

Abstract

Project Code : RSA5680051
Project Title : Molecular Characterization of Antimicrobial Resistance, Virulence factors and Genetic Relatedness of Zoonotic *Salmonella* isolates from Thailand-Laos border area
Investigator : Assoc. Prof. Dr. Rungtip Chuanchuen
 Faculty of Veterinary Science, Chulalongkorn University
E-mail Address : rchuanchuen@yahoo.com
Project Period : 17 June 2013 -16 June 2026
Keywords : Antimicrobial resistance, Laos, Neighboring countries, *Salmonella enterica*, Thailand

Multidrug-resistant *Salmonella* (MDR) has emerged and re-emerged worldwide, adversely affecting economy, animal and human health and international food trade, including South East Asia. Thailand and Laos share a common border where millions of people and animals travel across each year. Livestock, in particular pigs, and their products have been daily shipped across the border. This could contribute to the major distribution of MDR *Salmonella* isolates and their resistance determinants and would affect not only the border area in this study but also other parts of the two countries and other neighboring countries. In this project, we characterize antimicrobial resistance, virulence genes and genetic relatedness of the *Salmonella* isolates from pigs, pork and pork products and people around Thailand and Thai-Laos border provinces. The results showed that MDR *Salmonella* strains are very common among pigs and pork in the area (98.2%). Serovars Typhimurium was the most common serotype in Thai (34%) and Laos (20.6%) samples. Low prevalence (2.4%) of Thai isolates produced extended-spectrum- β -lactamase (ESBL). All the ESBL producers possessed *bla*_{CTX-M}, of which some were horizontally transferred. Class 1 integrons were common (31.9% in Thailand and 39.1% in Laos). The *qnrS* gene was found in 7.1% and 5.5% of the Thai and Laos isolates, respectively, while *qnrB* was carried in another Laos isolates (1.9%). The results highlighted the requirement for control of antimicrobial use in food animals in this region.

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ : RSA5680051

ชื่อโครงการ : การศึกษาลักษณะทางอนุชีววิทยาของการดื้อยา ปัจจัยควบคุมการก่อความรุนแรงของโรคและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อซัลโมเนลล่าที่แยกได้จากพื้นที่ในเขตชายแดนระหว่างประเทศไทยและลาว

ชื่อนักวิจัย : รศ.สพ.ญ.ดร. รุ่งทิพย์ ชวนชื่น
คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

E-mail Address : rchuanchuen@yahoo.com

ระยะเวลาโครงการ : 17 มิถุนายน 2556 – 16 มิถุนายน 2559

Salmonella ดื้อยาหลายชนิดพร้อมกัน (MDR) ได้อุบัติใหม่และอุบัติซ้ำทั่วโลก รวมทั้งในแถบเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ ส่งผลกระทบต่อเศรษฐกิจ สุขภาพคนและสัตว์ และการค้าระหว่างประเทศ ประเทศไทยและสาธารณรัฐประชาธิปไตยประชาชนลาวมีพรมแดนร่วมกัน ในแต่ละปีมีทั้งคนและสัตว์จำนวนหลายล้านเดินทางหรือข้ามพรมแดน ในทุกวันจะมีปศุสัตว์โดยเฉพาะอย่างยิ่ง สุกรและผลิตภัณฑ์ถูกขนส่งข้ามพรมแดน สามารถเป็นปัจจัยสำคัญของการแพร่กระจาย *Salmonella* ดื้อยาหลายชนิดพร้อมกันและตัวระบุการดื้อยา ซึ่งส่งผลกระทบต่อพื้นที่ชายแดนที่ศึกษาเท่านั้นแต่พื้นที่อื่นๆของประเทศทั้ง 2 และ ประเทศเพื่อนบ้าน ในการศึกษาครั้งนี้ ทำการศึกษาการดื้อยา ยีนควบคุมปัจจัยก่อความรุนแรงของโรคและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของ *Salmonella* ที่แยกได้จากสุกร เนื้อสุกรและผลิตภัณฑ์และคนที่อยู่ในพื้นที่จังหวัดชายแดนระหว่างประเทศไทยและลาว ผลการวิจัยพบว่า พบ *Salmonella* ดื้อยาหลายชนิดพร้อมกันได้บ่อยในสุกรและเนื้อสุกร (98.2%) โดยพบ serovars Typhimurium ได้บ่อยที่สุดทั้งในประเทศไทย (34%) และลาว (20.6%) พบเชื้อที่สร้างเอนไซม์ extended-spectrum- β -lactamase (ESBL) ในอัตราที่ต่ำ (2.4%) เชื้อที่สร้าง ESBL ทั้งหมดมียีน *bla*_{CTX-M} และสามารถถ่ายทอดได้ พบ class 1 integrons ได้บ่อย (31.9% ในประเทศไทย และ 39.1% ในประเทศลาว) พบยีน *qnrS* ในอัตรา 7.1% และ 5.5% ในประเทศไทยและประเทศลาว ตามลำดับ ในขณะที่พบยีน *qnrB* ในเชื้อจากประเทศลาว (1.9%) ผลการวิจัยชี้ให้เห็นถึงความจำเป็นของการควบคุมการใช้ยาต้านจุลชีพในสัตว์ที่เลี้ยงเพื่อการบริโภคในภูมิภาคนี้