comparison of random amplified polymorphic DNA analysis and enterobacterial repetitive intergenic consensus-PCR for epidemiological studies of *Salmonella*. *FEMS Immunology and Medical Microbiology*. 14(2-3): 129-134. doi: 10.1111/j.1574-695X.1996.tb00279.x.
- Nayak, R., Stewart, T., Wang, R. F., Lin, J., Cerniglia, C. E., and Kenney, P. B., 2004. Genetic diversity and virulence gene determinants of antibiotic-resistance *Salmonella* isolated from preharvest turkey production sources. *International Journal of Food Microbiology*. 91(1): 51-62. doi: 10.1016/S0168-1605(03)00330-1.
- Neto, O.C. de F., Filho, R.A.C.P., Barrow, P., and Junior, A.B., 2010. Sources of human non-typhoid salmonellosis: a review. *Brazilian Journal of Poultry Science*. 12(1):1-11. <https://doi.org/10.1590/S1516-635X2010000100001>
- Ranjbar, R., Naghoni, A., Yousefi, S., Ahmadi, A., Jonaidi, N., and Panahi, Y., 2013. The study of genetic relationship among third generation cephalosporin-resistant *Salmonella enterica* strains

- by ERIC-PCR. The Open Microbiology Journal. 7: 142-145. doi: 10.2174/1874285801307010142. eCollection 2013.
- Sahilah, A.M., Son, R., Rusul, G. *et al.*, 2000. Molecular typing of *Salmonella* Weltevreden and *Salmonella* chincol by pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) and enterobacterial repetitive intergenic consensus-polymerase chain reaction (ERIC-PCR). World Journal of Microbiology and Biotechnology. 16(7): 621-624. <https://doi.org/10.1023/A:1008967914499>
- Sokal, R.R., Michener, C.D., Sokal R. *et al.*, 1958. A statistical method for evaluating systematic relationships. The University of Kansas Science Bulletin. 38(22): 1409-1438.
- Soumet, C., Ermel, G., Fach, P., and Colin, P., 1994. Evaluation of different DNA extraction procedures for the detection of *Salmonella* from chicken products by polymerase chain reaction. Letters in Applied Microbiology. 19(5): 294-298. doi: 10.1111/j.1472-765x.1994.tb00458.x.
- Swamy, S.C., Barnhart, H.M., Lee, M.D., and Dreesen, D.W., 1996. Virulence determinants *invA* and *spvC* in salmonellae isolated from poultry products, wastewater, and human sources. Applied and Environment Microbiology. 62(10): 3768-3771. <https://doi.org/10.1128/AEM.62.10.3768-3771.1996>
- Trương Anh Thy, 2018. Khảo sát sự lưu hành và tính đề kháng kháng sinh của vi khuẩn *Salmonella* Weltevreden và *Salmonella* Typhimurium trên heo và môi trường tại một số trại heo tỉnh Hậu Giang. Thạc sĩ. Trường Đại học Cần Thơ. Thành phố Cần Thơ, Việt Nam.
- Weigel, R.M., Qiao, B., Teferedegne, B. *et al.*, 2004. Comparison of pulsed field gel electrophoresis and repetitive sequence polymerase chain reaction as genotyping methods for detection of genetic diversity and inferring transmission of *Salmonella*. Veterinary microbiology. 100(3-4): 205-217. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2004.02.009>
- Zhou, Z., Jin, X., Zheng, H. *et al.*, 2018. The prevalence and load of *Salmonella*, and key risk points of *Salmonella* contamination in a swine slaughterhouse in Jiangsu province, China. Food Control. 87: 153-160. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2017.12.026>