



# KIỂM SOÁT BỆNH TRUYỀN NHIỄM LIÊN QUAN ĐẾN ĐỚI TẠI VIỆT NAM TRÊN CƠ SỞ TIẾP CẬN MỘT SỨC KHỎE

TS Vương Tân Tú

Viện Sinh thái và Tài nguyên Sinh vật,  
Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam



Trong một nghiên cứu mới đăng trên Tạp chí Molecular Ecology [1], các nhà khoa học thuộc Viện Sinh thái và Tài nguyên Sinh vật, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam và các cộng sự thuộc Viện Hàn lâm Khoa học Hungary và Bảo tàng Quốc gia về Lịch sử Tự nhiên, Cộng hòa Pháp đã công bố những phát hiện mới về sự đa dạng và quá trình phát sinh chủng loại của các chủng virus corona thuộc phân chi *Sarbecovirus* thu thập từ các quần thể dơi móng ngựa (*Rhinolophus* sp.) ở Việt Nam và các nước lân cận. Các dữ liệu khoa học này giúp chúng ta hiểu thêm về nguồn gốc phát sinh của hai chủng virus corona gây ra hai đại dịch (SARS-CoV-1 và SARS-CoV-2), đồng thời cung cấp cơ sở cho việc xây dựng và triển khai các hoạt động giám sát, phòng ngừa sự bùng phát hoặc tái bùng phát các dịch bệnh do virus corona liên quan đến dơi trong tương lai.



## Chiến lược Một sức khỏe

Theo thống kê, hơn 60% bệnh truyền nhiễm trên người đã được biết là bệnh truyền nhiễm lây chung giữa người và động vật, trong đó, khoảng 75% bệnh truyền nhiễm mới nổi hoặc tái xuất hiện trên người trong những thập niên gần đây đều có nguồn gốc từ động vật hoang dã, đặc biệt là các loài dơi. Trong số những bệnh truyền nhiễm liên quan, hoặc có nguồn gốc từ các loài dơi phải kể đến ba bệnh về đường hô hấp do các chủng virus corona mới nổi, đã lây lan thành đại dịch toàn cầu kể từ đầu thế kỷ 21 gồm: hội chứng hô hấp cấp tính nặng (SARS) do virus SARS-CoV1 gây ra (11/2002 - 07/2003), với khoảng 8,4 nghìn ca bệnh và 774 trường hợp tử vong; hội chứng hô hấp cấp Trung Đông (MERS) do virus MERS-CoV gây (04/2012 đến nay) với 2613 ca bệnh, khiến 943 trường hợp tử vong; đặc biệt là bệnh viêm đường hô hấp cấp (COVID-19) do virus SARS-CoV-2 gây ra từ tháng 12/2019 với hơn 700 triệu người nhiễm, khiến hơn 7 triệu người tử vong [2-5]. Theo nhận định từ các

chuyên gia của Tổ chức Y tế Thế giới (WHO) và Liên minh Đối mới Phòng ngừa Dịch bệnh (CEPI), đại dịch tiếp theo sẽ xảy ra nhưng không ai biết chính xác đó là bệnh gì, bùng phát khi nào và ở đâu, cũng như liệu mức độ tác động của nó có thể vượt xa COVID-19 hay không. Trong bối cảnh đó, để giám sát và phòng ngừa dịch bệnh truyền nhiễm mới nổi nói chung và các bệnh do virus corona nói riêng, WHO kêu gọi các quốc gia thực hiện chiến lược Một sức khỏe (Onehealth) - giải pháp phối hợp hành động liên ngành như y tế, thú y và môi trường để bảo đảm sức khỏe toàn diện cho con người, động vật và hệ sinh thái.

Dựa trên các dữ liệu hiện có, các nhà khoa học dự đoán rằng, đại dịch tiếp theo (gọi tắt là đại dịch X) có thể sẽ là một bệnh truyền nhiễm mới nổi do các tác nhân gây bệnh có nguồn gốc từ động vật vùng nhiệt đới hoặc Á nhiệt đới. Từ dự báo đó, Việt Nam được xác định là một trong những “điểm nóng” toàn cầu có nguy cơ bùng phát hoặc tái bùng phát các bệnh truyền nhiễm mới nổi do các tác nhân gây bệnh từ động vật



hoang dã, đặc biệt là các loài dơi. Điều này xuất phát từ thực tế, nước ta là nơi sống của hơn 130 loài dơi, nhiều loài trong số chúng hiện được xem là “ổ chứa tự nhiên” hoặc “vật chủ sơ cấp” của nhiều mầm bệnh truyền nhiễm.

Sự gia tăng tương tác giữa người - vật nuôi - dơi như ở nước ta trong những thập niên gần đây có hệ quả từ quá trình chuyển đổi mục đích sử dụng đất thiếu bền vững, săn bắt, vận chuyển và tiêu thụ trái phép... Kể từ khi dịch bệnh COVID-19 bùng phát, chúng ta có thể dễ dàng tìm thấy trên các phương tiện thông tin đại chúng ở Việt Nam những bài viết nhắc đến các loài dơi là nguồn lây của các virus gây bệnh cho người và vật nuôi. Phần lớn những bài viết này lược dịch thông tin từ những trang báo của nước ngoài, hoặc những bài báo khoa học, nhưng thiếu sự tham vấn của các chuyên gia nên vô tình tạo ra một luồng thông tin sai lệch về mối liên hệ tiêu cực không đáng có giữa các loài dơi và các bệnh truyền nhiễm mới nổi, đặc biệt là COVID-19. Những sai sót đó có thể gây tâm lý e sợ hoặc ác cảm với các loài dơi, khiến công tác bảo tồn dơi cũng như phòng chống các bệnh truyền nhiễm mới nổi ở nước ta thêm khó khăn.

Để góp phần đính chính những thông tin sai lệch, bài viết tóm lược các kết quả thu được trong một nghiên cứu đánh giá sự đa dạng và mối quan hệ tiến hoá của các chủng virus corona trong phân chi *Sarbecovirus* (Chi *Betacoronavirus*) (bao gồm các virus SARS-CoV-1 và SARS-CoV-2) họ *Coronaviridae*, bộ *Nidovirales* thu từ các quần thể dơi móng ngựa (*Rhinolophus* sp.) ở Việt Nam và các nước lân cận. Nghiên cứu này được thực hiện bởi nhóm các nhà khoa học (thuộc các lĩnh vực bảo tồn, sinh thái, dịch tễ học) đến từ Viện Sinh thái và Tài nguyên Sinh vật, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam và các cộng sự đến từ Viện Hàn lâm Khoa học Hungary, Bảo tàng Quốc gia về Lịch sử Tự nhiên Paris, và Viện Pasteur Paris Cộng hoà Pháp. Các dữ liệu này không chỉ giúp chúng ta hiểu thêm về nguồn gốc phát sinh của hai chủng virus corona gây ra đại dịch SARS và COVID-19, mà còn là cơ sở quan trọng cho việc xây dựng và triển khai các hoạt động giám sát, phòng ngừa các dịch bệnh truyền nhiễm mới nổi do virus corona gây ra trong tương lai theo cách tiếp cận Một sức khỏe, cũng như giúp nâng cao nhận thức của công chúng về tầm quan trọng đặc biệt của công tác bảo tồn dơi và phòng chống các bệnh truyền nhiễm mới nổi từ chúng.

## Sự đa dạng và mối quan hệ của các chủng *Sarbecovirus* trên dơi móng ngựa ở Việt Nam

Trước khi thực hiện nghiên cứu này, nhiều công trình nghiên cứu về nguồn gốc của hai chủng virus SARS-CoV-1 và SARS-CoV-2 đã được thực hiện. Theo đó, hai chủng virus corona này có quan hệ họ hàng và đều nằm trong phân chi *Sarbecovirus*, chi *Betacoronavirus*, họ *Coronaviridae*, bộ *Nidovirales*, nhưng thuộc về những nhánh tiến hoá riêng biệt, gọi tắt là SCoVrCs và ScoV2rCs. Ở mỗi nhánh, các nhà nghiên cứu đã phát hiện trên một số loài động vật hoang dã, nhưng chủ yếu là các loài dơi móng ngựa (*Rhinolophus* sp.) các chủng virus corona có họ hàng gần gũi với SARS-CoV-1 và SARS-CoV-2. Những bằng chứng khoa học này cho thấy, các chủng virus SARS-CoV-1 và SARS-CoV-2 đều có nguồn gốc từ các loài dơi móng ngựa (*Rhinolophus* sp.) sống tại khu vực đất liền của Đông Nam Á và nam Trung Quốc. Dựa trên việc phân tích mô hình phân bố loài, các quần thể dơi móng ngựa ở Việt Nam được dự báo có thể chứa nhiều chủng virus corona có họ hàng gần gũi với SARS-CoV-1 và SARS-CoV-2.

Để kiểm chứng dự đoán trên, các nhà nghiên cứu đã phân tích mẫu phân của 1218 cá thể của 13 trong tổng số 19 loài dơi móng ngựa sinh sống ở Việt Nam. Các mẫu này được thu tại 19 điểm nghiên cứu, trải khắp 12 tỉnh từ Bắc vào Nam.

Tiếp theo, các nhà nghiên cứu giải trình tự các mẫu dương tính bằng công nghệ giải trình tự gene thế hệ mới (NGS) và tổng hợp được 38 bộ gene virus hoàn chỉnh của 17 chủng virus corona thuộc phân chi *Sarbecovirus* (các mẫu còn lại do RNA đã bị đứt gãy nên không thể lắp ghép). Việc phân tích mối quan hệ di truyền dựa trên 38 bộ gene hoàn chỉnh này cho thấy, 32 virus có quan hệ gần gũi với virus SARS-CoV (nhánh SARSCoVr), bốn virus giống SARS-CoV-2 (nhánh SARSCoV2r) và hai virus tái tổ hợp giữa các chủng thuộc hai nhánh SARSCoVr và SARSCoV2r (nhánh RecSar).

## Truy tìm tổ tiên của virus SARS-CoV-1 và SARS-CoV-2

Một trong những đặc điểm nổi bật của các chủng virus corona là chúng biến đổi liên tục thông qua tích lũy đột biến và tái tổ hợp. Do đó, việc xác định nguồn gốc phát sinh của các chủng virus SARS-CoV-1 và SARS-CoV-2 nói chung không dễ dàng. Dựa trên việc xác định chỉ dẫn địa lý của các phân vùng trong hệ gene của các chủng virus phân tích, các nhà khoa học phát hiện bằng chứng cho thấy, tổ tiên của virus



SARS-CoV có nguồn gốc từ các loài dơi móng ngựa sống tại khu vực Vân Nam (Trung Quốc), còn tiền thân của virus SARS-CoV-2 có thể đã lưu hành trên các quần thể dơi móng ngựa của hai loài *R. pusillus* và *R. malayanus* sống dọc theo biên giới giữa Vân Nam (Trung Quốc) và các nước Đông Nam Á như Điện Biên (Việt Nam), Phongsaly (bắc Cộng hòa Dân chủ Nhân dân Lào) và có thể bao gồm cả khu vực Shan (Myanmar).

### Nguy cơ từ các dịch bệnh truyền nhiễm mới nổi do virus corona liên quan đến dơi tại Việt Nam

Mặc dù chúng ta đã có thêm nhiều hiểu biết về các chủng virus corona gây bệnh ở người và đang từng bước phát triển một loại “vắc xin đón đầu”, có khả năng bảo vệ cơ thể chống lại nhiều chủng virus corona, bao gồm cả những loại mà chúng ta chưa biết đến. Tuy nhiên, như chúng ta đã chứng kiến trong đại dịch COVID-19, virus SARS-CoV-2 liên tục tiến hoá thông qua tích lũy đột biến để tạo ra các biến thể khác nhau từ biến thể gốc (như Alpha, Delta, Omicron) hay tái tổ hợp (khi có sự lưu hành của nhiều biến thể trong cùng một cộng đồng), dẫn đến những trường hợp bệnh nhân bị nhiễm đồng thời nhiều biến thể, từ đó có thể tạo ra những virus có hệ gene tái tổ hợp (như những biến thể lai giữa Delta và Omicron). Trong bối cảnh tương tác giữa người - vật nuôi - dơi tại Việt Nam và các nước lân cận đang ngày một tăng, và việc phát hiện ra ít nhất 38 chủng sarbecovirus mới gần giống với virus SARS-CoV-1 và SARS-CoV-2 trên các quần thể dơi móng ngựa ở nước ta nói riêng, cho thấy nguy cơ bùng phát (hoặc tái bùng phát) các bệnh truyền nhiễm mới nổi do các tác nhân gây bệnh này từ dơi sang người và vật nuôi ở nước ta cũng như các nước lân cận là không thể xem nhẹ, đặc biệt khi tính đến nguy cơ xuất hiện các chủng virus lai giữa virus ở người và dơi có thể làm giảm hiệu quả của các vắc-xin.

### TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] A. Hassanin, V.T. Tu, T. Görföl, et al. (2024), “Phylogeography of horseshoe bat sarbecoviruses in Vietnam and neighbouring countries. Implications for the origins of SARS-CoV and SARS-CoV-2”, *Mol. Ecol.*, 33(18), DOI: 10.1111/mec.17486.
- [2] Z. Liu, Q. Liu, H. Wang, et al. (2024), “Severe zoonotic viruses carried by different species of bats and their regional distribution”, *Clin. Microbiol. Infect.*, 30(2), pp.206-210, DOI: 10.1016/j.cmi.2023.09.025.
- [3] World Health Organization (WHO) (2006), *SARS: How a Global Epidemic Was Stopped*, World Health Organization Press: Geneva, Switzerland, 307 pp.
- [4] World Health Organization (WHO) (2024), *Middle East Respiratory Syndrome Outbreak Toolbox*, <https://www.who.int/emergencies/outbreak-toolkit/disease-outbreak-toolboxes/mers-outbreak-toolbox>, truy cập 06/12/2024.
- [5] Worldometer (2024), *COVID-19 Coronavirus Pandemic (last updated April 13, 2024)*, <https://www.worldometers.info/coronavirus/>, truy cập 06/12/2024.

### Giải pháp đề xuất cho Việt Nam

Các kết quả nghiên cứu này cho thấy, còn nhiều vấn đề phải nghiên cứu thêm: (1) Không phải tất cả các loài dơi móng ngựa (*Rhinolophus* sp.) ở Việt Nam (và các nước lân cận) đều mang virus corona gần giống SARS-CoV-1 và SARS-CoV-2; (2) Với những loài đã xác định dương tính, không phải toàn bộ các quần thể địa lý của chúng đều mang virus; (3) Đã phát hiện được trường hợp trong cùng một quần thể dơi có sự lưu hành của nhiều chủng virus corona - cơ hội để tạo ra những chủng virus tái tổ hợp. Những bằng chứng khoa học này cho thấy, sự cần thiết phải thực hiện một chương trình phòng chống và giám sát những bệnh truyền nhiễm mới nổi do virus corona nói riêng, và các tác nhân gây bệnh khác liên quan đến dơi ở nước ta theo cách tiếp cận Một sức khỏe như sau:

- Xác định đặc điểm sinh thái và quá trình tiến hóa của các tác nhân gây bệnh từ dơi bao gồm nghiên cứu sâu hơn về phân bố quần thể vật chủ và sự lưu hành của các tác nhân gây bệnh, hay sự tương tác giữa vật chủ và tác nhân gây bệnh.

- Xác định các tác nhân tham gia vào quá trình lây truyền các tác nhân gây bệnh liên quan đến dơi sang người, bao gồm đánh giá rủi ro và các giải pháp giảm thiểu liên quan đến các hoạt động nhân tác, như sự xâm lấn của con người vào môi trường sống của dơi và động vật hoang dã, hay nguy cơ lây truyền mầm bệnh từ người hoặc các loài khác sang dơi.

- Bên cạnh các hoạt động nghiên cứu, chúng ta cũng cần xây dựng các hướng dẫn cụ thể cho các đơn vị truyền thông, khi đưa tin về các bệnh truyền nhiễm mới nổi liên quan đến dơi hoặc các loài động vật hoang dã nói chung, cần cung cấp thông tin chính xác để nâng cao nhận thức và trách nhiệm của cộng đồng trong việc bảo tồn đa dạng sinh học và các chiến lược để giảm nguy cơ lây lan bệnh từ động vật sang người.