

## **Determination of antibiotic susceptibility and genomic analysis of *Staphylococcus aureus* isolated from food poisoning in Hanoi, Vietnam**

Nguyen Tuan Thanh<sup>1</sup>, Ninh Thi Hanh<sup>1</sup>, Vu Khanh Van<sup>1</sup>, Le Thi Phuong Thao<sup>1</sup>,  
Nguyen Thanh Trung<sup>1</sup>, Bui Thi Viet Ha<sup>2</sup>, Tran Phuong Thao<sup>3</sup>, Pham Thi My Hanh<sup>4</sup>,  
Le Thi Hong Hao<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup> National Institute for Food Control, 65 Pham Than Duat Str., Hanoi, Vietnam

<sup>2</sup> Hanoi University of Science, 334 Nguyen Trai Str., Hanoi, Viet Nam

<sup>3</sup> Viet Nam National Children's Hospital, 18/879 La Thanh Str., Hanoi, Vietnam

<sup>4</sup> Thai Binh Food Administration, 239 Hai Ba Trung Str., Thai Binh, Vietnam

*Staphylococcus aureus* is a significant cause of food poisoning worldwide, with increasing concern due to its drug resistance. This study aimed to determine the antibiotic susceptibility profiles and conduct genomic analysis of two *S. aureus* isolates from food poisoning in Hanoi, Vietnam. The susceptibility testing applied the disk diffusion method for eight commonly used antibiotics. Whole-genome sequencing was conducted on both strains using the Illumina MiSeq platform, and *de novo* assembly was performed on SPAdes. The obtained data were compared with the databases from bioinformatic analysis tools such as ABRicate, PlasmidFinder, and VirulenceFinder to screen for antibiotic-resistance genes, plasmids, and virulence factors of bacteria. Results revealed whole resistance to erythromycin and tetracycline in both strains. Phylogenetic analysis revealed that they shared similar lineages, with sequence type ST188 (spa type t416) responsible for this outbreak. Among two strains, we identified five resistance genes including *tetL*, *tet38*, *ermC*, *aph(3')-III*, and *ant(6)-Ia*, that align with the observed bacteria resistance. These strains also possessed various virulence factors associated with the infection and pathogenesis such as *aur*, *hlg*, *spl*, *luk*, *sak* genes. Notably, three distinct types of plasmids including rep10, rep22, and repUS22 were detected carrying one or more antibiotic resistance and virulence patterns in the sequences. This study provides valuable insights into the antibiotic susceptibility and genetic characteristics of *S. aureus* isolated from food poisoning in Hanoi. These findings will inform local public health strategies and contribute to the global understanding of *S. aureus* evolution and dissemination.

## Xác định mức độ nhạy cảm kháng sinh và phân tích hệ gen của chủng *Staphylococcus aureus* phân lập từ vụ ngộ độc thực phẩm tại Hà Nội, Việt Nam

Nguyễn Tuấn Thành<sup>1</sup>, Ninh Thị Hạnh<sup>1</sup>, Vũ Khánh Vân<sup>1</sup>, Lê Thị Phương Thảo<sup>1</sup>,  
Nguyễn Thành Trung<sup>1</sup>, Bùi Thị Việt Hà<sup>2</sup>, Trần Phương Thảo<sup>3</sup>, Phạm Thị Mỹ  
Hạnh<sup>4</sup>, Lê Thị Hồng Hảo<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup> Viện Kiểm nghiệm An toàn vệ sinh thực phẩm Quốc gia, 65 Phạm Thận Duật, Hà Nội, Việt Nam

<sup>2</sup> Đại học Khoa học Tự nhiên, 334 Nguyễn Trãi, Hà Nội, Việt Nam

<sup>3</sup> Bệnh viện Nhi Trung ương, 18/879 La Thành, Hà Nội, Việt Nam

<sup>4</sup> Chi cục an toàn vệ sinh thực phẩm tỉnh Thái Bình, 239 Hai Bà Trưng, Thái Bình, Việt Nam

*Staphylococcus aureus* là nguyên nhân gây ngộ độc thực phẩm quan trọng, ngày càng được quan tâm trên toàn thế giới do khả năng kháng thuốc của chúng. Nghiên cứu này được thực hiện nhằm xác định tính nhạy cảm kháng sinh và mô tả đặc điểm hệ gen của hai chủng *S. aureus* phân lập từ vụ ngộ độc thực phẩm tại Hà Nội, Việt Nam. Thử nghiệm tính nhạy cảm được thực hiện bằng phương pháp khuếch tán đĩa thạch sử dụng tám loại kháng sinh thường dùng trong điều trị lâm sàng. Giải trình tự toàn bộ hệ gen vi khuẩn được thực hiện trên hệ thống Illumina MiSeq và quá trình lắp ráp *de novo* được tiến hành trên SPAdes. Dữ liệu thu được được so sánh với cơ sở dữ liệu của các phần mềm phân tích tin sinh như Abricate, PlasmidFinder, VirulenceFinder để sàng lọc các gen kháng kháng sinh, plasmid và các yếu tố độc lực của vi khuẩn. Từ đó, phân tích phát sinh loài cho thấy hai chủng phân lập được có chung dòng dõi, với kiểu trình tự ST188 (kiểu *spa* t416) chịu trách nhiệm chính cho vụ bùng phát này. Kết quả kháng kháng sinh cho thấy khả năng kháng hoàn toàn của vi khuẩn với erythromycin và tetracycline. Phân tích hệ gen đã xác định được năm gen kháng kháng sinh bao gồm *tetL*, *tet38*, *ermC*, *aph (3') -III* và *ant (6) -Ia*, tương ứng với khả năng đề kháng thực tế. Hai chủng vi khuẩn này đồng thời sở hữu nhiều yếu tố độc lực liên quan đến quá trình nhiễm trùng và sinh bệnh như các gen *aur*, *hlg*, *spl*, *luk*, *sak*. Đáng chú ý, ba loại plasmid riêng biệt được tìm thấy có liên quan chặt chẽ tới các yếu tố kháng kháng sinh và độc lực của vi khuẩn. Nghiên cứu này cung cấp những số liệu, dữ liệu có giá trị về kiểu hình kháng kháng sinh và đặc điểm di truyền của *S. aureus* được phân lập từ vụ ngộ độc thực phẩm tại Hà Nội. Kết quả nghiên cứu là nguồn thông tin quan trọng cho chiến lược y tế công cộng tại địa phương và đóng góp vào sự hiểu biết toàn cầu về quá trình tiến hóa và phát tán của *S. aureus*.