

Ứng dụng giải trình tự toàn bộ hệ gen bằng công nghệ Nanopore trong phân tích mối liên hệ di truyền giữa các chủng *Salmonella* spp. liên quan đến vụ ngộ độc thực phẩm do bánh mì tại Việt Nam

Pham Ngoc Ha¹, Nguyen Phuong Thao¹, Ha Anh Thu¹, Do Duc Huy², Nguyen Thanh Trung^{1*}

¹*Viện Kiểm nghiệm an toàn vệ sinh thực phẩm quốc gia, Hà Nội, Việt Nam*

²*Trường Đại học Khoa học và Công nghệ Hà Nội, Việt Nam*

Tóm tắt

Salmonella spp. là một trong những tác nhân quan trọng gây ngộ độc thực phẩm, trong khi các phương pháp vi sinh truyền thống chủ yếu cho phép phát hiện và phân lập nhưng hạn chế trong đánh giá mối liên hệ di truyền giữa các chủng. Nghiên cứu này ứng dụng giải trình tự toàn bộ hệ gen bằng công nghệ Nanopore để đánh giá mối liên hệ di truyền giữa các chủng *Salmonella* spp. phân lập trong một vụ ngộ độc thực phẩm liên quan đến bánh mì tại Việt Nam. Tổng số 16 mẫu liên quan đến vụ việc, gồm mẫu thực phẩm và mẫu bệnh phẩm, được xét nghiệm các chỉ tiêu vi sinh và độc tố thường gặp trong điều tra ngộ độc thực phẩm; 10/16 mẫu dương tính với *Salmonella* spp. Các chủng phân lập từ mẫu dương tính được giải trình tự toàn bộ hệ gen và phân tích tin sinh học về chất lượng dữ liệu đọc, lắp ráp hệ gen, kiểu huyết thanh, MLST, plasmid, gen kháng kháng sinh và khoảng cách SNP. Cả 10 chủng đều được xác định là *Salmonella enterica* serovar Enteritidis, thuộc ST11 và có hồ sơ di truyền tương đồng. Khoảng cách SNP giữa các chủng dao động từ 0 đến 6 SNP; một số chủng từ thực phẩm có kiểu SNP giống hệt chủng từ bệnh phẩm. Kết quả cho thấy các chủng phân lập từ thực phẩm và bệnh phẩm có mối liên hệ di truyền chặt chẽ, cung cấp bằng chứng hệ gen hỗ trợ giả thuyết dịch tễ học về một nguồn phơi nhiễm chung trong vụ việc.

Từ khóa: *Salmonella* spp., ngộ độc thực phẩm, bánh mì, giải trình tự Nanopore, mối liên hệ di truyền

Application of Nanopore whole-genome sequencing to analyze the genetic relatedness among *Salmonella* spp. isolates from a bánh mì-associated foodborne outbreak in Vietnam

Pham Ngoc Ha¹, Nguyen Phuong Thao¹, Ha Anh Thu¹, Do Duc Huy², Nguyen Thanh Trung^{1*}

¹*National Institute for Food Control, Hanoi, Vietnam*

²*University of Science and Technology of Hanoi, Vietnam*

Abstract

Salmonella spp. are among the major causative agents of foodborne illness. Conventional microbiological methods are effective for pathogen detection and isolation but have limited ability to assess the genetic relatedness among isolates recovered from different samples. This study applied Nanopore whole-genome sequencing to assess the genetic relatedness among *Salmonella* spp. isolates recovered during a bánh mì-associated foodborne outbreak in Vietnam. A total of 16 outbreak-associated samples, including food and clinical specimens, were tested for common microbiological hazards and bacterial toxins relevant to foodborne outbreak investigations. Ten of the 16 samples were positive for *Salmonella* spp. The recovered *Salmonella* isolates were subjected to whole-genome sequencing and bioinformatics analysis to assess read quality, genome assembly characteristics, serotype, multilocus sequence type, plasmid profile, antimicrobial resistance-associated genes, and pairwise SNP distances. All ten isolates were identified as *Salmonella enterica* serovar Enteritidis, belonged to sequence type ST11, and showed highly similar genetic profiles. SNP analysis revealed pairwise distances of 0-6 SNPs, with several food isolates showing identical SNP profiles to isolates recovered from clinical specimens. These findings indicate a close genetic relationship between

the food and clinical isolates and provide genomic evidence supporting the epidemiological hypothesis of a common exposure source in the outbreak.

Keywords: *Salmonella spp.*, foodborne outbreak, bánh mì, Nanopore sequencing, genetic relatedness