BƯỚC ĐẦU KHẢO SÁT TÍNH KHÁNG KHÁNG SINH Ở VI KHUẨN PHÂN LẬP TỪ MỘT SỐ MẪU NEM CHUA TRÊN ĐỊA BÀN HÀ NỘI

Nguyễn Thị Thu Hiền[1], Trần Đỗ Quang Dương[2], Nguyễn Vĩ Đăng[2],
Nguyễn Văn Phượng[2], Phạm Hoàng Nam[2*]
[*]Tác giả liên hệ, Email: pham-hoang.nam@usth.edu.vn. ORCID: 0000-0003-3963-1988

Ngày tòa soạn nhận được bài báo: 03/03/2026
Ngày phản biện đánh giá: 25/05/2026
Ngày bài báo được duyệt đăng: 25/06/2026
DOI: 10.59266/houjs.2026.1309

Tóm tắt: *Nem chua là sản phẩm thịt lợn lên men tự nhiên truyền thống, tiêu thụ trực tiếp không qua gia nhiệt, có thể đóng vai trò là nguồn mang vi khuẩn kháng kháng sinh (KKS) trong chuỗi thực phẩm. Nghiên cứu này đánh giá tổng số vi khuẩn hiếu khí, tỉ lệ vi khuẩn KKS và kiểu hình đa kháng thuốc (Multidrug resistant - MDR) trong 14 mẫu nem chua thu thập tại Hà Nội trong tháng 1-4/2026. Tất cả 14 mẫu (100%) vượt giới hạn QCVN 8-3:2012/BYT, tổng số vi khuẩn hiếu khí dao động từ $5,9\times10^5$ đến $3,43\times10^6$ CFU/g và tỉ lệ vi khuẩn KKS trung bình 11,5%. Mười chín chủng vi khuẩn KKS được phân lập và thử nghiệm tính nhạy cảm kháng sinh bằng phương pháp Kirby-Bauer với 6 kháng sinh thuộc 5 nhóm cho tỉ lệ MDR 73,7% (14/19), và không phát hiện chủng kháng với toàn bộ kháng sinh được thử nghiệm. Kháng tetracycline và ciprofloxacin đều ở mức 79%; trong khi đó kháng ertapenem đạt 53%. Kết quả MALDI-TOF MS ghi nhận 4 loài được định danh: Enterococcus faecalis, Enterococcus faecium, Kurthia gibsonii và Escherichia coli. Nghiên cứu bước đầu cung cấp dữ liệu về sự xuất hiện của các vi khuẩn MDR trong nem chua đường phố tại Hà Nội đồng thời cho thấy sự cần thiết tiến hành đánh giá KKS trong thực phẩm lên men truyền thống theo định hướng một sức khỏe - one health.*

Từ khóa: *đa kháng thuốc, nem chua, thực phẩm lên men, vi khuẩn kháng kháng sinh*

I. Đặt vấn đề

Theo báo cáo của Tổ chức Y tế Thế giới (WHO), kháng kháng sinh (KKS) được xếp vào nhóm những mối đe dọa sức khỏe toàn cầu nghiêm trọng nhất trong năm 2025 (WHO, 2015). Thực phẩm lên men ngày càng được nhận diện là nguồn chứa tiềm năng cho vi khuẩn KKS và gen KKS. Môi trường lên men với mật độ tế bào vi khuẩn cao tạo điều kiện thuận lợi cho hiện

[1] Trường Đại học Mở Hà Nội, Hà Nội, Việt Nam
[2] Trường Đại học Khoa học và Công nghệ Hà Nội, Viện Hàn Lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam, Hà Nội, Việt Nam

tượng chuyển gen ngang giữa các loài vi khuẩn, qua đó thúc đẩy sự lan truyền gen KKS. Đồng thời, do sản phẩm được tiêu thụ trực tiếp mà không qua gia nhiệt, các vi khuẩn KKS hiện diện trong sản phẩm có thể đi thẳng vào đường tiêu hóa của người tiêu dùng, tạo ra nguy cơ phơi nhiễm qua thực phẩm (Vinayamohan và cộng sự, 2023). Các nghiên cứu metagenomics gần đây, điển hình là của Leech (2020), đã ghi nhận sự hiện diện phổ biến của gen KKS trong nhiều loại thực phẩm lên men trên thế giới (Leech và cộng sự, 2020). Tuy nhiên, nhóm thực phẩm này lại chưa được đưa vào các chương trình giám sát KKS một cách hệ thống. Wolfe (2023) gọi thực phẩm lên men là "khoảng trống giám sát" (overlooked reservoir) trong chính sách y tế công cộng về KKS (Wolfe, 2023).

Nem chua - sản phẩm thịt lợn lên men tự nhiên truyền thống phổ biến tại Hà Nội và nhiều tỉnh miền Bắc, miền Trung Việt Nam, được chế biến từ thịt lợn tươi trộn thính gạo rang, tỏi và gia vị, gói trong lá chuối và ủ yếm khí 3-5 ngày ở nhiệt độ phòng để vi khuẩn lactic lên men tạo môi trường pH acid (4,5-5,0) (La Anh, 2015) - là một quá trình hoàn toàn tự phát, không kiểm soát hệ vi sinh vật và không qua bước gia nhiệt sau ủ, là đối tượng phù hợp để nghiên cứu KKS trong thực phẩm lên men đường phố

Khác với hướng tiếp cận phổ biến chỉ tập trung phân tích nhóm vi khuẩn lactic vốn đã được nghiên cứu khá nhiều và được kỳ vọng chiếm ưu thế trong nem chua, nghiên cứu này khảo sát toàn bộ quần thể vi khuẩn hiếu khí tổng số nhằm phản ánh đầy đủ hơn mức độ hiện diện và đặc điểm KKS của các vi khuẩn trong sản phẩm, bao gồm cả các nhóm vi khuẩn cơ hội có khả năng gây bệnh trên người. Cách tiếp cận này phù hợp với định hướng đánh giá KKS trong thực phẩm theo khung One Health của FAO, UNEP, WHO và WOAH (FAO, 2022). Mục tiêu của nghiên cứu hướng tới: (1) đánh giá tổng số vi khuẩn hiếu khí và tỉ lệ vi khuẩn KKS trong nem chua thu thập tịa một số địa điểm tại Hà Nội; (2) xác định kiểu hình và tỉ lệ đa kháng thuốc (MDR) của các chủng KKS phân lập được; (3) định danh các chủng MDR tiêu biểu để bước đầu đánh giá ý nghĩa của các phát hiện đối với an toàn thực phẩm và sức khỏe cộng đồng.

II. Vật liệu và phương pháp nghiên cứu

2.1. Thu thập mẫu

Mười bốn mẫu nem chua (hai mẫu/địa điểm) được thu tại điểm bán ngẫu nhiên ở nội thành Hà Nội trong giai đoạn tháng 1-4/2026. Mẫu thu trong điều kiện vô trùng, bảo quản 4-10°C và phân tích trong vòng 24 giờ theo TCVN 11923:2017 (ISO/TS 17728:2015). Các được lựa chọn cho nghiên cứu này đều đạt tiêu chí cảm quan phù hợp: màu hồng tự nhiên của thịt, kết cấu săn chắc, mùi lên men chua-thơm đặc trưng, không có dấu hiệu ôi nhớt hoặc nấm mốc, và đang trong thời gian sử dụng theo công bố của người bán. Mỗi thí nghiệm được lặp lại ít nhất ba lần từ cùng một mẫu.

2.2. Định lượng vi khuẩn hiếu khí tổng số và phân lập vi khuẩn KKS

Vi khuẩn hiếu khí tổng và vi khuẩn KKS được định lượng và phân lập theo phương pháp (Nam và cộng sự, 2022). Một gam mẫu được nghiền và đồng nhất trong 9 mL NaCl 0,9% vô trùng trên thiết

bị Stomacher (Seward, Anh). Mẫu sau đó được pha loãng đến 10^{-4} và cấy trải 100 µL lên: (i) TSA (Tryptic Soy Agar) + nystatin 100 mg/L để đếm tổng số vi khuẩn hiếu khí; (ii) TSA + nystatin bổ sung ciprofloxacin 5 mg/L, tetracycline 10 mg/L hoặc vancomycin 20 mg/L để phân lập vi khuẩn KKS. Ủ 37°C/24 giờ.

Tổng số vi khuẩn hiếu khí được tính theo công thức sau:

$$N\ (CFU/g) = (C \times D) / (V \times f)$$

trong đó C = số khuẩn lạc đếm được, D = hệ số pha loãng, V = thể tích cấy (mL), f = hệ số quy đổi khối lượng, khoảng đếm hợp lệ: 30-300 khuẩn lạc/đĩa.

Tỉ lệ vi khuẩn KKS được tính như sau:

Tỉ lệ KKS (%) = tổng số Vi khuẩn KKS/ tổng vi khuẩn hiếu khí × 100.

Tỉ lệ vi khuẩn KKS và tổng vi khuẩn hiếu khí trong các mẫu khác nhau được phân tích bằng ANOVA, kết hợp kiểm định hậu nghiệm Tukey HSD (Tukey's Honestly Significant Difference) trên RStudio 4.3.0 để xác định sự khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa các nhóm. Sự khác biệt được xem là có ý nghĩa thống kê khi $p < 0,05$. Các khuẩn lạc có hình thái khác nhau mọc trên môi trường TSA có bổ sung kháng sinh (KS) được chọn lọc cho các bước nghiên cứu tiếp theo.

2.3. Thử nghiệm nhạy cảm kháng sinh (antibiotic susceptibility testing-AST)

Thử nghiệm tính nhạy cảm KS (antibiotic susceptibility testing - AST) được thực hiện bằng phương pháp khoanh giấy khuếch tán Kirby-Bauer trên môi trường Mueller-Hinton Agar (MHA, HiMedia, Ấn Độ), theo tiêu chuẩn CLSI M100 (Clinical and Laboratory Standards Institute, phiên bản 2023). Sáu loại khoanh giấy KS (Oxoid, Anh) được sử dụng, đại diện cho năm nhóm KS tiêu biểu: colistin 25 µg - CO25 và colistin 10 µg - COL10 (nhóm polymyxin); ciprofloxacin 5 µg - CIP5 (nhóm fluoroquinolone); tetracycline 30 µg - TET30 (nhóm tetracycline); trimethoprim/sulfamethoxazole 25 µg - TS25 (nhóm sulfonamide/ diaminopyrimidine); và ertapenem 10 µg - ETP10 (nhóm carbapenem). Đường kính vòng kháng khuẩn được đo và phân loại thành nhạy cảm (S), trung gian (I) hoặc kháng (R) theo ngưỡng tương ứng của CLSI.

Một chủng được xác định là đa kháng thuốc (MDR) khi biểu hiện kháng (R) với ít nhất một KS đại diện trong từng nhóm, ở ≥3 trong số 5 nhóm kháng sinh khảo sát theo tiêu chí của Magiorakos và cộng sự (2012).

2.4. Định danh MALDI-TOF MS

Sáu chủng vi khuẩn tiêu biểu trong 19 chủng KKS được lựa chọn để định danh bằng phương pháp khối phổ MALDI-TOF MS (Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry) trên hệ thống Bruker Microflex LT, Đức với phần mềm BioTyper 3.0 theo các tiêu chí: (1) các chủng kháng nhiều nhóm kháng sinh nhất theo kết quả AST; (2) ưu tiên các chủng được phân lập từ những địa điểm có tỉ lệ MDR cao nhất. Sinh khối vi khuẩn nuôi cấy 24 giờ trên BHI ở 37°C được chuẩn bị theo phương pháp phết trực tiếp (direct-smear) theo hướng dẫn của nhà sản xuất. Kết quả định danh được đánh giá theo ngưỡng điểm số (score) của Seng và cộng sự (2009): điểm số ≥2,0 tương ứng với định danh tin cậy ở cấp độ loài; điểm số trong khoảng 1,70-

1,99 tương ứng với định danh tin cậy ở cấp độ chi; điểm số <1,70 được xem là không đủ tin cậy để kết luận. Chủng *E. coli* ATCC 25922 dùng làm kiểm soát nội (internal control).

III. Kết quả và thảo luận

3.1. Tổng số vi khuẩn hiếu khí và tỉ lệ vi khuẩn KKS trong các mẫu nem chua

Tất cả 14 mẫu nem chua đều vượt giới hạn tổng số vi khuẩn hiếu khí theo QCVN 8-3:2012/BYT (≤ $5,0 \times 10^5$ CFU/g) (Bảng 1). Tổng số vi khuẩn hiếu khí dao động từ $(5,9 \pm 5,0) \times 10^5$ CFU/g (Hà Nội 1) đến $(3,43 \pm 0,3) \times 10^6$ CFU/g (Hà Nội 3), với trung bình toàn bộ $1,3 \times 10^6$ CFU/g. Phân tích ANOVA kết hợp kiểm định Tukey HSD cho thấy Hà Nội 1 có tổng số vi khuẩn hiếu khí thấp hơn có ý nghĩa thống kê so với 6 địa điểm còn lại trong khi 6 địa điểm Hà Nội 2-7 không khác biệt có ý nghĩa với nhau ($p > 0,05$). Tải lượng vi khuẩn cao tại Hà Nội 1 thấp hơn đáng kể có thể liên quan đến điều kiện bảo quản hoặc thời điểm thu mẫu tại địa điểm này, tuy nhiên không thể xác định nguyên nhân cụ thể từ dữ liệu hiện có. Mức tải lượng ghi nhận phù hợp với đặc điểm của thực phẩm lên men thủ công bày bán ở nhiệt độ phòng không được kiểm soát (La Anh, 2015).

Tỉ lệ vi khuẩn KKS dao động từ 7,2 ± 3,1% (Hà Nội 2) đến 16,43 ± 9,1% (Hà Nội 7), với trung bình 11,5%. Không ghi nhận sự khác biệt có ý nghĩa thống kê về tỉ lệ vi khuẩn KKS giữa bảy địa điểm ($p > 0,05$, ANOVA kết hợp Tukey HSD), phản ánh mức độ phơi nhiễm KKS tương đối đồng đều giữa các địa điểm trong phạm vi nghiên cứu này, mặc dù độ lệch chuẩn lớn tại một số địa điểm (Hà Nội 7: ± 9,1%) cho thấy biến động giữa hai mẫu thu tại cùng địa điểm là đáng kể. Tỉ lệ KKS trung bình 11,5% cao hơn mức ghi nhận trong tào phớ (5,8%) và phù hợp với xu hướng vi khuẩn KKS cao hơn trong thực phẩm lên men từ nguyên liệu động vật so với thực phẩm có nguồn gốc thực vật (Fusaro và cộng sự, 2024; Vinayamohan và cộng sự, 2023).

Bảng 1. Tổng số vi khuẩn hiếu khí và tỉ lệ vi khuẩn KKS trong nem chua tại bảy địa điểm nội thành Hà Nội

Địa điểm	Số mẫu	Tổng số vi khuẩn hiếu khí (CFU/g)	Tỉ lệ vi khuẩn KKS (%)	Vượt QCVN	Số chủng phân lập được (n)
Hà Nội 1	2	$5,9^a$ (± 5,0) $\times 10^5$	$9,2^a$ (± 3,6)	2/2	5
Hà Nội 2	2	$1,8^b$ (± 0,8) $\times 10^6$	$7,2^a$ (± 3,1)	2/2	1
Hà Nội 3	2	$3,43^b$ (± 0,3) $\times 10^6$	$10,2^a$ (± 2,6)	2/2	1
Hà Nội 4	2	$1,5^b$ (± 1,4) $\times 10^6$	$14,8^a$ (± 5,9)	2/2	2
Hà Nội 5	2	$1,2^b$ (± 0,7) $\times 10^6$	$14,2^a$ (± 6,6)	2/2	4
Hà Nội 6	2	$1,1^b$ (± 0,8) $\times 10^6$	$10,6^a$ (± 4,7)	2/2	5
Hà Nội 7	2	$2,5^b$ (± 1,3) $\times 10^6$	$16,43^a$ (± 9,1)	2/2	1

KKS: Kháng kháng sinh; QCVN: giới hạn ≤$5,0 \times 10^5$ CFU/g theo QCVN 8-3:2012/BYT. Mỗi địa điểm thu 2 mẫu, tổng 14 mẫu. Chủng (n): số chủng KKS phân lập tại các địa điểm. Các giá trị được biểu thị dưới dạng trung bình ± độ lệch chuẩn (n = 3). Các giá trị trong cùng một cột mang cùng chữ cái thường không có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê ($p > 0,05$, ANOVA kết hợp kiểm định Tukey HSD).

3.2. Kiểu hình kháng kháng sinh (KKS) và tỉ lệ MDR theo địa điểm

Dựa trên đặc điểm hình thái khuẩn lạc, 19 chủng KKS được lựa chọn và phân thành hai nhóm sơ bộ: 17 chủng (89,5%) có đặc điểm hình thái giống *Enterococcus* và 2 chủng (10,5%) có đặc điểm hình thái giống *Enterobacter.* Kết quả thử nghiệm tính nhạy cảm KS cho thấy 14 trong 19 chủng (73,7%) được xác định là MDR và không có chủng kháng tất cả 6 loại KHS thử nghiệm (Bảng 2). Tỉ lệ này cao hơn mức trung bình 50-65% ghi nhận trong sản phẩm thịt lên men tại nhiều quốc gia (Vinayamohan và cộng sự, 2023), nhưng phù hợp với bối cảnh Việt Nam là quốc gia có mức tiêu thụ KS trong nông nghiệp thuộc hàng cao nhất Đông Nam Á theo báo cáo của Trung tâm Quốc tế về Giải pháp Kháng KS (ICARS). Nghiên cứu của Dang & cộng sự (2023) về *Lactobacillus* từ thực phẩm lên men tại Việt Nam cũng ghi nhận kháng tetracycline và ciprofloxacin phổ biến trong vi khuẩn lactic ở nem chua (Dang và cộng sự, 2023), phù hợp với kết quả hiện tại, song chưa có đánh giá về *Enterobacter* và *Enterococcus* đa kháng thuốc ở loại thực phẩm này.

Bảng 2. Kết quả KKS của 19 chủng vi khuẩn phân lập từ các mẫu nem chua trên địa bàn Hà Nội

Địa điểm	Số chủng	Số chủng MDR (%)	TET30 R (%)	CIP5 R (%)	TS25 R (%)	ETP10 R (%)	Colistin R (%)
Hà Nội 1	5	2 (40,0)	40	40	20	40	40
Hà Nội 2	1	1 (100,0)	100	100	100	100	0
Hà Nội 3	1	1 (100,0)	100	100	0	100	100
Hà Nội 4	2	2 (100,0)	100	100	100	0	0
Hà Nội 5	4	4 (100,0)	100	100	25	75	100
Hà Nội 6	5	3 (60,0)	80	80	40	40	40
Hà Nội 7	1	1 (100,0)	100	100	0	100	0
Tổng/Toàn bộ	**19**	**14 (73,7)**	**79**	**79**	**37**	**53**	**47**

MDR: kháng ≥3 nhóm kháng sinh.. TET30: Tetracycline 30 µg. CIP5: Ciprofloxacin 5 µg. TS25: Trimethoprim/ Sulfamethoxazole 25 µg. ETP10: Ertapenem 10 µg. Colistin R (%): tính theo COL10.

Kết quả cho thấy kháng tetracycline (TET30) và ciprofloxacin (CIP5) là hai kiểu hình kháng phổ biến nhất, với tỉ lệ 79% mỗi loại và xuất hiện ở hầu hết các địa điểm nghiên cứu. Tỉ lệ kháng cao (79%) đối với cả hai kháng sinh ghi nhận trong nghiên cứu này nhiều khả năng phản ánh áp lực chọn lọc từ việc sử dụng rộng rãi tetracycline và fluoroquinolone trong y tế cho người và trong chăn nuôi tại Việt Nam, song cơ chế kháng cụ thể ở các chủng phân lập cần được xác nhận bằng phân tích gen. Trong khi đó, kháng trimethoprim/sulfamethoxazole (TS25, 37%) phân bố không đồng đều giữa các địa điểm: tất cả các chủng phân lập tại Hà Nội 4 và tại Hà Nội 2, trong khi tại Hà Nội 3, Hà Nội 7 và phần lớn chủng tại Hà Nội

5 không ghi nhận kháng kháng sinh này. Sự phân bố không đồng nhất này có thể phản ánh áp lực chọn lọc khác nhau theo từng địa bàn đô thị, các gen thường liên quan đến kiểu hình này ở *Enterococcus* (*dfrA*, *sul1/sul2*) chưa được xác định trong nghiên cứu này.

Các chủng kháng ertapenem (ETP10, 53%) tập trung ở Hà Nội 5 (75%, 3/4 chủng) và Hà Nội 3 (1/1 chủng). Nghiên cứu cũng nhận thấy kháng colistin (COL10: 47%; CO25: 37%) ở tỉ lệ tương đối cao. Kết quả kiểu hình này cần được diễn giải thận trọng và cần xác nhận thêm bằng phân tích gen trong nghiên cứu tiếp theo trước khi rút ra kết luận về nguy cơ lây lan kháng colistin và carbapenem qua chuỗi thực phẩm.

3.3. Định danh các chủng MDR bằng MALDI-TOF MS

Sáu chủng có hình thái khác nhau và kháng với nhiều loại kháng sinh từ kết quả bảng 2 được lựa chọn để định danh bằng MALDI-TOF MS (Bảng 3), xác nhận ba chi vi khuẩn khác nhau trong quần thể vi khuẩn KKS của nem chua: *Enterococcus faecalis, Enterococcus faecium, Kurthia gibsonii và Escherichia coli.* Kết quả phù hợp với nghiên cứu của Sánchez Valenzuela và cộng sự (2013) trên 55 chủng *Enterococcus* (41 *E. faecium*, 14 *E. faecalis*) phân lập từ thực phẩm lên men truyền thống, trong đó cả hai loài đều ghi nhận tỉ lệ đa kháng thuốc đáng kể (Sánchez Valenzuela và cộng sự, 2013).

Bảng 3. Kết quả định danh MALDI-TOF MS của sáu chủng tiêu biểu phân lập từ nem chua tại Hà Nội

STT	Ký hiệu chủng	Địa điểm	Loài (best match)	Điểm số	Phân loại MDR
1	NC HBT 1.3	Hà Nội 6	*Enterococcus faecalis*	2,25	MDR: CO25, COL10, CIP, TET, ETP (4 nhóm)
2	1J	Hà Nội 3	*Enterococcus faecalis*	2,25	MDR: CO25, COL10, CIP, TET, ETP (4 nhóm)
3	NC DD 2.1	Hà Nội 5	*Enterococcus faecium*	2,22	MDR: CO25, COL10, CIP, TET, ETP (4 nhóm)
4	NC CG 2.2	Hà Nội 4	*Kurthia gibsonii*	1,72 †	MDR: CIP, TET, TS (3 nhóm)
5	1O	Hà Nội 7	*Kurthia gibsonii*	1,96 †	MDR: CIP, TET, ETP (3 nhóm)
6	3O	Hà Nội 7	*Escherichia coli*	2,18	Không MDR: chỉ thị ô nhiễm phân

Điểm số theo Seng & cộng sự (2009): ≥2,0 = định danh cấp loài; 1,70-1,99 = cấp chi; <1,70 = không tin cậy. † Điểm 1,72 (NC CG 2.2) và 1,96 (1O): định danh cấp chi Kurthia. CO25, COL10: polymyxin; CIP: fluoroquinolone; TET: tetracycline; TS: sulfonamide; ETP: carbapenem.

Enterococcus faecalis đa kháng được ghi nhận tại hai địa điểm độc lập (Hà Nội 6 và Hà Nội 3), với điểm số MALDI-TOF tương đương (2,25) và kiểu hình kháng giống nhau (polymyxin, fluoroquinolone, tetracycline, carbapenem). Sự tương đồng này là kết quả đáng chú ý, tuy nhiên chưa đủ cơ sở để suy luận về nguồn gốc hoặc kiểu gen chung. Những phân tích sâu hơn ở mức độ phân tử sẽ góp phần làm rõ liệu hai chủng này mang các gen kháng giống nhau trên cùng yếu tố di động hay đây chỉ là sự hội tụ kiểu hình độc lập qua đó giúp đánh giá rõ hơn nguy cơ lan truyền ngang các gen KKS trong môi trường thực phẩm.

Enterococcus faecium đa kháng (chủng NC DD 2.1, Hà Nội 5, điểm số 2,22) là một phát hiện cần được ghi nhận. *E. faecium* là loài *Enterococcus* phổ biến đa kháng thuốc được phân lập trong thực phẩm bán lẻ và thực phẩm ăn liền lên men, đặc biệt các chủng kháng vancomycin (VRE) trong môi trường bệnh viện cũng đã được ghi nhận (Belloso Daza và cộng sự, 2022; Golob và cộng sự, 2019). Việc phát hiện chủng *E. faecium* MDR từ một mẫu nem chua là một kết quả đáng lưu ý, song chỉ với 1 chủng, kết quả này không đủ cơ sở để khẳng định về mức độ phổ biến hoặc ý nghĩa dịch tễ học của loài này trong nem chua đường phố Hà Nội nói chung.

Kurthia gibsonii đa kháng được ghi nhận tại Hà Nội 4 (điểm 1,72, định danh cấp chi) và Hà Nội 7 (điểm 1,96, định danh cấp chi). Trong phạm vi tài liệu mà nhóm nghiên cứu tiếp cận được, đây là ghi nhận đầu tiên về *K. gibsonii* mang kiểu hình MDR trong nem chua. *K. gibsonii* là trực khuẩn gram dương hiếu khí, thường phân lập từ đất và thịt tươi chưa qua xử lý; sự hiện diện của loài này trong nem chua có thể gợi ý nguồn ô nhiễm từ nguyên liệu hoặc bề mặt dụng cụ tiếp xúc với đất, song nguồn gốc cụ thể cần được xác minh trong các nghiên cứu tiếp theo.

Escherichia coli không đa kháng (chủng 3O, Hà Nội 7, điểm 2,18) là chỉ thị thường dùng để đánh giá ô nhiễm phân trong thực phẩm. Sự hiện diện của chủng này cùng với các chủng *Enterococcus* MDR trong môi trường nem chua nơi có mật độ tế bào vi khuẩn cao, tạo ra điều kiện thuận lợi cho chuyển gen ngang giữa các loài (Leech và cộng sự, 2020). Tuy nhiên, nghiên cứu này không thực hiện các thử nghiệm tiếp hợp hoặc theo dõi sau tiêu thụ, do đó khả năng *E. coli* tiếp nhận gen KKS từ *Enterococcus* MDR trong thực tế vẫn là một giả thuyết cần được kiểm chứng bằng các thử nghiệm sâu hơn ở mức độ phân tử.

Về phân bố địa lý, Hà Nội 5 ghi nhận tỉ lệ MDR cao nhất (4/4 chủng, 100%) cùng tỉ lệ kháng polymyxin 100%, trong khi Hà Nội 1 có tỉ lệ MDR thấp nhất (40%). Sự khác biệt này cần được theo dõi trong các nghiên cứu tiếp theo với cỡ mẫu lớn hơn. Do nghiên cứu chỉ xác định kiểu hình kháng kháng sinh (Kirby-Bauer) mà chưa thực hiện xác định gen kháng, việc xác nhận bằng PCR hoặc giải trình tự toàn bộ hệ gen là cần thiết để để phân biệt kháng nội tại với kháng mắc phải, đánh giá khả năng lan truyền ngang của các gen kháng, và từ đó xác định mức độ rủi ro thực sự của các chủng phân lập được đối với an toàn thực phẩm và sức khỏe cộng đồng.

IV. Kết luận và kiến nghị

Nghiên cứu khảo sát bước đầu trên 14 mẫu nem chua trên địa bàn Hà Nội cho thấy 100% mẫu vượt giới hạn tổng số vi sinh vật hiếu khí theo QCVN 8-3:2012/BYT, với tỉ lệ vi khuẩn KKS trung bình 11,5%. Trong số 19 chủng vi khuẩn KKS phân lập được, 73,7% được ghi nhận là đa kháng thuốc và không ghi nhận chủng kháng với toàn bộ 6 KS. Kháng tetracycline và ciprofloxacin là hai kiểu hình phổ biến nhất (79% mỗi loại). Định danh MALDI-TOF MS trên sáu chủng tiêu biểu xác nhận sự hiện diện của *E. faecalis* MDR, *E. faecium* MDR, *K. gibsonii* MDR và *E. coli* không đa kháng tại các địa điểm khác nhau.

Các kết quả này cung cấp dữ liệu bước đầu về tính KKS của vi khuẩn trong nem chua đường phố tại Hà Nội. Mặc dù quy mô mẫu còn nhỏ (n = 14) và chỉ một phần chủng phân lập được định danh đến loài, các phát hiện cho thấy nem chua là đối tượng cần được quan tâm trong các nghiên cứu giám sát KKS theo hướng One Health tại Việt Nam. Về mặt thực tiễn, kết quả gợi ý sự cần thiết của việc tăng cường kiểm soát vệ sinh trong sản xuất và kinh doanh nem chua đường phố. Cần thiết tiến hành các nghiên cứu với cỡ mẫu lớn hơn để có tính đại diện thống kê, định danh đầy đủ các chủng phân lập, và xác nhận gen KKS bằng PCR hoặc giải trình tự toàn bộ hệ gen để làm rõ mức độ phổ biến và ý nghĩa dịch tễ của các phát hiện này.

Lời cảm ơn: Các tác giả trân trọng cảm ơn sự tài trợ kinh phí thực hiện nghiên cứu này của đề tài thuộc Chương trình thu hút các nhà khoa học trẻ vào làm việc tại Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam mã số THTETN.06/25-26.

Tài liệu tham khảo

Belloso Daza, M. V., Milani, G., Cortimiglia, C., Pietta, E., Bassi, D., & Cocconcelli, P. S. (2022). Belloso Daza, M. V., Milani, G., Cortimiglia, C., Pietta, E., Bassi, D., và Cocconcelli, P. S. (2022). Genomic insights of Enterococcus faecium UC7251, a multidrug-resistant strain from ready-to-eat food highlight the risk of antimicrobial resistance in the food chain. *Frontiers in Microbiology, 13*, 894241. https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.894241

Dang, H. T., Dinh, H. S., Loc, T. A., và Nguyen, L. A. (2023). Antibiotic resistance characteristics of potential probiotic Lactobacillus strains. *Vietnam Journal of Science and Technology, 61*(6), 975-983. https://doi.org/10.15625/2525-2518/17261

FAO, UNEP, WHO, và WOAH. (2022). *One Health Joint Plan of Action (2022-2026): Working together for the health of humans, animals, plants and the environment*. FAO. https://doi.org/10.4060/cc2289en

Golob, M., Pate, M., Kušar, D., Dermota, U., Avberšek, J., Papić, B., và Zdovc, I. (2019). Antimicrobial resistance and virulence genes in *Enterococcus faecium and Enterococcus faecalis from humans and retail red meat. BioMed Research International, 2019*, 2815279. https://doi.org/10.1155/2019/2815279

La Anh, N. (2015). Health-promoting microbes in traditional Vietnamese fermented foods: A review. *Food Science and Human Wellness, 4*(4), 147-161. https://doi.org/10.1016/j.fshw.2015.08.004

Leech, J., Cabrera-Rubio, R., Walsh, A. M., Macori, G., Walsh, C. J., Barton, W., và Cotter, P. D. (2020). Fermented-food metagenomics reveals substrate-associated differences in taxonomy and health-associated and antibiotic resistance determinants. *mSystems, 5*(6), e00522-20. https://doi.org/10.1128/mSystems.00522-20

Magiorakos, A. P., Srinivasan, A., Carey, R. B., Carmeli, Y., Falagas, M. E., Giske, C. G., và cộng sự. (2012). Multidrug-resistant, extensively drug-resistant and pandrug-resistant bacteria: An international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance. *Clinical Microbiology and Infection, 18*(3), 268-281. https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2011.03570.x

Nam, P. H., Huy, N. Q., Ngoc, N. T., Oanh, N. T. K., Van Hoi, B., Lien, N. N., và cộng sự. (2022). Impact of metal contamination to the emergence of (multi) antibiotic resistant bacteria in Thai Nguyen, Vietnam. *Vietnam Journal of Biotechnology, 20*(1), 187-196. https://doi.org/10.15625/1811-4989/13509

Sánchez Valenzuela, A., Lavilla Lerma, L., Benomar, N., Gálvez, A., Pérez Pulido, R., và Abriouel, H. (2013). Phenotypic and molecular antibiotic resistance profile of *Enterococcus faecalis* and *Enterococcus faecium* isolated from different traditional fermented foods. *Foodborne Pathogens and Disease, 10*(2), 143-149. https://doi.org/10.1089/fpd.2012.1279

Seng, P., Drancourt, M., Gouriet, F., La Scola, B., Fournier, P. E., Rolain, J. M., và cộng sự. (2009). Ongoing revolution in bacteriology: Routine identification of bacteria by matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry. *Clinical Infectious Diseases, 49*(4), 543-551. https://doi.org/10.1086/600885

Vinayamohan, P. G., Viju, L. S., Joseph, D., và Venkitanarayanan, K. (2023). Fermented foods as a potential vehicle of antimicrobial-resistant bacteria and genes. *Fermentation, 9*(7), 688. https://doi.org/10.3390/fermentation9070688

Wolfe, B. E. (2023). Are fermented foods an overlooked reservoir of antimicrobial resistance? Current Opinion in *Food Science, 51*, 101018. https://doi.org/10.1016/j.cofs.2023.101018

World Health Organization. (2015). *Global action plan on antimicrobial resistance*. https://iris.who.int/handle/10665/193736

PRELIMINARY INVESTIGATION ABOUT ANTIBIOTIC RESISTANCE IN BACTERIA ISOLATED FROM SOME NEM CHUA SAMPLES IN HANOI

Nguyen Thi Thu Hien[1], Tran Do Quang Duong[2], Nguyen Vi Dang[2],
Nguyen Van Phuong[2], Pham Hoang Nam[2]

Abstract: *Nem chua is a traditional naturally fermented pork product consumed without prior heating, representing a potential route of exposure to antibiotic-resistant bacteria (ARB) through the food chain. This study assessed total aerobic bacterial counts, ARB prevalence, and multidrug-resistant (MDR) phenotypes in 14 nem chua samples collected across seven urban wards of Hanoi from January to April 2026. All 14 samples (100%) exceeded the microbiological limit specified in QCVN 8-3:2012/BYT, with total aerobic counts ranging from 5.9×10^5 to 3.43×10^6 CFU/g and a mean ARB ratio of 11.5%. Nineteen ARB isolates were subjected to antibiotic susceptibility testing by the Kirby-Bauer disc diffusion method using six antibiotics representing five classes (CLSI M100, 2023). MDR was detected in 73.7% of isolates (14/19) and no isolate was resistant to all six antibiotics tested. Resistance to tetracycline and ciprofloxacin each reached 79%, while ertapenem resistance was recorded in 53% of isolates. MALDI-TOF MS confirmed four species among six representative strains: Enterococcus faecalis, Enterococcus faecium, Kurthia gibsonii, and Escherichia coli. These findings provide a preliminary evidence base for MDR bacterial occurrence in street-vended nem chua in Hanoi and support the need for systematic antimicrobial resistance surveillance of traditional fermented foods within a One Health framework.*

Keywords: *antibiotic-resistant bacteria, fermented pork, multidrug resistance, traditional fermented food*

[1] Hanoi Open University, Hanoi, Vietnam
[2] University of Science and Technology of Hanoi, Vietnam Academy of Science and Technology, Hanoi, Vietnam