

XÁC ĐỊNH THÀNH PHẦN LOÀI *RICKETTSIA* TRÊN CHUỘT VÀ MỘT SỐ NGOẠI KÝ SINH TRÙNG Ở KHU VỰC ĐÔNG QUÂN MỘT SỐ ĐƠN VỊ QUÂN ĐỘI MIỀN BẮC

VÕ VIỆT CƯỜNG ⁽¹⁾, TRỊNH VĂN TOÀN ⁽¹⁾, HOÀNG ĐĂNG HIẾU ⁽¹⁾,
NGUYỄN THÀNH TRUNG ⁽¹⁾, LÊ VĂN CƯỜNG ⁽¹⁾, HOÀNG ĐỨC HẬU ⁽¹⁾

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Rickettsia là vi khuẩn Gram âm, ký sinh nội bào bắt buộc. *Rickettsia* là nguyên nhân chính gây ra bệnh *Rickettsioses* truyền nhiễm cấp tính có thể gây dịch. Bệnh sốt do *Rickettsia* là bệnh lây truyền qua vector, thông qua vết cắn của động vật chân đốt khác nhau bao gồm bọ ve, rận, bọ chét, ve [1]. Hiện nay có 27 loài *Rickettsia*, trong đó 17 loài gây bệnh ở người và động vật [2]. Dựa vào đặc điểm lâm sàng và tác nhân gây bệnh các loài *Rickettsia* được chia ra làm 3 nhóm chính: nhóm sốt nổi mụn (Spotted fever group-SFG), nhóm sốt phát ban (typhus group-TG) và nhóm sốt mò (Scrub typhus group-STG) [3]. Bệnh nhân nhiễm bệnh *Rickettsia* có thể gây biến chứng như viêm phổi, viêm màng não, suy thận cấp, suy đa tạng và có thể tử vong nếu không được phát hiện và điều trị kịp thời.

Động vật chân đốt y học bao gồm ve, bọ chét, mò là các vector quan trọng truyền bệnh rickettsioses. Bên cạnh đó các động vật gặm nhấm và thú nhỏ được xem là vật chủ nhiều loài *Rickettsia* [1]. *R. typhi*, *O. tsutsugamushi* và các tác nhân *Rickettsia* thuộc nhóm SFG như *R. honei*, *R. felis* đã được xác định là nguyên nhân gây bệnh cho người ở nhiều quốc gia Đông Á và Đông Nam Á [4]. Tại Indonesia, tỷ lệ huyết thanh động vật gặm nhấm dương tính cao 39,1% với sốt nổi mụn được ghi nhận ở một số vùng nông thôn của nước này, *R. felis* được phát hiện trên bọ chét chuột *X. cheopis* ở Indonesia [5]. Nghiên cứu trên 2.189 cá thể ve thuộc 19 loài tại Nhật Bản phát hiện 373 mẫu (17%) nhiễm *Rickettsia* spp.. Xác định được 5 loài *Rickettsia*: *R. asiatica*, *R. helvetica*, *R. monacensis*, *R. tamurae* và *Candidatus R. tarasevichiae*, một số loài thuộc nhóm SFG không xác định [6]. Đã phân lập được 5 loài hoặc kiểu gen trên mẫu ve thu thập tại tỉnh Khammouan (Lào) bao gồm: *R. tamurae*, *R. japonica*, *Rickettsia* sp. ATT, *Rickettsia* sp. Kagoshima6, và *Rickettsia* sp. TwKM01 được phân lập trên mẫu ve thu thập tại tỉnh Khammouan (Lào) [7].

Ở Việt Nam, thời gian gần đây đã có một số nghiên cứu về sự lưu hành của *Rickettsia* trên động vật gặm nhấm, ngoại ký sinh trùng và trên các bệnh nhân. Nghiên cứu tại 27 bệnh viện trong cả nước (2018-2019) các bệnh nhân ghi ngờ sốt do *Rickettsia*, ghi nhận nhiễm sốt mò, nhiễm sốt phát ban và ca sốt nổi mụn lần lượt là 85,8%, 11,9% và 1,8% [8]. Kết quả nghiên cứu sự lưu hành của *Rickettsia* SFG và *Rickettsia typhi* trên động vật gặm nhấm và ngoại ký sinh trùng ở Hà Giang lần lượt 19,3% và 10,8% [9]. Tại một số các đơn vị bộ đội thuộc các tỉnh Điện Biên, Sơn La, Phú Thọ, tỷ lệ dương tính với *Rickettsia* SFG trên chuột lần lượt là 31,8%, 15,2% và 17,1% [10]. DNA của vi khuẩn *R. felis* được phát hiện từ các mẫu ve và bọ chét ký

sinh trên chó ở Tây Nguyên với tỷ lệ 97,06% [11]. Trong nghiên cứu này chúng tôi tiến hành xác định thành phần các loài *Rickettsia* trên chuột và ngoại ký sinh trùng thu thập tại 4 đơn vị quân đội đóng quân tại Lạng Sơn, Nghệ An, Hải Dương và Bắc Giang.

2. ĐỐI TƯỢNG, PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu

14 mẫu DNA tổng số từ máu chuột và 15 mẫu DNA tổng số ngoại ký sinh trùng (ve, mò, bọ chét) dương tính với *Rickettsia* spp. bằng xét nghiệm real-time PCR. Mẫu chuột và ngoại ký sinh trùng thu thập tại 4 đơn vị quân đội đóng quân tại các tỉnh Lạng Sơn, Nghệ An, Hải Dương và Bắc Giang trong thời gian từ tháng 10/2021 đến tháng 5/2023, cụ thể như sau: 07 mẫu DNA tổng số máu chuột nhà (*Rattus tanezumi*), 04 mẫu DNA tổng số máu chuột đồng nhỏ (*R. losea*), 03 mẫu DNA tổng số máu chuột cống (*R. norvegicus*), 09 mẫu DNA tổng số loài ve bò *Boophylus microplus*, 03 mẫu DNA tổng số loài bọ chét *Ctenocephalides orientis*, 02 mẫu DNA tổng số loài bọ chét *C. felis felis*, 01 mẫu DNA tổng số loài mò *Laelaps (Laelaps) nuttalli*

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phương pháp nested PCR xác định loài *Rickettsia*

Các mẫu dương tính với *Rickettsia* bằng kỹ thuật real-time PCR được tiến hành nested PCR để giải trình tự. Mỗi sử dụng cho phản ứng nested PCR được dựa trên các gen đặc hiệu của *Rickettsia* là: *17-kDa*, *ompA*, *ompB* và *gltA* [12], [13]. Thông tin về trình tự các môi sử dụng, chu trình nhiệt, kích thước sản phẩm PCR được trình bày trong Bảng 1.

2.2.2. Tinh sạch sản phẩm nested PCR

Sản phẩm PCR được hiển thị bằng điện di trên gel agarose 1,5%, tiếp theo sản phẩm PCR được tinh sạch bằng bộ kit tinh sạch Jenjet PCR (Thermo, USA). Sau đó, được gửi đi giải trình tự bằng phương pháp Sanger tại công ty Macrogen Inc. (Daejeon, Korea).

2.2.3. Phân tích trình tự và dựng cây phát sinh chủng loại

Các trình tự được xử lý bằng phần mềm Bioedit và so sánh với các trình tự thông qua công cụ Blast-NCBI trên ngân hàng gen. Việc căn chỉnh trình tự, căn chỉnh cột và được thực hiện bằng phần mềm ClustalX2, cây phát sinh chủng loại được xây dựng bằng phần mềm MEGA-X (sử dụng phương pháp neighbor-joining) với chỉ số bootstrap 1.000.

2.3. Đạo đức trong nghiên cứu

Nghiên cứu của đề tài đã được Hội đồng Đạo đức trong nghiên cứu y sinh học của Trung tâm Nhiệt đới Việt - Nga thông qua theo giấy chấp thuận số 1533/CN-HĐĐĐ, ngày 24 tháng 5 năm 2021.

Bảng 1. Trình tự mỗi sử dụng trong phản ứng nested PCR

Phản ứng	Tên môi	Trình tự (5'-3')		Kích thước (bp)	Chu trình PCR (°C/giây)			
					Biến tính	Bắt mỗi	Kéo dài	Chu kỳ
<i>ompA</i> nested [12,13]	Rr190k. 71p	TGGCGAATATTTCTCCAAAA	Vòng 1	650	95/30	42/35	60/120	35
	Rr190k. 720n	TGCATTTGTATTACCTATTGT						
	Rr190k. 71p	TGGCGAATATTTCTCCAAAA	Vòng 2	532	95/30	48/60	65/120	35
	Rr190k. 602n	AGTGCAGCATTTCGCTCCCCCT						
<i>ompB</i> nested [12,13]	Rc.rompB.4362p	GTCAGCGTTACTTCTTCGATGC	Vòng 1	475	95/15	54/15	72/30	35
	Rc.rompB.4836n	CCGTACTCCATCTTAGCATCAG						
	Rc.rompB.4496p	CCAATGGCAGGACTTAGCTACT	Vòng 2	267	95/15	56/15	72/30	35
	Rc.rompB.4762n	AGGCTGGCTGATACACGGAGTAA						
<i>l7-kDa</i> nested [12,13]	R17122	CAGAGTGCTATGAACAAACAAGG	Vòng 1	388	95/15	52/15	66/30	35
	R17500	CTTGCCATTGCCCATCAGGTTG						
	Tz 15	TTC TCA ATT CGG TAA GGG C	Vòng 2	246	95/15	52/15	66/30	35
	Tz 16	ATA TTG ACC AGT GCT ATT TC						
<i>gltA</i> nested [12,13]	RpCS.877p	GGGGGCCTGCTCACGGCGG	Vòng 1	381	95/15	54/15	72/30	35
	RpCS.1258n	ATTGCAAAAAGTACAGTGAACA						
	RpCS.896p	GGCTAATGAAGCAGTGATAA	Vòng 2	337	95/15	54/15	72/30	35
	RpCS.1233n	GCGACGGTATACCCATAGC						

3. KẾT QUẢ VÀ BÀN LUẬN

3.1. Kết quả phản ứng Nested-PCR nhân gen *ompA*, *ompB*, *17-kDa* và *gltA*

Các mẫu dương tính với real-time PCR sau đó được tiến hành phản ứng Nested-PCR, các cặp mồi sử dụng được thiết kế dựa trên các gen đặc hiệu *ompA*, *ompB*, *17-kDa* và *gltA* của *Rickettsia*. Đây là 4 vùng gen được nhiều nghiên cứu sử dụng trong việc xác định loài ở *Rickettsia* do nó cho phép xác định về khoảng cách tiến hóa giữa các loài *Rickettsia* có độ tin cậy cao. Gen *ompA*, *ompB* là hai gen mã hóa cho protein màng ngoài (Outer membrane protein) được sử dụng để phát hiện *Rickettsia* nhóm SFG. Gen *17-kDa* (17 kDa lipoprotein precursor antigen gene) và *gltA* (citrate synthase protein) là hai protein được sử dụng trong phát hiện *Rickettsia* TG. Kết quả phản ứng nhân 04 gen đặc hiệu của *Rickettsia* spp. được trình bày ở (Bảng 2).

Bảng 2. Kết quả *Rickettsia* trên mẫu chuột, ve, bọ chét, mò

STT	Mã số/tên loài vector, vật chủ	Địa điểm thu mẫu	Giá trị Ct real time PCR	Kết quả Nested-PCR			
				<i>ompA</i>	<i>ompB</i>	<i>17-kDa</i>	<i>gltA</i>
1	M02/ <i>R. tanezumi</i>	Lạng Sơn	28,76	-	+	-	+
2	M47/ <i>R. tanezumi</i>	Lạng Sơn	37,34	-	-	-	-
3	M57/ <i>R. tanezumi</i>	Hải Dương	32,20	-	+	-	+
4	M110/ <i>R. losea</i>	Hải Dương	34,18	-	-	-	-
5	M106/ <i>R. losea</i>	Hải Dương	38,68	-	-	-	-
6	M140/ <i>R. losea</i>	Nghệ An	31,50	-	+	-	-
7	M189/ <i>R. tanezumi</i>	Lạng Sơn	34,18	-	-	-	-
8	M202/ <i>R. tanezumi</i>	Lạng Sơn	38,40	-	-	-	-
9	M239/ <i>R. tanezumi</i>	Lạng Sơn	33,98	-	+	-	-
10	M316/ <i>R. norvergicus</i>	Hải Dương	37,46	-	-	-	-
11	M326/ <i>R. norvergicus</i>	Nghệ An	38,60	-	-	-	-
12	M452/ <i>R. norvergicus</i>	Hải Dương	38,45	-	-	-	-
13	M544/ <i>R. losea</i>	Nghệ An	38,41	-	-	-	-
14	M653/ <i>R. tanezumi</i>	Bắc Giang	39,11	-	-	-	-
15	BC04/ <i>C. feliss</i>	Nghệ An	38,41	-	-	-	-
16	BC05/ <i>C. feliss</i>	Nghệ An	37,00	-	-	-	-
17	VE28/ <i>B. microplus</i>	Nghệ An	38,05	-	-	-	-
18	VE31/ <i>B. microplus</i>	Nghệ An	38,07	-	+	-	-
19	VE50/ <i>B. microplus</i>	Bắc Giang	22,64	+	+	+	+
20	VE52/ <i>B. microplus</i>	Bắc Giang	35,31	-	+	-	-
21	BC57/ <i>C. orientis</i>	Bắc Giang	38,28	-	+	-	-

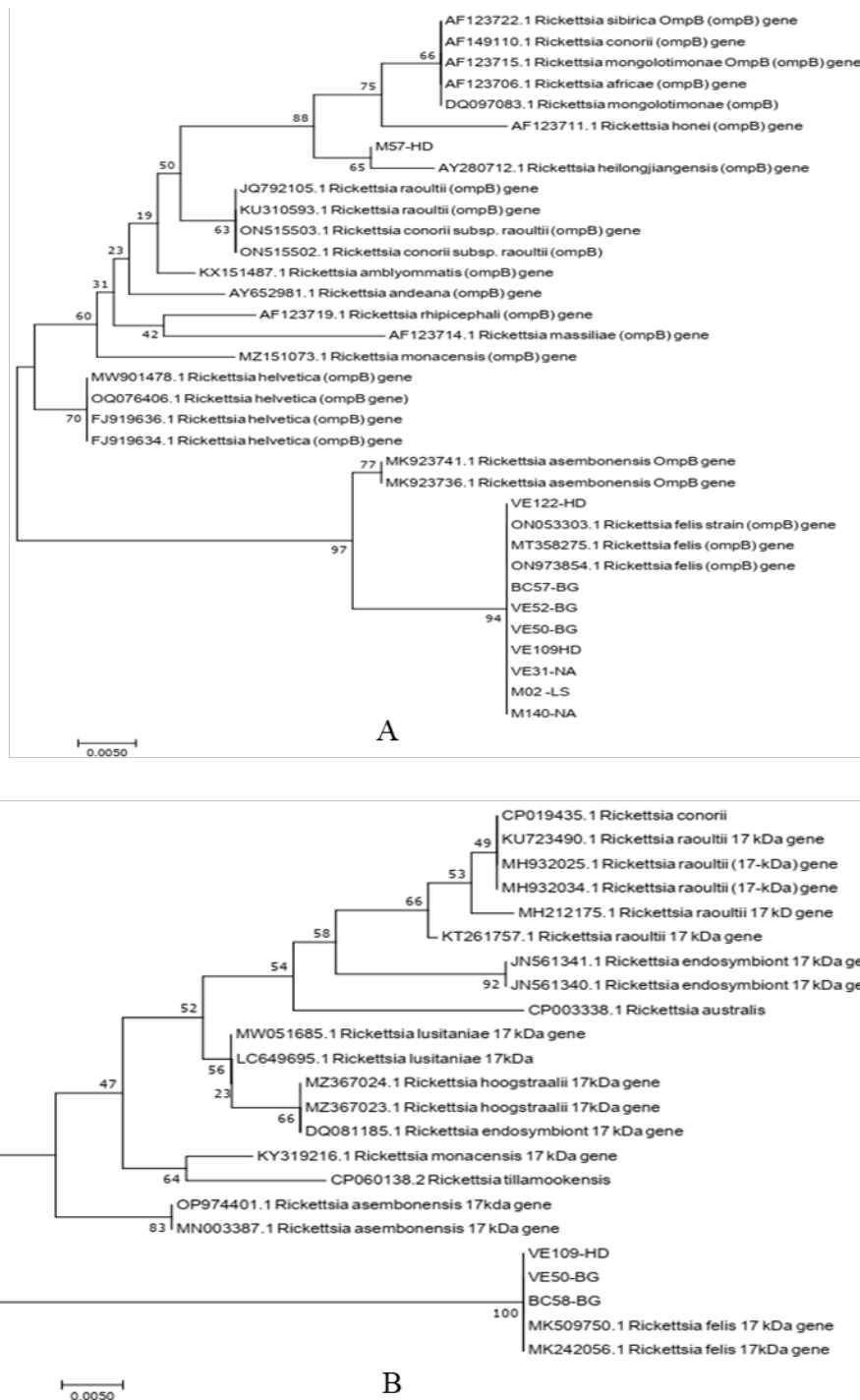
STT	Mã số/tên loài vector, vật chủ	Địa điểm thu mẫu	Giá trị Ct real	Kết quả Nested-PCR			
22	BC58/ <i>C. orientis</i>	Bắc Giang	38,41	-	-	+	-
23	VE66/ <i>B. microplus</i>	Bắc Giang	37,00	-	-	-	-
24	VE89/ <i>B. microplus</i>	Bắc Giang	38,4	-	-	-	-
25	VE109/ <i>B. microplus</i>	Hải Dương	23,40	+	+	+	+
26	VE122/ <i>B. microplus</i>	Hải Dương	37,87	-	+	-	-
27	VE125/ <i>B. microplus</i>	Hải Dương	38,53	-	-	-	-
28	BC152/ <i>C. orientis</i>	Hải Dương	39,40	-	-	-	-
29	MO155/ <i>L. (L.) nuttalli</i>	Hải Dương	38,55	-	-	-	-
Tổng số mẫu (+)				2	10	3	4

Kết quả Bảng 2 cho thấy gen *ompB*, *gltA*, *17-kDa* và *ompA* được khuếch đại lần lượt trong 10, 04, 03 và 02 mẫu chuột và mẫu ngoại ký sinh trùng. Phần lớn các mẫu DNA khuếch đại được gen đặc có giá trị Ct dưới chu kỳ 35. Điều này có thể giải thích các mẫu DNA tổng số phát hiện *Rickettsia* spp với giá trị Ct trên chu kỳ 35 có số lượng vi khuẩn thấp, dưới ngưỡng khuếch đại của kỹ thuật Nested-PCR. Trong số 10 mẫu DNA khuếch đại được gen *ompB* có 04 mẫu chuột *R. tanezumi*, 05 mẫu ve *B. microplus* và 01 mẫu bộ chết *C. orientis*. Gen *gltA* được tìm thấy trong 04 mẫu, trong đó có 02 mẫu chuột *R. tanezumi* và 02 mẫu ve *B. microplus*. Gen *17-kDa* phát hiện trong 03 mẫu, gồm 02 mẫu ve và 01 mẫu bộ chết *C. orientis*. Gen *ompA* phát hiện trên 02 mẫu ve.

3.2. Phân tích trình tự và xây dựng cây phát sinh chủng loại

Sản phẩm Nested-PCR được tinh sạch bằng Kit tinh sạch Jenjet PCR theo hướng dẫn của nhà sản xuất và giải trình tự tại công ty Macrogen (Hàn Quốc). Kết quả thu được 15 trình tự bao gồm 09 trình tự gen *ompB* và 03 trình tự gen *17-kDa*, 02 trình tự gen *gltA* và 01 trình tự gen *ompA*. Cây phát sinh chủng loại được xây dựng dựa trên những trình tự thu thập được ở 4 gen này kết hợp với các trình tự gần gũi thu nhận trên GenBank.

Kết quả phân tích với cây phát sinh chủng loại được xây dựng dựa trên một phần trình tự gen *ompB* khi so sánh với các trình tự tham chiếu trên GenBank (Hình 1A) cho thấy 08/09 trình tự gen *ompB* có độ tương đồng 100% với các trình *Rickettsia felis* đã công bố, 01 trình tự gen *ompB* trong mẫu chuột M57 thu thập có mối quan hệ gần gũi với trình tự gen *ompB* loài *Rickettsia heilongjiangensis* có mã số trên genbank là AY280712 với độ tương đồng 99,5%. Với gen *17-kDa*, đã khuếch đại và giải trình tự 03 đoạn gen từ mẫu ve VE50, VE109 và mẫu bộ chết BC58. Kết quả phân tích cây phát sinh chủng loại (Hình 1B) cho thấy cả 3 mẫu này đều thuộc loài *Rickettsia felis* với độ tương đồng 100%. Với gen *ompA*, *gltA* chỉ khuếch đại được ở mẫu ve VE50 và mẫu VE109.



Hình 1. Cây phát sinh chủng loại vi khuẩn *Rickettsia* dựa trên một phần trình tự của *ompB* (A) và một phần trình tự gen *17-kDa* (B) bằng phương pháp neighbor-joining với chỉ số bootstrap 1000

Kết quả xây dựng cây phát sinh chủng loại dựa trên 2 gen *ompA*, *gltA* cho thấy, DNA tổng số ở cả 2 mẫu ve VE50 và VE109 đều xuất hiện sự có mặt của vi khuẩn *Rickettsia felis* do có độ tương đồng 100% và thuộc cùng nhánh phân loại với các trình tự *Rickettsia felis* khác đã công bố trên GenBank (kết quả cây phát sinh chủng loại 02 gen *ompA*, *gltA* không thể hiện trong bài báo).

R. felis là một mầm bệnh *rickettsia* do côn trùng mới nổi và là tác nhân gây bệnh sốt phát ban do bọ chét. Lần đầu tiên được mô tả là mầm bệnh từ người Hoa Kỳ vào năm 1991, *R. felis* hiện được xác định trên toàn thế giới và được coi là nguyên nhân gây sốt phổ biến ở Châu Phi [14, 15]. Tại Việt Nam gần đây có một số công bố về sự lưu hành của *R. felis* cũng như *R. heilongjiangensis* tại Hà Giang, khu vực Tây Nguyên. Kết quả này là tương đồng với các nghiên cứu khác, khi mà các nghiên cứu trước đây đã khẳng định rằng *R. felis* là loài phổ biến trên chó, mèo [16] và mới đây nhất trong nghiên cứu của Nguyễn Quốc Hiếu năm 2023, đã xác định 97,06% vi khuẩn *Rickettsia* spp. được tìm thấy trong các mẫu ve và bọ chét ký sinh trên chó mèo ở Tây Nguyên là loài *R. felis* [11].

Tỷ lệ lưu hành *Rickettsia* tại các đơn vị quân đội thường có xu hướng thấp hơn khi so sánh với tỷ lệ này ngoài cộng đồng dân cư. Lý do là trong các đơn vị quân đội công tác phòng chống dịch được thực hiện thường xuyên và chặt chẽ hơn. Trong nghiên cứu này mặc dù chưa có ca bệnh được ghi nhận nhưng đang có rất nhiều mầm bệnh *Rickettsia felis* và vector truyền bệnh như ve bò *B. microplus*, bọ chét mèo *C. felis felis*, *C. orientis* trong 4 đơn vị thuộc Quân khu 1, Quân khu 3 và Quân khu 4. Việc chưa phát hiện ca bệnh có thể do chưa có kỹ thuật phát hiện, chưa được quan tâm chẩn đoán hoặc chưa có thông tin đầy đủ. Đây là những sinh vật sống gần người, quá trình sinh hoạt và huấn luyện của bộ đội có thể tiếp xúc với các vector truyền bệnh và có thể nhiễm bệnh. Do vậy, việc dự phòng và điều trị bệnh do *Rickettsia* cho bộ đội cần được quan tâm tại những đơn vị này.

4. KẾT LUẬN

Nghiên cứu đã xác định 9/29 (31%) mẫu vi khuẩn *Rickettsia* trong các mẫu DNA tổng số chuột và ngoại ký sinh trùng là thuộc loài *Rickettsia felis*. 01/29 (3,5%) mẫu có mức độ tương đồng 99,5% với loài *Rickettsia heilongjiangensis*. Kết quả nghiên cứu đã chỉ ra rằng *Rickettsia felis* là loài lưu hành chủ yếu tại 4 đơn vị quân đội đóng quân ở Lạng Sơn, Nghệ An, Hải Dương và Bắc Giang.

Lời cảm ơn: Nghiên cứu được hoàn thành nhờ sự tài trợ kinh phí của Bộ Quốc phòng thông qua đề tài “Nghiên cứu sự lưu hành vector truyền bệnh, vi sinh vật gây bệnh ở một số đơn vị quân đội hoạt động khu vực phía Bắc Việt Nam và hoàn thiện test nhanh phát hiện nhiễm *Orientia tsutsugamushi*”.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Parola P., et al., *Update on tickborne rickettsioses around the world: A geographic approach*, Clin Microbiol Rev., 2013, **26**(4):657-702. DOI: 10.1128/CMR.00032-13
2. Fang R., Blanton L. S., Walker D. H., *Rickettsiae as emerging infectious agents*, Clin Lab Med., 2017, **37**(2):383-400. DOI: 10.1016/j.cll.2017.01.009

3. Siriphan Gonwong, Carl J. Mason, *Nationwide Seroprevalence of Scrub Typhus, Typhus and Spotted Fever in Young Thai Men*, Am. J. Trop. Med. Hyg., 2022 May, **106**(5):1363-1369. DOI: 10.4269/ajtmh.20-1512
4. Ngamprasertchai T., Hanboonkunupakarn B., Piyaphanee W., *Rickettsiosis in Southeast Asia: Summary for international travellers during the COVID-19 Pandemic*, Trop. Med. Infect. Dis., 2022 Jan 27, **7**(2):18. DOI: 10.3390/tropicalmed7020018
5. Widjaja S., Williams M., Winoto I., Farzeli A., Stoops C. A., Barbara K. A., Richards A. L., Blair P. J., *Geographical assessment of rickettsioses in Indonesia*, Vector Borne Zoonotic Dis, 2016 Jan, **16**(1):20-25. DOI: 10.1089/vbz.2015.1840
6. Thu M. J., et al., *Diversity of spotted fever group rickettsiae and their association with host ticks in Japan*, Sci. Rep., 2019 Feb 6, **9**(1):1500. DOI: 10.1038/s41598-018-37836-5.
7. Taylor A. J., et al., *Large-Scale Survey for Tickborne Bacteria, Khammouan Province, Laos*, Emerg. Infect. Dis., 2016 Sep, **22**(9):1635-9. DOI: 10.3201/eid2209.151969.
8. Nguyen Vu Trung, et al., *Systematic surveillance of rickettsial diseases in 27 hospitals from 26 provinces throughout Vietnam*, Tropical Medicine and Infectious Disease, 2022, **7**:88. DOI: 10.3390/tropicalmed7060088
9. Lê Thị Lan Anh, et al., *Phát hiện DNA của vi khuẩn Rickettsia và Orientia tsutsugamushi trên động vật gặm nhấm và ngoại ký sinh trùng ở Hà Giang*, Tạp chí Công nghệ Sinh học, 2020, **18**(3):543-552.
10. Trịnh Văn Toàn, et al., *Xác định thành phần loài, sự hiện diện của các tác nhân gây bệnh Rickettsia SFG và Orientia tsutsugamushi trên chuột tại ba tỉnh trên địa bàn quân khu 2*, Tạp chí Khoa học và Công nghệ nhiệt đới, 2022, **26**:101-109. DOI: 10.58334/vrtc.jtst.n26.10
11. Nguyen H. Q., D. J. C. I. Ng-Nguyen, *Rickettsia felis and species of fleas parasitizing on household dogs in the Central Highlands of Vietnam*, Microbiology, and I. Diseases, 2023, **92**:101926. DOI: 10.1016/j.cimid.2022.101926
12. Noh Y, Lee YS, Kim HC, et al., *Molecular detection of Rickettsia species in ticks collected from the southwestern provinces of the Republic of Korea*, Parasit Vectors, 2017, **10**(1):20. DOI: 10.1186/s13071-016-1955-x
13. Portillo A., et al., *Genetic characterisation of ompA, ompB and gltA genes from Candidatus Rickettsia rioja*, Clin. Microbiol. Infect, 2009, **15** (Suppl 2):307-308. DOI: 10.1111/j.1469-0691.2008.02250.x
14. Chriefer M. E., Sacci J. B., Jr. Dumler J. S., Bullen M. G., Azad A. F., *Identification of a novel rickettsial infection in a patient diagnosed with murine typhus*, J. Clin. Microbiol., 1994, **32**(4):949-54. DOI: 10.1128/jcm.32.4.949-954.1994

15. Brown L. D., Macaluso K. R., *Rickettsia felis*, an Emerging Flea-Borne Rickettsiosis, Curr. Trop. Med. Rep., 2016, **3**:27-39. DOI: 10.1007/s40475-016-0070.
16. N. N. Dinh, H. Sze-Fui, H. M. Thi, N. V. Thi, R. Rees, *Domestic dogs are mammalian reservoirs for the emerging zoonosis flea-borne spotted fever, caused by Rickettsia felis*, Sci. Rep., 2020, **10**:4151. DOI: 10.1038/s41598-020-61122-y

SUMMARY

DETERMINATION OF THE RICKETTSIA SPECIES IN RATS AND ECTOPARASITES COLLECTED IN SOME MILITARY UNITS IN NORTHERN VIETNAM

Rickettsia, a gram-negative bacterium, and an obligate intracellular bacterium, can potentially cause fatal acute fever if not promptly detected and treated. It's often transmitted to humans by arthropods like ticks, fleas, and lice. Rodents and small mammals can serve as key hosts for various *Rickettsia* species. Our study aimed to identify *Rickettsia* species using nested PCR and gene sequencing of *ompA*, *ompB*, *17-kDa*, and *gltA* genes based on 29 DNA samples, which tested positive for *Rickettsia* spp collected from mice, ticks, fleas, and lice at military units in Lang Son, Nghe An, Hai Duong, and Bac Giang, The phylogenetic analysis showed that 9/29 (31%) of *Rickettsia* samples belonged to *Rickettsia felis* species, 1/29 (3.5%) of *Rickettsia* samples exhibited a 99.5% *ompB* gene sequence similarity to *Rickettsia heilongjiangensis* species

Keywords: *17-kDa*, *gltA*, *Nested-PCR*, *ompA*, *ompB*, *Rickettsia*.

Nhận bài ngày 22 tháng 8 năm 2023

Phản biện xong ngày 28 tháng 8 năm 2023

Hoàn thiện ngày 30 tháng 8 năm 2023

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

Liên hệ: **Võ Viết Cường**

Viện Y sinh Nhiệt đới, Trung tâm Nhiệt đới Việt - Nga
Số 63 Nguyễn Văn Huyền, Nghĩa Đô, Cầu Giấy, Hà Nội
Điện thoại: 0982201991; Email: cuongvrtc@gmail.com