

NGHIÊN CỨU ĐẶC ĐIỂM DỊCH TỄ VÀ DI TRUYỀN CỦA LIÊN CẦU KHUẨN GÂY TAN MÁU β LƯU HÀNH Ở HỌC SINH TIỂU HỌC MỘT SỐ VÙNG MIỀN CỦA VIỆT NAM

PHẠM KHẮC LINH ⁽¹⁾, DMITRIEV A.V. ⁽²⁾, VŨ HOÀNG GIANG ⁽¹⁾,
VŨ THỊ LOAN ⁽¹⁾, VÕ VIỆT CƯỜNG ⁽¹⁾, NOSIK A.G. ⁽²⁾, ILYASOV I.U. ⁽²⁾

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Liên cầu khuẩn gây tan máu β nhóm A (*Streptococcus pyogenes*, GAS) là vi khuẩn gây bệnh thường gặp nhất ở trẻ em thuộc các lứa tuổi khác nhau. Những vi sinh vật này gây tổn thương màng nhầy, amygdal, da và các lớp sâu hơn của mô, gây viêm họng, viêm hạch bạch huyết, viêm da có mủ, viêm quầng, hội chứng sốc nhiễm độc và có thể gây tử vong [1, 2]. Trong những năm gần đây, nhiều nghiên cứu đã ghi nhận những bệnh này còn do cả liên cầu khuẩn gây tan máu β nhóm C và G gây ra [4, 5, 7]. Yếu tố độc lực có trong *S. pyogenes* được tìm thấy trong số các chủng liên cầu khuẩn nhóm C và nhóm G, mức độ đồng nhất cao của các trình tự nucleotide trên gen độc lực và sự kết hợp của các gen này với các yếu tố di truyền cơ động đã khẳng định giả thuyết về sự tồn tại việc chuyển ngang các gen độc lực giữa các loài *Streptococcus* [4, 5]. Những số liệu về đặc điểm dịch tễ và tính đa dạng di truyền của liên cầu khuẩn ở những vùng địa lý khác nhau có ý nghĩa quan trọng trong việc luận giải và xây dựng chiến lược sản xuất chế phẩm vacxin dự phòng.

Nghiên cứu này được tiến hành trong giai đoạn 2012÷2015 nhằm xác định một số đặc điểm dịch tễ và di truyền phân tử của liên cầu khuẩn gây tan máu β lưu hành ở học sinh tiểu học tại một số vùng miền của Việt Nam.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu

Gồm 1450 học sinh tiểu học độ tuổi từ 7÷11, không phân biệt giới tính đang sinh sống tại Hải Phòng, Thái Nguyên, Hòa Bình, Quảng trị, Khánh Hòa và Tây Ninh.

2.2. Vật liệu nghiên cứu

Môi trường nuôi cấy: Trypsoy agar, Yeast Extract, máu cừu. Bộ sinh phẩm chẩn đoán Strepto Plus (Biomeriueux) và Akvapast (Nga). Buffer 10X without MgCl₂, Taq 5X Master Mix, DNA Polymerase, DNA Polymerase, dNTP Set, 100 mM Solutions, Primesr- CPR, EDTA...

Các chủng liên cầu khuẩn gây tan máu β nhóm A, C, G phân lập được từ học sinh tiểu học các địa phương nói trên.

2.2. Thiết kế nghiên cứu

Nghiên cứu dịch tễ học mô tả và điều tra cắt ngang

Cỡ mẫu: Cỡ mẫu trong nghiên cứu được áp dụng công thức:

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

Trong đó:

$Z_{1-\alpha/2}^2 = 1,96$ (độ tin cậy 95%);

$d = 0,05$ (sai số cho phép);

P là tỷ lệ nhiễm liên cầu khuẩn ở học sinh (lấy $P = 0,15$) [1, 2];

n là cỡ mẫu tối thiểu cần đạt ($n = 196$).

Do vậy, nghiên cứu này đã chọn mỗi địa phương từ 200 đến 300 học sinh.

Tiêu chí chọn vùng: Chọn đại diện 3 miền: Bắc, Trung, Nam để thực hiện khảo sát nghiên cứu. Mỗi vùng miền chọn từ 1 đến 3 địa điểm: đồng bằng, gần biển và miền núi.

2.3. Phương pháp nghiên cứu, kỹ thuật sử dụng trong nghiên cứu

- **Kỹ thuật điều tra phỏng vấn:** Phỏng vấn bố, mẹ học sinh theo mẫu phiếu in sẵn.

- **Kỹ thuật lấy bệnh phẩm:** Bệnh phẩm lấy ở họng.

- **Kỹ thuật phân lập vi khuẩn:** Các mẫu bệnh phẩm sau khi cấy trên môi trường thạch máu cừu 5%, được đặt trong tủ CO_2 5% ở nhiệt độ $37^\circ C$ tại labo vi sinh của Trung tâm y tế dự phòng tỉnh. Sau 18÷24 giờ ủ, lấy ra quan sát. Dựa vào tính chất khuẩn lạc, tính chất tan máu, xác định và lựa chọn những khuẩn lạc gây tan máu β .

- **Định danh nhóm liên cầu khuẩn:** Xác định các chủng liên cầu khuẩn thuộc nhóm A, C, G sử dụng phương pháp ngưng kết kháng nguyên với bộ sinh phẩm *Slidex Strepto Plus* (Biomeriuex) và *Akvapast* (St Petersburg, Nga).

- **Kỹ thuật sinh học phân tử**

Phương pháp PCR khuếch đại trên đoạn gen *emm* để xác định nhóm *S. pyogenes*.

Giải trình tự đoạn gen *emm* của *S. pyogenes* bằng máy BECKMAN COULTER CEQ™ 8000 (Mỹ).

Phân tích so sánh các trình tự DNA được thực hiện bằng cách sử dụng cơ sở dữ liệu và chương trình BLAST GenBank.

Xác định các chủng liên cầu khuẩn nhóm C và nhóm G thuộc nhóm *S. anginosus* và *S. dysgalactiae* subsp. *equisimilis* bằng kỹ thuật PCR khuếch đại trình tự trên gen *cpn60* với các cặp mồi đặc trưng *ang1,2*; *const 1,2*; *dysg 1,2*. Đối với những chủng không xác định được thành phần loài bằng phương pháp PCR thì tiến hành giải trình tự đoạn gen *rnpB*, mã hóa một tiểu đơn vị của ARN endoribonuclease P, nhằm xác định thuộc tính loài của các chủng liên cầu khuẩn phân lập được [4].

Để phát hiện các gen độc lực của các chủng liên cầu khuẩn nhóm C và G tiêu biểu là *S. anginosus* và *S. dysgalactiae* subsp. *equisimilis* sử dụng kỹ thuật PCR khuếch đại các đoạn gen *scpA*, *lmb*, *nga*, *slo* mã hóa các yếu tố gây độc trong *S. pyogenes* bằng cách sử dụng các đoạn mồi tương ứng (bảng 1) [3, 6, 14].

Bảng 1. Các môi sử dụng trong nghiên cứu [3, 6, 14]

Gen	Đoạn môi xuôi, 5'→3'	Đoạn môi ngược, 5'→3'
<i>cpn60</i>	TGCAGCCGTATCATCACGCAG (Ang1)	GTTGGCAATAGCTTCGGCATCA (Ang2)
<i>cpn60</i>	TTGAAAGTGCTACATCTGAATTT GACAAA (Const1)	CTGCATTGATAGCGATTTGTCTG AAT (Const2)
<i>cpn60</i>	TGGCTTGATTAAGTCACAACCTAG AAACCA (Dysg1)	GCTCAAGAGCAGCTACTTTTTTC GATCA (Dysg2)
<i>rnpB</i>	YGTGCAATTTTTGGATAAT (rnpB_f)	TTCTATAAGCCATGTTTTGT (rnpB_r)
<i>scpA</i>	ACAATGGAAGGCTCTACTGTTC (scpA_f)	ACCTGGTGTGTTGACCTGAACCTA (scpA_r)
<i>lmb</i>	TTATCATCCAGCGCCTCCTAG (lmb_f)	GTGGTGATAACTGACTTCTTGG GA (lmb_r)
<i>nga</i>	CACCTACACTAAAAAACCGCATC A (nga_f)	CAAAAGTGACCTCTGACAAGGC TAA (nga_r)
<i>slo</i>	CTGGTGGTAATACGCTTCCTG (slo_f)	TCATATTGAGCAACATACGCG (slo_r)

2.4. Xử lý số liệu

Xử lý số liệu thu được bằng phần mềm SPSS 22.0.

3. KẾT QUẢ VÀ BÀN LUẬN

3.1. Đặc điểm dịch tễ nhiễm liên cầu khuẩn ở các địa phương

Trong 1450 học sinh tiểu học thuộc các địa phương tham gia nghiên cứu, cơ cấu giới tính được phân bố như sau:

Bảng 2. Cơ cấu giới tính của học sinh ở các địa phương

Địa phương \ Giới	Nam		Nữ		Tổng số
	Số lượng	Tỷ lệ %	Số lượng	Tỷ lệ %	
Hải Phòng	126	50,40	124	49,60	250
Thái Nguyên	102	51,00	98	49,00	200
Hòa Bình	95	47,50	105	52,50	200
Quảng Trị	103	51,50	97	48,50	200
Khánh Hòa	156	52,00	144	48,00	300
Tây Ninh	152	50,67	148	49,33	300
Tổng cộng	734	50,62	716	49,38	1450

Bảng 2 cho thấy tỷ lệ học sinh nam và nữ tại các địa phương tương đương nhau, nam từ 47,5% đến 52,0%; nữ từ 48,0% đến 52,5%; tổng cộng có 734 học sinh nam (50,62%) và 716 học sinh nữ (49,38%). Sự khác nhau này không có ý nghĩa thống kê ($p > 0,05$).

Trong tổng số 136 học sinh nhiễm liên cầu khuẩn nhóm A,C,G, tỷ lệ được phân bố ở các địa phương như sau:

Bảng 3. Tỷ lệ học sinh phân lập được liên cầu khuẩn ở các địa phương

Địa điểm	LCK nhóm A	LCK nhóm C	LCK nhóm G	Tổng cộng
Hải Phòng (n = 250)	6 (2,40%)	1 (0,40%)	20 (8,00%)	27 (10,80%)
Thái Nguyên (n = 200)	2 (1,00%)	3 (1,50%)	13 (6,50%)	18 (9,00%)
Hòa Bình (n = 200)	1 (0,50%)	1 (0,50%)	9 (4,50%)	11 (5,50%)
Quảng Trị (n = 200)	35 (17,50%)	0 (0%)	16 (8,0%)	51 (25,50%)
Khánh Hòa (n = 300)	2 (0,67%)	2 (0,67%)	11 (3,67%)	14 (4,67%)
Tây Ninh (n = 300)	4 (1,33%)	1 (0,33%)	9 (3,00%)	14 (4,67%)
Tổng cộng (N = 1450)	50 (3,45%)	8 (0,55%)	78 (5,38%)	136 (9,38%)

Bảng 3 cho thấy tỷ lệ nhiễm liên cầu khuẩn ở học sinh tiểu học của tỉnh Quảng Trị cao hơn hẳn các địa phương khác, đặc biệt tỷ lệ nhiễm liên cầu khuẩn nhóm A tương đối cao (17,50%), trong khi các địa phương khác tỷ lệ này chỉ chiếm từ 0,5÷2,4%. Sự khác nhau này có ý nghĩa thống kê với $p < 0,01$.

Mối liên quan giữa tỷ lệ nhiễm liên cầu khuẩn với giới tính của học sinh ở các địa phương được trình bày trong bảng 4.

Bảng 4. Tỷ lệ học sinh phân lập được liên cầu khuẩn theo giới ở các địa phương

Địa phương	Nam		Nữ	
	Số lượng	Tỷ lệ %	Số lượng	Tỷ lệ %
Hải Phòng	15/126	11,9	12/124	9,68
Thái Nguyên	8/102	7,84	10/98	10,2
Hòa Bình	5/95	5,26	7/105	6,67
Quảng Trị	26/103	25,2	25/97	25,8
Khánh Hòa	7/156	4,48	7/144	4,86
Tây Ninh	6/152	3,95	8/148	5,41
Tổng cộng	67/734	9,13	69/716	9,64

Kết quả trong bảng 4 cho thấy cơ cấu về giới tính số lượng học sinh nhiễm liên cầu khuẩn ở các địa phương tương đương nhau hoặc khác nhau không đáng kể. Tổng cộng các địa phương cho thấy tỷ lệ nhiễm liên cầu ở học sinh nam là 67/734 (9,13%) và ở học sinh nữ là 69/716 (9,64%). Sự khác nhau này không có ý nghĩa thống kê với $p > 0,05$. Kết quả nghiên cứu này cũng tương tự như kết quả đã công bố [1] đối với học sinh huyện Dương Minh Châu, Tây Ninh: tỷ lệ nhiễm liên cầu không liên quan đến giới tính.

Mối liên quan giữa tình trạng viêm nhiễm đường hô hấp trên và các tổ chức trong khoang miệng với tỷ lệ nhiễm liên cầu khuẩn ở học sinh được trình bày trong bảng 5.

Bảng 5. Tỷ lệ học sinh tổn thương mũi, họng và khoang miệng ở các nhóm dương tính và âm tính với liên cầu khuẩn

Tình trạng viêm họng, mũi, amydal	Kết quả phân lập (+) (n = 136)		Kết quả phân lập (-) (n = 1314)		Thống kê
	Số lượng	Tỷ lệ %	Số lượng	Tỷ lệ %	
Viêm họng, viêm amydal cấp tính	42	30,90	408	31,05	$p > 0,05$
Viêm họng, viêm amydal mạn tính	51	37,50	414	34,40	$p > 0,05$
Viêm mũi xuất tiết	41	30,15	331	25,19	$p > 0,05$
Viêm tổ chức trong khoang miệng	39	28,68	356	27,09	$p > 0,05$

Các số liệu trong bảng 5 cho thấy tình trạng viêm nhiễm đường hô hấp trên và các tổ chức trong khoang miệng ở nhóm kết quả phân lập dương tính với liên cầu gây bệnh và nhóm phân lập âm tính khác nhau không rõ rệt, tuy nhiên tình trạng viêm họng mạn, amydal mạn ở nhóm có kết quả dương tính có sự gia tăng về tần số gặp.

3.2. Đặc điểm di truyền của liên cầu khuẩn

Nghiên cứu đã xác định và phân loài 136 chủng liên cầu khuẩn nhóm A, C, G bằng kỹ thuật phân tử (bảng 6). Kết quả ở bảng 6 cho thấy: đã xác định được 50 chủng nhóm A (*S. pyogenes*); 08 chủng nhóm C (04 chủng *S. anginosus*, 01 chủng *S. dysgalactiae* subsp. *equisimilis*, 03 loài chưa xác định được) và 78 chủng nhóm G (55 chủng *S. anginosus*, 8 chủng *S. dysgalactiae* subsp. *equisimilis*, 15 loài khác chưa xác định được).

Bảng 6. Kết quả phân loài các chủng liên cầu khuẩn

Liên cầu nhóm A (n = 50)	Liên cầu nhóm C (n = 8)		Liên cầu nhóm G (n = 78)	
<i>S. pyogenes</i>	<i>S. anginosus</i>	<i>S. dysgalactiae</i> subsp. <i>equisimilis</i>	<i>S. anginosus</i>	<i>S. dysgalactiae</i> subsp. <i>equisimilis</i>
50	04	01	55	8
	03 chưa xác định được loài		15 chưa xác định được loài	

Đối với những chủng liên cầu khuẩn nhóm C và nhóm G không xác định được thành phần loài bằng phương pháp PCR thì tiến hành giải trình tự đoạn gen *rnpB*, mã hóa một tiểu đơn vị của endoribonuclease P, nhằm xác định thuộc tính loài [4, 11]. Phân tích dữ liệu giải trình tự thu được các kết quả sau:

- Trong 03 chủng liên cầu khuẩn nhóm C chưa xác định được thành phần loài thì phát hiện thấy: 01 chủng có trình tự gen *rnpB* tương đồng với *S. parasanguinis* (99%), 01 chủng tương đồng với *S. gardonii* (99%), 01 chủng tương đồng với *S. constellatus* (95%).

- Trong số 15 chủng nhóm G chưa xác định được thành phần loài thì thấy: có 05 chủng có trình tự gen *rnpB* tương đồng với *S. sanguinis* (99%), 04 chủng tương đồng với *S. parasanguinis* (99%), 03 chủng tương đồng với *S. mitis* (99%); 02 chủng tương đồng với *S. constellatus* (95%); 01 chủng tương đồng với *S. australis* (99%).

Có 47 chủng *S. pyogenes* được phân tích bằng phương pháp PCR khuếch đại và giải trình tự đoạn gen *emm* (bảng 7). Kết quả bảng 7 thấy trong số 47 chủng được phân tích đã xác định được 15 *emm* subtype có liên quan tới 11 *emm* type, trong đó các kiểu gen có tỷ lệ cao như *emm* 104,0 (17,02%), *emm* 109,1 (12,76%), *emm* 4,0 (8,51%), *emm* 12,0 (21,28%), *emm* 12,22 (6,38%), *emm* 44,0 (12,76%). Kiểu gen hiếm gặp của *S. pyogenes* như *emm*104.0 và *emm*109.1 chiếm tỷ lệ cao (29,78%)

Bảng 7. Kết quả phân tích kiểu gen *emm* của *S. pyogenes*

TT	Kiểu gen	Số lượng	Tỷ lệ %
1	<i>emm</i> 4,0	04	8,51
2	<i>emm</i> 8,0	01	2,13
3	<i>emm</i> 12,0	10	21,28
4	<i>emm</i> 12,22	03	6,38
5	<i>emm</i> 22,2	01	2,13
6	<i>emm</i> 44,0	06	12,76
7	<i>emm</i> 75,1	01	2,13
8	<i>emm</i> 58,0	01	2,13
9	<i>emm</i> 89,24	01	2,13
10	<i>emm</i> 104,0	08	17,02
11	<i>emm</i> 109,0	01	2,13
12	<i>emm</i> 109,1	06	12,76
13	<i>emm</i> 170,0	02	4,25
14	<i>emm</i> 170,1	01	2,13
15	<i>emm</i> 170,2	01	2,13
	Cộng	47	100

Các kết quả phân tích cho thấy mức độ phân bố các kiểu gen của *S. pyogenes* phân lập tại Việt Nam có sự khác biệt so với các khu vực địa lý khác. Ở các nước nhiệt đới có sự đa dạng hơn về các kiểu gen của *S. pyogenes*, không có kiểu gen chiếm ưu thế rõ ràng [10]. Khi so sánh 11 *emm* type xác định được trong nghiên cứu này với 51 *emm* type được xác định ở Mỹ vào năm 2000 ÷ 2005 thì chỉ có 6 *emm* typ giống nhau [9]. Có 4 *emm* type (*emm*12, *emm*4, *emm*22, *emm*89) trong 8 *emm* type phân lập được ở Đài Loan cũng được tìm thấy ở Việt Nam: có 40,43% các chủng phân lập được thuộc các type này [13]. Các chủng phổ biến ở Ethiopia và Việt Nam là *emm*12, *emm*22 và *emm*75.1; có 29,79% các chủng phân lập được thuộc các type này [12]. Chỉ có 2 trong số 46 *emm*-subtype (*emm* 44,0 và *emm* 58,0) của các chủng được phân lập trong giai đoạn 2005÷2007 ở Fiji, đã được tìm thấy ở Việt Nam [8]. Trong số các chủng *S. pyogenes* phân lập được, có 5/15 *emm* subtype chiếm ưu thế là *emm* 104,0; *emm* 109,1; *emm* 4,0; *emm* 12,0; *emm* 44,0 (chiếm 72,33%). Đáng chú ý các subtype của *S. pyogenes* ít gặp ở các nước là *emm* 104.0 và *emm*109,1 lại chiếm tỷ lệ tương đối cao (29,78) trong số các chủng phân lập được. Đây là sự đặc trưng cho sự đa dạng của các kiểu gen. Từ phân tích trên đây có thể đưa ra giả thuyết về việc tồn tại sự khác nhau giữa các kiểu gen lưu hành ở những vùng địa lý khác nhau và là thông tin để xây dựng chiến lược chế tạo vắc xin phòng bệnh liên cầu khuẩn nhóm A.

Có 54 chủng *S. dysgalactiae* subsp. *equisimilis* và *S. anginosus* được phân tích để xác định sự có mặt của các gen độc lực. Kết quả được trình bày trong bảng 8.

Bảng 8. Kết quả phân tích sự có mặt của các gen độc lực trong các chủng

Loài	Số chủng thử nghiệm	<i>scpA</i>	<i>lmb</i>	<i>nga</i>	<i>slo</i>
<i>S. dysgalactiae</i> subsp. <i>equisimilis</i>	9	9 (100%)	9 (100%)	9 (100%)	9 (100%)
<i>S. anginosus</i>	17	0	0	0	0
	28	0	28 (100%)	0	0

Bảng 8 cho thấy các gen *scpA*, *nga*, *lmb*, *slo* có mặt ở hầu hết các chủng *S. dysgalactiae* subsp. *equisimilis*, trong khi sự phổ biến của chúng ở các chủng *S. anginosus* lại không đồng nhất với nhau. Trong số 45 chủng *S. anginosus* phát hiện thấy 2 dòng di truyền: ở 17 chủng *S. anginosus* không thấy có mặt các gen độc lực nào; ở 28 chủng *S. anginosus* còn lại thì gen *lmb* có mặt ở cả 100%, còn các gen *scpA*, *nga*, *slo* không có mặt. So sánh với các tài liệu khác không phát hiện thấy gen *lmb* trong số các chủng *S. anginosus* phân lập được ở Đài Loan năm 2007÷2011 [13, 14]. Điều này cho thấy sự đa dạng về kiểu gen của các chủng *S. anginosus* theo sự có mặt của gen độc lực.

4. KẾT LUẬN

1. Nghiên cứu 1450 học sinh tiểu học gồm 734 nam (50,62%) và 716 nữ (49,38%) tại 6 địa phương đại diện các vùng miền của Việt Nam cho thấy tỷ lệ nhiễm liên cầu khuẩn gây tan huyết β ở học sinh là 9,38%, trong đó nhóm A là 3,45%, nhóm C là 0,55% và nhóm G là 5,38%. Tỷ lệ nhiễm liên cầu ở các địa phương khác nhau, cao nhất là Quảng Trị có tỷ lệ 25,5%, tiếp theo là Hải Phòng 10,80%, Thái Nguyên 9,00%, Hòa Bình 5,50%, Khánh Hòa và Tây Ninh 4,67%.

2. Tình trạng nhiễm liên cầu không liên quan đến giới tính của học sinh. Tồn thương mũi, họng và các tổ chức trong khoang miệng không liên quan đến tỷ lệ nhiễm liên cầu khuẩn, tuy nhiên tình trạng viêm nhiễm mạn tính họng và amygdal có xu hướng gia tăng tần suất gặp học sinh bị nhiễm liên cầu khuẩn.

3. Đã xác định được 11 *emm* type của các chủng *S. pyogenes*, các kiểu gen hiếm gặp như *emm* 104,0 và *emm* 109,1 chiếm tỷ lệ cao trong các chủng phân lập. Các chủng *S. anginosus* có tính đa dạng về kiểu gen theo sự có mặt của gen độc lực.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Nguyễn Thanh Phước, *Tình hình mang liên cầu khuẩn tan máu β nhóm A của học sinh từ 6 -15 tuổi tại Huyện Dương Minh Châu, Tây Ninh*, Chuyên đề tìm mạch số 4, 2010.
2. Nguyễn Thị Tuyền, Nguyễn Thị Ngân Anh, *Bước đầu nghiên cứu tình trạng nhiễm liên cầu nhóm A ở học sinh và sinh viên*, Tạp chí Y học dự phòng, tập 30 số 4, 2004.
3. Asam D., Spellerberg B., *Molecular pathogenicity of Streptococcus anginosus*. Molecular Oral Microbiology, 2014 Aug, **29**(4):145-55.
4. Behera B., Mathur P., Bhardwaj, N., Jain N., Misra M.C., Kapil A., Singh S., *Antibiotic susceptibilities, streptococcal pyrogenic exotoxin gene profiles among clinical isolates of group C or G Streptococcus dysgalactiae subsp equisimilis & of group G S.anginosus group at a tertiary care centre*, Indian Journal of Medical Research, 2014, **139**:438-445.
5. Chang Y.C., Lo H.H., *Identification, clinical aspects, susceptibility pattern, and molecular epidemiology of beta-haemolytic group G Streptococcus anginosus group isolates from central Taiwan*, Diagnostic Microbiology and Infectious Disease, 2013 Jul, **76**(3):262-265.

6. Dmitriev A., Hu Y.Y., Shen A.D., Suvorov A., Yang Y.H., *Chromosomal analysis of group B streptococcal clinical strains; bac gene-positive strains are genetically homogenous*, FEMS Microbiol Lett, 2002.
7. Horacio Lorado, Noelia Beratz, Claudia Hernandez, *Invasive infections due to group A, C and G streptococci in Argentina (1988 - 2012)*, International Scientific Conference: Current diagnostic and therapeutic dilemmas in the clinical management of Group A Streptococcal infections, (21-23 march 2013, Rom, Italy), p18.
8. Luca Agostino Vitali, Giovanni Gherardi, Maria Chiara Di Luca, *Changing patterns in Macrolide resistance and emm - types in Streptococcus pyogenes isolated in Italy during 2012*, International Scientific Conference: Current diagnostic and therapeutic dilemmas in the clinical management of Group A Streptococcal infections, (21-23 march 2013, Rom, Italy), p.18.
9. Shulman S.T., Tanz R.R., Kabat W., Kabat K., Cederlund E., Patel D., Li Z.Y., Sakota V., Dale J.B., Beall B., Surve U.S.S.P., *Group A streptococcal pharyngitis serotype surveillance in North America, 2000-2002*, Clinical Infectious Diseases, **39**:325-332.
10. Steer A.C., Magor G., Jenney A.W.J., Kado J., Good M.F., McMillan D., Batzloff M., Carapetis J.R., *Emm and C-Repeat Region Molecular Typing of Beta-Hemolytic Streptococci in a Tropical Country: Implications for Vaccine Development*, Journal of Clinical Microbiology, 2009, **47**:2502-2509.
11. Tapp J., Thollesson M., Herrmann B., *Phylogenetic relationships and genotyping of the genus Streptococcus by sequence determination of the RNase P RNA gene, rnpB*, International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2003, **53**:1861-1871.
12. Tewodros W., Kronvall G., *M protein gene (emm type) analysis of group a beta-hemolytic streptococci from Ethiopia reveals unique patterns*, Journal of Clinical Microbiology, 2005, **43**:4369-4376.
13. Wu P.C., Lo W.T., Chen S.J., Wang C.C., *Molecular characterization of Group A streptococcal isolates causing scarlet fever and pharyngitis among young children: A retrospective study from a northern Taiwan medical center*, Journal of Microbiology Immunology and Infection, 2014, **47**:304-310.
14. Дмитриев А.В., Ильясов Ю.Ю., *Геномный полиморфизм Streptococcus dysgalactiae subspecies equisimilis*, Медицинский академический журнал, 2012, **12**(2):90-96.

SUMMARY

EPIDEMIOLOGICAL AND GENETICAL CHARACTERISTICS OF β HEMOLYTIC STEPTOCOCCI IN PRIMARY SCHOOL PUPILS IN SOME AREAS OF VIETNAM

Beta hemolytic streptococci group A, C and G are bacteria that cause pharyngitis, lymphadenitis, pyoderma, erysipelas, toxic shock syndrome, etc which are commonly appeared in children of different ages. In order to study the epidemiological and genetical characteristics of β hemolytic streptococci in primary school pupils in some areas of Vietnam, a total of 1450 primary school pupils including 734 males (50.62%) and 716 females (49.38%) representing for six provinces of Vietnam was investigated. The results showed that the beta hemolytic streptococci infection rate in primary school pupils was 9.38%, in which group A, group C, and group G were 3.45%, 0.55%, and 5.38%, respectively. The highest and lowest rate of streptococcal infection rate was in Quang Tri (25.5%) and Tay Ninh (4.67%) respectively. Chronic pharyngitis and tonsillitis contributed to the increment of streptococcal infection. The 11 *emm* types of *S. pyogenes* strains were identified and it hypothesized that the different existence were caused by the diversity of genotypes in various geographical regions. Genetical diversity of *S. anginosus* strains has been detected based on toxic genes.

Từ khóa: Beta hemolytic streptococci, *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus dysgalactiae subsp.equisimilis*.

Nhận bài ngày 15 tháng 5 năm 2017

Hoàn thiện ngày 19 tháng 10 năm 2017

⁽¹⁾ Viện Y sinh nhiệt đới, Trung tâm Nhiệt đới Việt - Nga

⁽²⁾ Viện Y học thực nghiệm, Viện Hàn lâm Khoa học Nga