

nguyên nhân ĐQN, bệnh nhân nhồi máu não có tỷ lệ đạt mức độc lập là 83,5% so với 64,29% ở nhóm xuất huyết não, với OR = 2,81 (KTC 95%: 1,13–6,86, p = 0,01). Điều này cho thấy bệnh nhân nhồi máu não có khả năng đạt kết quả điều trị tốt cao hơn so với bệnh nhân xuất huyết não. Kết quả này giống với một số nghiên cứu đã công bố, cho thấy bệnh nhân nhồi máu não thường có mức tổn thương ít nghiêm trọng hơn, từ đó khả năng phục hồi độc lập cao hơn.

V. KẾT LUẬN

Phương pháp điện châm kết hợp vận động trị liệu đã giúp cải thiện đáng kể chức năng vận động. Điểm Barthel trung bình tăng từ 36,21 lên 64,35 cùng với sự gia tăng số ca đạt mức độc lập 70 bệnh nhân và 77,93% cải thiện hồi phục chức năng.

Các yếu tố như giới tính, độ tuổi, mức độ độc lập ban đầu, thời gian bắt đầu điều trị và nguyên nhân đột quỵ có ảnh hưởng đáng kể đến kết quả phục hồi và tầm quan trọng của việc can thiệp kịp thời trong quá trình phục hồi.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Lê Minh Hoàng và cộng sự (2023), "Đánh giá

2. Lê Minh Hoàng (2024), "Đánh giá kết quả phục hồi chức năng vận động bằng bài thuốc Bô dương hoàn ngũ thang kết hợp điện châm, xoa bóp bấm huyệt, cấy chỉ trên bệnh nhân sau nhồi máu não thể khí suy huyết ứ tại Thành phố Cần Thơ", Tạp chí y dược học Cần Thơ, 72, tr: 68-74.
3. Lê Đức Lợi (2021), "Đánh giá kết quả phục hồi chức năng vận động chi trên bệnh nhân sau đột quỵ não bằng thang điểm ARAT", Clinical medicine and pharmacy, 70, tr: 84-91.
4. Phạm Nguyễn Bảo Ngọc (2016), "Hiệu quả phục hồi vận động và thời gian hồi phục ở bệnh nhân đột quỵ tại bệnh viện Y học Cổ truyền Cần Thơ", Tạp chí y học thành phố Hồ Chí Minh, 20(6), tr: 167-172.
5. Trần Thanh Phong (2021), "Nghiên cứu tình hình suy giảm vận động theo thang điểm Barthel và đánh giá kết quả phục hồi chức năng vận động ở bệnh nhân sau đột quỵ não tại Bệnh viện Đa khoa Trung tâm An Giang năm 2020-2021", Tạp chí y dược học Cần Thơ, 43, tr: 160-164.
6. Lâm Quang Vinh (2024), "Đánh giá hiệu quả phục hồi vận động sau đột quỵ não bằng phương pháp điện châm kết hợp vận động trị liệu tại Bệnh viện Đa khoa Thành phố Cần Thơ năm 2023", Tạp chí y dược học Cần Thơ, 76, tr: 92-98.

XÁC ĐỊNH TỶ LỆ SINH ESBL, AMPC CỦA ESCHERICHIA COLI, KLEBSIELLA PNEUMONIAE VÀ PSEUDOMONAS AERUGINOSA TẠI BỆNH VIỆN ĐA KHOA TỈNH TRÀ VINH, 2022-2023

Nguyễn Thị Kiều Tiên¹, Vũ Lê Ngọc Lan¹, Cao Hữu Nghĩa¹

TÓM TẮT

Đặt vấn đề: Nhiễm khuẩn do các vi khuẩn trực khuẩn Gram âm như *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* và *Pseudomonas aeruginosa* ngày càng gia tăng trên toàn cầu và sự xuất hiện các chủng sinh men β -lactamase phổ rộng (ESBL) và AmpC β -lactamase (AmpC) là một trong những nguyên nhân thách thức trong điều trị. **Mục tiêu:** Xác định tỷ lệ sinh ESBL và AmpC của *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* và *Pseudomonas aeruginosa* tại Bệnh viện Đa khoa tỉnh Trà Vinh từ tháng 12/2022 đến 7/2023. **Đối tượng và phương pháp nghiên cứu:** Thiết kế nghiên cứu cắt ngang mô tả, 198 vi khuẩn phân lập được đưa vào nghiên cứu phân tích khả năng sinh ESBL, AmpC. Chủng vi khuẩn được định danh, xác định kiểu hình ESBL và thực hiện kháng sinh đồ

bằng hệ thống máy Vitek 2; xác định kiểu hình sinh AmpC bằng phương pháp khuếch tán trên thạch MHA với các loại đĩa giấy kháng sinh: Cefoxitine 30mcg, Ceftazidime 30mcg. Đối với các chủng vi khuẩn có kiểu hình sinh ESBL, nhóm nghiên cứu thực hiện PCR và điện di xác định các gene mã hóa ESBL. **Kết quả:** Tỷ lệ *E. coli* sinh men ESBL 54,8%, *K. pneumoniae* sinh men ESBL 21,9%. Tỷ lệ sinh men AmpC: *P. aeruginosa* 36,7%; *K. pneumoniae* 6,3%; *E. coli* 4,8%. Khảo sát gene mã hóa ESBL trên các chủng nghiên cứu cho thấy: tỷ lệ *E. coli* sinh gene mã hóa blaTEM 100%; blaSHV 87,7%; blaCTX-M 33,3%; với *K. pneumoniae*: blaTEM 100%; blaSHV 100%; blaCTX-M 21,4%. **Kết luận:** Cần có những nghiên cứu giám sát về dịch tễ học phân tử liên tục để có thể phát hiện sớm các đột biến gây kháng kháng sinh để có chiến lược sử dụng kháng sinh thích hợp tại Việt Nam. **Từ khóa:** *E. coli*, *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa*, ESBL, AmpC, Trà Vinh.

SUMMARY

ESBL PRODUCTION OF ESCHERICHIA COLI, KLEBSIELLA PNEUMONIAE AND PSEUDOMONAS AERUGINOSA IN TRA

¹Trường Đại học Trà Vinh

Chịu trách nhiệm chính: Nguyễn Thị Kiều Tiên

Email: ntktien95@tvu.edu.vn

Ngày nhận bài: 12.2.2025

Ngày phản biện khoa học: 19.3.2025

Ngày duyệt bài: 24.4.2025

VINH GENERAL HOSPITAL, 2022-2023

Background: Infections caused by the Gram-negative bacilli such as *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* và *Pseudomonas aeruginosa* are increasing globally, especially the extended-spectrum β -lactamase-producing strains (ESBL) and AmpC β -lactamases (AmpC) that have caused treatment concerns. **Objective:** To determine the prevalence of ESBL, as well as to identify some ESBL-coding genes of *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa* at Tra Vinh General Hospital from December 2022 to July 2023. **Materials and methods:** This cross-sectional descriptive study included 198 isolates were analyzed for their ability to produce ESBL, AmpC. *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, and *Pseudomonas aeruginosa* were identified and phenotypically characterized for ESBL production. Antibiotic susceptibility testing was performed using the Vitek 2 system. AmpC β -lactamase production testing method using disc diffusion on MHA agar with antibiotic discs: Antibiotic discs: Cefoxitin 30mcg, Ceftazidime 30mcg. ESBL-producing isolates were subjected to PCR for ESBL-encoding genes. **Results:** The rate of ESBL production in *E. coli* was 54.8%, while in *K. pneumoniae* it was 21.9%. The AmpC birth rates of *P. aeruginosa*, *K. pneumoniae*, *E. coli* were 36.7%, 6.3% and 4.8%, respectively. Survey of ESBL encoding genes on research strains showed that: *E. coli* had a 100% presence of the blaTEM gene, 87.7% for blaSHV, and 33.3% for blaCTX-M; In *K. pneumoniae* presence of blaTEM and blaSHV 100%; and blaCTX-M was 21.4%. **Conclusion:** Continuous molecular epidemiological surveillance is essential to detect antibiotic resistance mutations early and to develop appropriate antibiotic use strategies in Vietnam.

Keywords: *E. coli*, *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa*, ESBL, AmpC, Tra Vinh

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Kháng kháng sinh dẫn đến chi phí điều trị tăng cao, thời gian nằm viện kéo dài và gia tăng tỷ lệ tử vong. Ước tính đến năm 2050, số ca tử vong do kháng thuốc có thể tăng lên 10 triệu ca mỗi năm và tiêu tốn thêm trên 100 nghìn tỷ USD do tình trạng kháng thuốc gia tăng. Nhiễm khuẩn do trực khuẩn Gram âm sinh men β -lactamase phổ rộng (ESBL) và AmpC β -lactamase (AmpC) là một trong những nguyên nhân thách thức trong điều trị. Năm 2021, Trần Phú Vinh và cộng sự [1] thực hiện nghiên cứu tại BV Đa khoa Trung ương Cần Thơ, cho kết quả tỷ lệ *K. pneumoniae* sinh men ESBL là 76,7%; *K. pneumoniae* đa kháng thuốc là 94,0%; *K. pneumoniae* kháng họ β -lactam 100%; nhóm Quinolone 96%, Aminoglycoside 90,6%. Tuy nhiên, tại Bệnh viện đa khoa Trà Vinh có rất ít nghiên cứu về tỷ lệ vi khuẩn sinh ESBL, AmpC cũng như tỷ lệ đề kháng kháng sinh của các vi khuẩn *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*. Vì vậy, chúng tôi thực

hiện đề tài: Khảo sát tỷ lệ sinh ESBL, AmpC của *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa* tại Bệnh viện Đa khoa Trà Vinh nhằm xác định tỷ lệ sinh men cũng như gene mã hóa ESBL, AmpC của *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*. Việc phát hiện các vi khuẩn sinh ESBL, AmpC của Phòng xét nghiệm vi sinh là việc làm hết sức cần thiết nhằm giúp cho các bác sĩ lâm sàng sớm lựa chọn được kháng sinh thích hợp, giảm chi phí điều trị, giảm tỷ lệ tử vong.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Thiết kế nghiên cứu: Nghiên cứu cắt ngang mô tả.

2.2. Đối tượng nghiên cứu:

- **Tiêu chuẩn chọn vào:** *E. coli*, *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa* phân lập từ đàm, mủ, máu, nước tiểu, dịch xoang bụng, dịch khác tại BV Đa khoa Trà Vinh từ 12/2022 – 7/2023

+ Đối với mẫu nước tiểu: đạt yêu cầu số lượng vi khuẩn cùng loài $\geq 10^5$ CFU/ml

+ Đối với mẫu đàm: đạt yêu cầu ≥ 25 bạch cầu và ≤ 10 tế bào biểu mô / phết nhuộm Gram ở quang trường x100

- **Tiêu chuẩn loại ra:** *E. coli*, *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa* ở bệnh phẩm khác trên cùng bệnh nhân hoặc cùng loại vi khuẩn phân lập trên cùng bệnh phẩm ở lần sau.

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

- Thời gian nghiên cứu: từ 12/2022 – 7/2023.

- Địa điểm nghiên cứu: Bệnh viện Đa khoa tỉnh Trà Vinh

2.4. Cỡ mẫu và phương pháp

$$n = \frac{Z_{1-\alpha/2}^2 \cdot p \cdot (1-p)}{d^2}$$

n: Cỡ mẫu cần thiết cho nghiên cứu

α : Xác suất sai lầm loại 1 ($\alpha = 0,05$)

Z: Trị số phân phối chuẩn bình thường, độ

tin cậy $\alpha = 95\%$ thì $Z_{1-\alpha/2} = 1,96$

d: Độ chính xác hay sai số biên cho phép của ước lượng trong nghiên cứu ($d = 0,06$)

p: Tỷ lệ nghiên cứu ước tính $p = 0,77$ [1] (từ nghiên cứu của Trần Phú Vinh với kết quả tỷ lệ *K. pneumoniae* sinh men ESBL là 77%,

Từ công thức trên ta có cỡ mẫu tối thiểu: $n = 189$ mẫu. Cỡ mẫu nhóm nghiên cứu thực hiện: 198 mẫu

Phương pháp: Các chủng vi khuẩn nghiên cứu được cấy phân lập từ các mẫu bệnh phẩm theo quy trình thường quy tại phòng Vi sinh – khoa Xét nghiệm, Bệnh viện Đa khoa tỉnh Trà Vinh. Sau đó được tiến hành định danh bằng hệ

thống máy Vitek 2, sử dụng thẻ GN, dựa trên nguyên tắc phản ứng sinh hóa đã được thiết lập và các cơ chất phát hiện nhằm đánh giá việc sử dụng nguồn cacbon các hoạt động của men và khả năng đề kháng.

Nghiên cứu xác định kiểu hình ESBL và thực hiện kháng sinh đồ bằng hệ thống máy Vitek 2, sử dụng thẻ AST GN 69, dựa trên kỹ thuật MIC với ngưỡng phiên giải theo CLSI 2023. Xác định kiểu hình sinh AmpC bằng phương pháp khuếch tán trên thạch MHA với các loại đĩa giấy kháng sinh: Cefoxitine 30mcg, Ceftazidime 30mcg.

Đối với các chủng vi khuẩn có kiểu hình sinh ESBL, nhóm nghiên cứu thực hiện PCR xác định các gene mã hóa sinh ESBL là bla_{CTX-M}, bla_{TEM}, bla_{SHV}, dựa trên sự khuếch đại một đoạn gene cụ thể của bộ gene bằng cách sử dụng các mồi đặc hiệu, 10^{ul} sản phẩm PCR khuếch đại được điện di trên agarose 1,5%.

Các đoạn mồi CTX-M, TEM, SHV được sử dụng:

Primer	Sequence 51-31	Kích thước (bp)	Gene
CTX-M F	CGATGTGCAGTACCAGTAA	585	bla _{CTX-M}
CTX-M R	TTAGTGACCAGAATAAGCGG		
TEM F	CCCCGAAGAACGTTTTTC	517	bla _{TEM}
TEM R	ATCAGCAATAAACCCAGC		
SHV F	AGGATTGACTGCCTTTTTTG	393	bla _{SHV}
SHV R	ATTTGCTGATTTTCGCTCG		

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

Từ tháng 12/2022 đến tháng 7/2023, trên 198 mẫu bệnh phẩm phân lập từ phòng Vi sinh, Bệnh viện Đa khoa Trà Vinh và thực hiện PCR tại Viện Pasteur TP.HCM, nhóm nghiên cứu đã thu được 104 chủng Escherichia coli, 64 chủng Klebsiella pneumoniae và 30 chủng Pseudomonas aeruginosa với tỷ lệ lần lượt là 52,5%; 32,3%; 15,2%.

3.1. Tỷ lệ sinh men ESBL của E. coli, K. pneumoniae

Bảng 3.1: Tỷ lệ sinh men ESBL theo chủng vi khuẩn

	ESBL dương		ESBL âm	
	Tần số	Tỷ lệ (%)	Tần số	Tỷ lệ (%)
E. coli (n=104)	57	54,8	47	45,2
K. pneumoniae (n=64)	14	21,9	50	78,1

Nhận xét: Tỷ lệ sinh men ESBL ở E. coli chiếm đa số với tần số là 57/104 chủng ESBL dương với tỷ lệ 54,8%. Tỷ lệ K. pneumoniae sinh ESBL thấp hơn với 21,9%

Bảng 3.2: Tỷ lệ sinh men AmpC theo chủng vi khuẩn

	AmpC dương		AmpC âm	
	Tần số	Tỷ lệ (%)	Tần số	Tỷ lệ (%)
E. coli (n=104)	5	4,8	99	95,2
K. pneumoniae (n=64)	4	6,3	60	93,8
P. aeruginosa (n=30)	11	36,7	19	63,3

Nhận xét: Trên 198 chủng vi khuẩn khảo sát thu được tỷ lệ sinh AmpC cao nhất ở P. aeruginosa với 36,7% (11/30 chủng), trong khi E. coli và K. pneumoniae chiếm tỷ lệ thấp hơn lần lượt là 4,8% và 6,3%.

3.2. Kết quả mang gen sinh ESBL của E. coli, K. Pneumonia. Chúng tôi tiến hành trên 71 chủng sinh men ESBL bằng kỹ thuật PCR và điện di tìm 3 gene mã hóa ESBL là bla_{CTX-M}, bla_{TEM}, bla_{SHV}. Kết quả thu được:



Hình 1. Tỷ lệ gene mã hóa ESBL của E. coli, K. pneumoniae

Trong số 71 chủng vi khuẩn sinh men ESBL đã được thực hiện PCR và điện di, phát hiện gene bla_{TEM} xuất hiện 100% ở tất cả các chủng vi khuẩn nghiên cứu, gen bla_{SHV} cũng chiếm tỷ lệ cao với 90% và gen bla_{CTX-M} chiếm tỷ lệ thấp hơn với 31%.

Bảng 3.3: Tỷ lệ E.coli, K.pneumoniae sinh ESBL mang gene bla_{CTX-M}, bla_{TEM}, bla_{SHV}

Gen mã hóa ESBL	E.coli (n=57)		K.pneumoniae (n=14)	
	Tần số	Tỷ lệ (%)	Tần số	Tỷ lệ (%)
Gene bla _{CTX-M}	19	33,3	3	21,4
Gene bla _{TEM}	57	100,0	14	100,0
Gene bla _{SHV}	50	87,7	14	100,0
Gene bla _{CTX-M} và bla _{TEM}	19	33,3	3	21,4
Gene bla _{CTX-M} và bla _{SHV}	17	29,8	3	21,4
Gene bla _{TEM} và bla _{SHV}	50	87,7	14	100,0
Gene bla _{CTX-M} , bla _{TEM} và bla _{SHV}	13	22,8	3	21,4

Nhận xét: Trong số 57 chủng vi khuẩn E. coli sinh ESBL phát hiện gene bla_{TEM} và bla_{SHV} chiếm tỷ lệ cao lần lượt là 100% và 87,7%, đồng thời có 19 chủng (chiếm 33,3%) mang gene bla_{CTX-M}. Đối với 14 chủng K. pneumoniae sinh ESBL phát hiện 100% các chủng mang gene

blaTEM và blaSHV, trong khi có 3 chủng (chiếm 21,4%) mang gen blaCTX-M. Tỷ lệ *E. coli*, *K. pneumoniae* mang cùng lúc 2 gen blaTEM và blaSHV chiếm tỷ lệ cao lần lượt là 87,7% (50/57) và 100% (14/14). Tỷ lệ mang cả 3 gen của *E. coli*, *K. pneumoniae* là 22,8% (13/57) và 21,4% (3/14).

IV. BÀN LUẬN

Từ tháng 12/2022 đến tháng 7/2023, trên 198 mẫu bệnh phẩm phân lập từ phòng Vi sinh, Bệnh viện Đa khoa Trà Vinh và thực hiện PCR tại Viện Pasteur TP.HCM, nhóm nghiên cứu đã thu được 104 chủng *Escherichia coli*, 64 chủng *Klebsiella pneumoniae* và 30 chủng *Pseudomonas aeruginosa* với tỷ lệ lần lượt là 52,5%, 32,3%, 15,2%.

4.1. Tỷ lệ sinh men ESBL (*E. coli*, *K. pneumoniae*) và AmpC (*E. coli*, *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa*)

4.1.1. Tỷ lệ *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* sinh men ESBL. Trong tổng số 168 chủng gồm *E. coli* và *K. pneumoniae* chúng tôi phát hiện có 71 chủng sinh men ESBL chiếm tỷ lệ 42,3% (71/168), trong đó *E. coli* sinh men ESBL chiếm tỷ lệ 54,8% (57/104), *K. pneumoniae* sinh men ESBL là 21,9% (14/64), nghĩa là *E. coli* sinh men ESBL cao gấp hơn 2 lần so với *K. pneumoniae* sinh men ESBL. Kết quả này phù hợp với tình hình đề kháng chung của thể giới khi tỷ lệ nhiễm *E. coli* sinh ESBL ngày càng tăng liên tục.

Kết quả này tương đồng với nghiên cứu của Vũ Bảo Trang và cộng sự [2] tại bệnh viện Thống Nhất năm 2021, cho kết quả *E. coli* sinh men ESBL 61,3% và phù hợp với nghiên cứu của Phạm Thị Vân và cộng sự [3] năm 2018-2020 tại bệnh viện E đã ghi nhận kết quả *E. coli* sinh men ESBL là 53,4%.

Nghiên cứu tại Campuchia năm 2012-2015, *E. coli* sinh men ESBL chiếm tỷ lệ 42,7% [4] thấp hơn kết quả nghiên cứu của chúng tôi.

Từ kết quả của nghiên cứu trong nước cũng như nước ngoài cho thấy tỷ lệ sinh men ESBL của *E. coli*, *K. pneumoniae* thay đổi khác nhau theo từng khu vực, từng quốc gia và từng nghiên cứu. Sự khác biệt này có thể là do thời gian nghiên cứu không giống nhau, bệnh phẩm nghiên cứu khác nhau, cũng như khác nhau về đặc điểm dân số, lứa tuổi tại địa phương hoặc vùng lãnh thổ nghiên cứu.

4.1.2. Tỷ lệ *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa* sinh men AmpC. Từ 198 chủng vi khuẩn được đưa vào nghiên cứu phát hiện 10,1% sinh men AmpC (20/198) trong đó *P. aeruginosa* chiếm đa

số với 36,7% (11/30), tiếp theo là *E. coli* 4,8% (5/104) và *K. pneumoniae* 6,3% (4/64).

Kết quả nghiên cứu của chúng tôi cao hơn của tác giả Nguyễn Ngọc Lân và cộng sự tại bệnh viện Đại học Y Dược TP.HCM với tỷ lệ sinh men AmpC chung của trực khuẩn Gram âm đường ruột 7,8% năm 2016-2017 [5].

Tỷ lệ *E. coli* sinh men AmpC trong nghiên cứu của chúng tôi cao hơn của Nguyễn Ngọc Lân và cộng sự tại bệnh viện Đại học Y Dược TP.HCM năm 2017 với 2,5% [5].

Tỷ lệ *K. pneumoniae* sinh men AmpC cao hơn nghiên cứu của Nguyễn Ngọc Lân và cộng sự tại bệnh viện Đại học Y Dược TP.HCM với 4,4%, tuy nhiên vẫn còn thấp so với nghiên cứu quốc tế khác [5].

Kết quả nghiên cứu của chúng tôi khác với một số nghiên cứu là do địa điểm nghiên cứu khác nhau, đối tượng nghiên cứu và thời gian nghiên cứu cũng không giống nhau. Do đó, cần thực hiện thêm nghiên cứu về tỷ lệ sinh men AmpC của *E. coli*, *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa* qua các năm tại cùng địa điểm để có thể so sánh kết quả với nhau.

4.2. Tỷ lệ sinh gene mã hóa ESBL của *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*.

Trong 71 chủng ESBL dương tính được phát hiện, tỷ lệ các gene mã hóa ESBL là blaTEM 100%, blaSHV 90%, blaCTX-M 31%. Kết quả này cao hơn nhiều so với nghiên cứu tại Nigeria năm 2016-2017 với tỷ lệ các gene mã hóa ESBL lần lượt là blaTEM 30,9%, blaSHV 22,1%, blaCTX-M 47% [6].

Đối với *E. coli* mang gene mã hóa ESBL: nghiên cứu của chúng tôi không tương đồng với nghiên cứu của tác giả Lê Thị Hội và cộng sự tại Hà Nội-Việt Nam năm 2018 với tỷ lệ *E. coli* mang gene blaCTX-M 85% chiếm đa số so với blaTEM 48,1% và blaSHV chỉ chiếm 1% [7].

Ngược lại, tỷ lệ *K. pneumoniae* mang gene blaSHV tương đồng với nghiên cứu của Leah W Roberts, Lê Thị Hội và cộng sự; với tỷ lệ mang gene blaSHV 98,2% chiếm tỷ lệ cao; nhưng không tương đồng với tỷ lệ blaTEM 52,1%, blaCTX-M 51,8% [7]. So sánh kết quả nghiên cứu của chúng tôi với các nghiên cứu khác cho thấy tỷ lệ vi khuẩn mang gene mã hóa ESBL của *K. pneumoniae* chiếm đa số là gene blaTEM và blaSHV, có thể lý giải cho sự khác biệt này là do địa điểm nghiên cứu cũng như đối tượng nghiên cứu từ các loại bệnh phẩm không giống nhau; bên cạnh đó tại bệnh viện Đa khoa Trà Vinh cho đến nay chưa có nghiên cứu về tỷ lệ vi khuẩn mang gene mã hóa ESBL để so sánh với kết quả nghiên cứu của chúng tôi.

V. KẾT LUẬN

Trong 198 chủng phân lập được từ bệnh phẩm mủ, đàm, dịch xoang bụng, nước tiểu, máu, dịch khác tại bệnh viện Đa khoa Trà Vinh từ tháng 12/2022 đến 7/2023, phát hiện tỷ lệ E. coli sinh men ESBL 54,8%; K. pneumoniae sinh men ESBL 21,9%; tỷ lệ sinh men AmpC: P. aeruginosa 36,7%; K. pneumoniae 6,3%; E. coli 4,8%. Khảo sát gene mã hóa ESBL trên các chủng nghiên cứu cho thấy: với E. coli blaTEM 100%; blaSHV 87,7%; blaCTX-M 33,3%; với K. pneumoniae blaTEM 100%; blaSHV 100%; blaCTX-M 21,4%. Vì vậy, cần có những nghiên cứu giám sát về dịch tễ học phân tử trong dài hạn để có thể phát hiện sớm các đột biến kháng kháng sinh cả in-vivo lẫn in-vitro ngay từ sớm, để có chiến lược sử dụng kháng sinh thích hợp tại Việt Nam.

Kết quả nghiên cứu của chúng tôi có thể góp phần định hướng việc lựa chọn sử dụng kháng sinh của các Bác sĩ lâm sàng trong điều trị các bệnh nhiễm khuẩn. Tuy nhiên, do kinh phí hạn chế nên trong nghiên cứu của chúng tôi chưa khảo sát được nhiều gene mã hóa ESBL và chỉ thực hiện trên các chủng đã xác định kiểu hình ESBL dương mà chưa xác định kiểu gene trên tất cả 198 chủng nghiên cứu.

Vì vậy, cần có những nghiên cứu giám sát về dịch tễ học phân tử trong dài hạn để có thể phát hiện sớm các đột biến kháng kháng sinh cả in-vivo lẫn in-vitro ngay từ sớm, để có chiến lược sử dụng kháng sinh thích hợp.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Vinh Trần Phú, Chữ Dương Xuân, Hiền Nguyễn Thị Diệu, Cộng sự.** Nghiên cứu tình hình đa kháng kháng sinh của Klebsiella pneumoniae sinh ESBL, Carbapenemase trên bệnh phẩm phân lập được tại Bệnh viện đa khoa Trung ương Cần Thơ. Tạp chí Y học Việt Nam. 2022;516(1):78-82
2. **Trang Vũ Bảo, Thành Nguyễn Minh, Huy Bảo Lê, Hiền Phạm Thị Thu, Quỳnh Bùi Thị Hương.** Tình hình đề kháng và sử dụng kháng sinh trong điều trị nhiễm khuẩn do Escherichia coli và Klebsiella pneumoniae tại bệnh viện Thống Nhất. Tạp chí Y học Việt Nam. 2023;522(1)
3. **Vân Phạm Thị, Hậu Phan Văn, Giang Nguyễn Thu, Hà Đình Thị Thanh.** Tính kháng kháng sinh của các chủng vi khuẩn Enterobacteriaceae phân lập tại Bệnh viện E (2018-2020) Tạp chí Truyền nhiễm Việt Nam. 2023;1(41):67-73.
4. **Caron Y, Chheang R, Puthea N, et al.** Beta-lactam resistance among Enterobacteriaceae in Cambodia: The four-year itch. Int J Infect Dis. Jan 2018; 66:74-79. doi: 10.1016/j.ijid.2017.10.025
5. **Lân Nguyễn Ngọc, Nga Cao Minh.** Sự kháng thuốc của các vi khuẩn gây bệnh thường gặp trong bệnh phẩm đường hô hấp dưới tại bệnh viện Đại học Y Dược TP.HCM trong một năm (01/5/2016-30/4/2017). 2018;22(4):381-389.
6. **Shitta G, Makanjuola O, Adefioye O, Olowe OA.** Extended Spectrum Beta Lactamase (ESBL), bla(TEM), bla(SHV) and bla(CTX-M), Resistance Genes in Community and Healthcare Associated Gram Negative Bacteria from Osun State, Nigeria. Infect Disord Drug Targets. 2021;21(4):595-602. doi:10.2174/1871526520999200729181559
7. **Roberts LW, Hoi LT, Khokhar FA, et al.** Genomic characterisation of multidrug-resistant Escherichia coli, Klebsiella pneumoniae, and Acinetobacter baumannii in two intensive care units in Hanoi, Viet Nam: a prospective observational cohort study. Lancet Microbe. Nov 2022;3(11): e857-e866. doi:10.1016/s2666-5247(22)00181-1.

SO SÁNH TRƯỚC VÀ SAU ĐIỀU TRỊ CHỈNH HÌNH RĂNG MẶT KHÔNG NHỔ RĂNG TRÊN BỆNH NHÂN TRƯỞNG THÀNH SAI KHỚP CĂN HẠNG I ANGLE

Trần Tiểu Trang¹, Đồng Khắc Thẩm², Lê Nguyên Lâm³

TÓM TẮT

Mục tiêu: So sánh trước và sau điều trị chỉnh hình răng mặt không nhổ răng trên bệnh nhân trưởng thành sai khớp cắn hạng I Angle. **Đối tượng và**

phương pháp: Mẫu nghiên cứu gồm 30 cặp phim sọ nghiêng và 30 cặp mẫu hàm trước và sau điều trị của bệnh nhân chỉnh hình răng mặt tại khu điều trị Kỹ thuật cao, Khoa Răng Hàm Mặt, Trường Đại học Y Dược Thành phố Hồ Chí Minh. Các bệnh nhân chọn vào nghiên cứu có đặc điểm: tương quan xương hạng I, sai khớp cắn hạng I (Angle), thiếu khoảng cung răng hàm dưới $\leq 9\text{mm}$ và không nhổ răng, trừ răng khôn. Sử dụng phần mềm AutoCAD 2018 đo đặc các biến số về răng, xương và mô mềm. **Kết quả:** thiếu khoảng răng hàm dưới: $-1,08 \pm 3,85\text{mm}$, góc SNA trước điều trị $81,60 \pm 3,42^\circ$, tăng sau điều trị $81,83 \pm 3,68^\circ$. Góc mặt phẳng khớp cắn trước điều trị $7,57 \pm 3,68^\circ$, tăng sau điều trị $8,37 \pm 3,31^\circ$. Khoảng cách hình chiếu của điểm A và B lên mặt phẳng khớp cắn

¹Trường Đại học Khoa học sức khỏe

²Trường Đại học Y Dược TP.HCM

³Trường Đại học Y Dược Cần Thơ

Chịu trách nhiệm chính: Trần Tiểu Trang

Email: tietrang1988@gmail.com

Ngày nhận bài: 13.2.2025

Ngày phản biện khoa học: 20.3.2025

Ngày duyệt bài: 21.4.2025