

Nâng cao - tham khảo

MỘT SỐ VIRUS GÂY BỆNH NGUY HIỂM TRUYỀN LÂY TỪ ĐỘNG VẬT SANG NGƯỜI CÓ NGUỒN GỐC TỪ DOI

Trần Thị Hồng Tơ, Trần Thị Phương Lan,
Nguyễn Thùy Linh, Nguyễn Văn Vui, Nguyễn Thị Anh Thư, Kim Nàng
Khoa Nông nghiệp Thủy sản, Trường Đại học Trà Vinh

Động vật và con người đang sống gần nhau hơn do đô thị hóa, phá rừng, biến đổi khí hậu, gia tăng dân số toàn cầu và sự phát triển của ngành chăn nuôi. Do đó bệnh truyền lây từ động vật sang người ngày càng gia tăng và có thể lây lan nhanh. Có khoảng 60% mầm bệnh trên người đã được xác định là truyền lây từ động vật và khoảng 75% bệnh mới nổi là bệnh truyền lây từ động vật sang người. Dơi được xem là một trong những loài động vật hoang dã mang nhiều virus gây bệnh và có thể truyền lây sang người. Dơi thuộc lớp *Chiroptera*, là lớp thú xếp ở vị trí thứ 2 về sự đa dạng loài với hơn 1.200 loài trên khắp thế giới. Chúng sống thành những đàn lớn và có tuổi thọ kéo dài. Khả năng bay của dơi cho phép chúng phát tán hoặc tiếp nhận mầm bệnh ở khắp nơi. Bài viết này nhằm cung cấp thông tin về một số virus quan trọng có nguồn gốc từ dơi và có khả năng truyền lây sang người như virus thuộc nhóm *paramyxovirus*, *coronavirus* và *filovirus*. Các virus này có sự tác động lớn tới sức khỏe cộng đồng ở nhiều vùng khác nhau trong suốt thời gian qua.

1. Virus nhóm *paramyxovirus*

Virus Hendra

Virus *Hendra* (HeV) là tác nhân gây bệnh cho người và ngựa ở Úc, được phát hiện đầu tiên vào năm 1994. Trong vụ dịch này có 21 ngựa và 2 người ở Úc bị nhiễm và hậu quả là 14 con ngựa và 1 người nhiễm bệnh bị tử vong. Đối tượng bị nhiễm có triệu chứng nghiêm trọng về đường hô hấp và bệnh lý thần kinh. Những năm qua, sự xuất hiện của HeV ở Úc gia tăng đáng kể, cao nhất vào năm 2011 với 18 vụ dịch bùng phát trên ngựa ở bang Queensland và bang New South Wales. Tổng cộng có 89 ngựa chết vì nhiễm HeV, có 7 người nhiễm HeV trong đó 4 người bị tử vong. Tất cả người bị nhiễm đều có tiếp xúc gần với ngựa bệnh và không có dấu hiệu lây nhiễm từ người sang người. HeV lưu hành ở loài dơi quạ ở Úc từ lâu. Đây có thể là nguồn truyền lây HeV sang ngựa và sau đó bệnh được lây từ ngựa sang người.

Virus Nipah

Vào năm 1998, một loại virus mới thuộc nhóm *paramyxovirus* có tên gọi là virus *Nipah* (NiV) được phát hiện đầu tiên trên người và lợn nuôi thương phẩm có triệu chứng bệnh hô hấp và thần kinh ở Malaysia. Giữa năm 1998 và 1999, đã có 256 trường hợp viêm não cấp với 105 người bị tử vong và có hơn 1 triệu lợn bị tiêu hủy ở Malaysia và Singapore. Tiếp xúc gần với lợn nhiễm virus được cho là nguyên nhân lây nhiễm mầm bệnh ở người. NiV được phát hiện trong nước tiểu và nước bọt của loài dơi quạ trên các đảo của Malaysia. Điều này cho thấy dơi quạ là vật chủ tự nhiên mang NiV. Theo Looi và Chua (2007), hiện tượng El Nino xuất hiện ở Indonesia vào những năm 1997 và 1998 dẫn đến hạn hán và cháy rừng có thể là nguyên nhân làm dơi di chuyển đến vườn cây và trang trại nuôi lợn và truyền NiV sang lợn qua dịch bài tiết. Năm 2001, NiV bùng phát ở Bangladesh

và Ấn Độ và tiếp tục gây ra dịch bệnh viêm não gây tử vong ở người với tỷ lệ tử vong 70-100%. Sau đó, bệnh xuất hiện ở Bangladesh gần như mỗi năm với 23 báo cáo về sự nhiễm NiV trên người từ 2001-2007 và bệnh cũng tiếp tục xuất hiện ở Ấn Độ vào năm 2007 và năm 2018. NiV có thể truyền lây cho người qua uống nhựa cây Chà là bị nhiễm phân hoặc nước tiểu của dơi, từ đó bệnh bùng phát do nó cũng có khả năng được truyền lây từ người sang người. Philippines đã có 1 vụ dịch do NiV xảy ra vào năm 2014. Trong vụ dịch này, dơi qua cũng được xem là nguồn lây nhiễm mầm bệnh cho ngựa và sau đó truyền lây từ ngựa sang người và từ người sang người.

2. Virus nhóm *coronavirus*

Virus SARS-CoV (severe acute respiratory syndrome *coronavirus*)

SARS-CoV thuộc nhóm virus *corona*, là virus gây Hội chứng suy hô hấp cấp tính nặng. Hội chứng này xuất hiện cuối năm 2002 ở Quảng Đông, Trung Quốc và sau đó gây ra dịch bệnh ảnh hưởng đến nhiều quốc gia, dẫn đến hơn 8.000 người bị nhiễm và hơn 800 người tử vong. SARS-CoV được tìm thấy trên cây hương từ chợ động vật sống và nhà hàng ở tỉnh Quảng Đông (Trung Quốc) và sau đó virus này cũng được phát hiện ở dơi. Nghiên cứu dịch tễ cho rằng cây hương có thể là vật chủ thích nghi hoặc khuếch tán mầm bệnh và vật mang SARS-CoV tự nhiên có thể là dơi thuộc giống *Rhinolophus*. Nguyên nhân gây bùng phát dịch bệnh có thể do dơi phát tán virus cho động vật khác như cây hương, sau đó truyền lây virus sang người và từ người sang người. Dịch bệnh do SARS-CoV đã ảnh hưởng đến 26 quốc gia khác trên thế giới trong đó có Việt Nam. Ở Việt Nam, SARS-CoV xuất hiện ở Hà Nội vào năm 2003, đã có 65 người bị nhiễm virus trong đó có 5 trường hợp tử vong.

Virus gây hội chứng hô hấp Trung Đông - MERS-CoV (Middle east respiratory syndrome virus)

Hội chứng hô hấp Trung Đông do một loại virus *corona* có tên là MERS-CoV gây ra. Hội

chứng này được phát hiện đầu tiên ở Ả Rập Xê Út vào năm 2012. Sau đó, nó được báo cáo ở 26 quốc gia khác bao gồm Algeria, Áo, Bahrain, Trung Quốc, Ai Cập, Pháp, Đức, Hy Lạp, Iran, Ý, Jordan, Kuwait, Lebanon, Malaysia, Hà Lan, Oman, Philippines, Qatar, Hàn Quốc, Thái Lan, Tunisia, Thổ Nhĩ Kỳ, các tiểu vương quốc Ả Rập thống nhất, Anh, Mỹ và Yemen. Từ 2012 đến 31 tháng 1 năm 2020, đã có 2.519 ca nhiễm MERS-CoV, trong đó có 866 ca tử vong. Phần lớn các trường hợp nhiễm bệnh xuất hiện ở Ả Rập Xê Út. Kết quả giải trình tự gen chỉ ra rằng virus này có liên quan gần với virus *corona* ở dơi từ các vùng khác nhau trên thế giới như dơi ở châu Á và Nam Phi. Hơn nữa, gen nhận diện chủng MERS-CoV trên người được tìm thấy trên dơi *Taphozous perforates* ở Ả Rập Xê Út. Điều này cho thấy dơi có vẻ là vật chủ tự nhiên của MERS-CoV và nên có sự cảnh báo về những virus tương tự ở các khu vực khác trên thế giới. Bên cạnh đó, kháng thể MERS-CoV được tìm thấy trên lạc đà ở Trung Đông và Tây Ban Nha. Tháng 11 năm 2013, một bệnh nhân nam 43 tuổi từ Ả Rập Xê Út được xác nhận là nhiễm MERS-CoV. Ông ấy không có tiền sử đi du lịch trước khi phát bệnh, tuy nhiên có tiếp xúc nhiều với động vật. Lạc đà của bệnh nhân này có triệu chứng sốt và viêm mũi và dương tính với MERS-CoV. Theo WHO (2019), vai trò của động vật trong sự truyền lây MERS-CoV cho người chưa rõ ràng và truyền lây từ người sang người có thể diễn ra qua tiếp xúc gần.

Virus SARS-CoV-2 (severe acute respiratory syndrome *coronavirus* 2)

Gần đây, một loại virus *corona* khác liên quan đến bệnh đường hô hấp đã xuất hiện, có tên gọi là SARS-CoV-2 (bệnh do virus này gây ra ở người được đặt tên là Covid-19). Từ tháng 12 năm 2019, sự bùng phát của bệnh viêm phổi do SARS-CoV-2 xuất hiện ở Vũ Hán (Trung Quốc), sau đó xuất hiện ở nhiều quốc gia trên thế giới. Hầu hết người nhiễm có dấu hiệu bệnh nhẹ và không biến chứng, 14% bệnh nhân có triệu chứng bệnh nặng cần hỗ trợ oxy và 5% cần chăm sóc đặc biệt. Ngày 11/3/2020, Tổ chức Y

tế thế giới (WHO) công bố đại dịch toàn cầu do SARS-CoV-2 gây ra. Theo thống kê của Bộ Y tế, tính đến 9h ngày 3/5/2020, trên thế giới đã ghi nhận 3.483.347 trường hợp mắc Covid-19 tại 214 quốc gia và vùng lãnh thổ, 244.761 trường hợp tử vong. Tất cả các quốc gia ở Đông Nam Á đều có người mắc bệnh với tổng số ca mắc là 47.185 và số ca tử vong là 1.615. Ở Việt Nam, có 271 ca bị nhiễm SARS-CoV-2, không có trường hợp tử vong do nhiễm virus và phần lớn các ca nhiễm là do từ nước ngoài về. Theo Zhou *et al.* (2020), SARS-CoV-2 có trình tự gen tương đồng cao với virus SARS-CoV (79,6%) và có bộ gen tương tự với một loài virus *corona* ở dơi (96%). Điều này cho thấy dơi có vẻ là nguồn chính mang SARS-CoV-2. Tuy nhiên, đường truyền lây SARS-CoV-2 từ động vật sang người vẫn chưa được làm rõ.

3. Virus nhóm *filovirus*

Virus *Ebola* và *Marburg* là nhóm virus gây bệnh Sốt xuất huyết và là một trong số những loài virus nguy hiểm nhất được biết đến ở người.

Virus *Marburg* gây sốt xuất huyết được phát hiện đầu tiên vào năm 1967 sau khi các vụ dịch xảy ra đồng thời tại Marburg và Frankfurt (Đức) và Belgrade (Serbia). Những người đầu tiên bị nhiễm có tiền sử tiếp xúc với loài khỉ xanh châu Phi nhập khẩu từ Uganda hoặc mô của chúng khi tiến hành nghiên cứu. Tổng cộng có 31 ca nhiễm và 7 ca tử vong ở các đợt dịch này. Sau đó, những vụ dịch và các ca bệnh lẻ tẻ đã được báo cáo ở nhiều nơi. Trong đó, 1 trường hợp bệnh có tiền sử đi đến Zimbaque vào năm 1975, 4 trường hợp được ghi nhận ở công nhân mỏ ở Uganda năm 2007 và 2 trường hợp mắc bệnh được ghi nhận là những du khách có ghé thăm một hang động nơi cư trú của loài dơi *Rousettus* tại Uganda năm 2008.

Theo CDC (2018), virus *Ebola* được phát hiện đầu tiên vào năm 1976 khi có hai vụ dịch Sốt xuất huyết xảy ra ở Cộng hòa dân chủ Công Gô và miền Nam Sudan, và sau đó là các vùng khác. Vụ dịch liên quan đến 2 loài khác nhau của virus *Ebola*, gây ra tỷ lệ tử vong lên tới 90%

ở Công Gô và 50% ở Sudan. Sau 1976, bệnh do virus *Ebola* xuất hiện lẻ tẻ ở châu Phi. Các vụ dịch lớn đã xảy ra ở Công Gô năm 1995 và 2012, ở Uganda năm 2000 và 2008.

Sự truyền nhiễm *filovirus* từ động vật sang người xảy ra chủ yếu thông qua hoạt động liên quan đến thú rừng như bắt và giết động vật hoang dã. Nghiên cứu gần đây cho thấy dơi là nguồn tự nhiên mang virus *Ebola* và *Marburg* ở châu Phi. RNA của *filovirus* được tìm thấy ở nhiều loài dơi quạ ở Gabon và Công Gô. Sự lưu hành của virus *Marburg* được tìm thấy ở dơi *Rousettus aegyptiacus* sống trong hang động ở Uganda. Bên cạnh đó, phân tích di truyền cho thấy virus *Marburg* phân lập từ công nhân mỏ bị nhiễm có trình tự gen tương tự với virus lưu hành trong quần thể đàn dơi *R. aegyptiacus*. Sự xuất hiện của bệnh sốt xuất huyết do virus *Marburg* ở công nhân mỏ ở miền Nam Uganda có thể là do được lây từ dơi mang mầm bệnh cư trú trong mỏ.

4. Các loài virus khác từ dơi

Bên cạnh các loài virus gây bệnh truyền lây từ động vật sang người được phát hiện trên dơi, nhiều virus khác liên quan đến bệnh trên người có nguồn gốc từ dơi cũng đã được phát hiện trong vài thập kỷ qua như virus *Pulau* và *Melaka* ở Malaysia, virus *Menangle* ở Úc, một số loài *reovirus* và một số loài virus thuộc nhóm *lyssaviruses*, *parainfluenza*, *hantaviruses*, *hepaciviruses*, *pegiviruses*, *paramyxoviruses*, *astroviruses*, *adenoviruses* và *herpesviruses*. Mối đe dọa tới sức khỏe cộng đồng của các virus này chưa được làm rõ, tuy nhiên cần có sự quan sát về khả năng lây lan của chúng.

5. Kết luận

Một số loài virus thuộc nhóm *paramyxoviruses*, *coronavirus* và *filovirus* có thể truyền lây từ động vật sang người và gây những bệnh nguy hiểm trên người. Sự bùng phát bệnh do các loài virus này có liên quan đến động vật hoang dã trong đó dơi được xem là nguồn bệnh tự nhiên quan trọng, mặc dù trong nhiều trường hợp con đường truyền lây virus gây

bệnh cho người từ dơi vẫn chưa rõ. Bên cạnh đó, nhiều loài virus khác có liên quan đến bệnh trên người cũng được phát hiện trên dơi. Do đó, cần lưu ý các hoạt động liên quan đến động vật hoang dã để phòng sự lây lan của mầm bệnh và cần có sự theo dõi về khả năng lây lan của các virus này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Aditi and Shariff, M., 2018. Nipah virus infection: A review. *Epidemiol. Infect.* 147 (95):1–6.
2. Centers for Disease Control and Prevention (CDC), 2018. Filoviridae. Truy cập từ: <https://www.cdc.gov/vhf/virus-families/filoviridae.html> [Ngày truy cập: 11/3/2020]
3. Clayton, B. A., Wang, L. F. and Marsh, G. A., 2013. Henipaviruses: an updated review focusing on the pteropid reservoir and features of transmission. *Zoonoses Public Health*. 60, 69–83
4. Lam, S. K. and Chua, K. B., 2002. Nipah virus encephalitis outbreak in Malaysia. *Clin. Infect. Dis.* 34 (S2):S48-51
5. Leroy, E. M., Epelboin, A., Mondonge, V., Pourrut, X., Gonzalez, J. P., Muyembe-Tamfum, J. J. and Formenty, P., 2009. Human Ebola outbreak resulting from direct exposure to fruit bats in Luebo, Democratic Republic of Congo, 2007. *Vectorborne zoonotic Dis.* 9 (6): 723–728.
6. Looi, L. M và Chua, K. B., 2007. Lessons from the Nipah virus outbreak in Malaysia. *Malays. J. Pathol.* 29 (2):63-7.
7. Memish, Z. A., Mishra, N., Olival, K. J., Fagbo, S. F., Kapoor, V., Epstein, J. H., Alhakeem, R., Al Asmari, M., Islam, A., Kapoor, A., Briese, T., Daszak, P., Al Rabeeach, A. A. and Lipkin, W. I., 2013. Middle East respiratory syndrome coronavirus in bats, Saudi Arabia. *Emerg. Infect. Dis.* 19 (11): 1819–1823.
8. Planté, C. and Dehove, A., 2010. Preparedness for biological threats: Position of the world animal health organization (OIE). *Bioterrorism: Threats and Deterrents*. Netherlands: IOS press
9. Wang, L-F. and Crameri, G., 2014. Emerging zoonotic viral diseases. *Rev. Sci. Tech. Off. Int. Epiz.* 33 (2): 569-581
10. Wang, L. F., Walker, P. J. and Poon, L. L., 2011. Mass extinctions, biodiversity and mitochondrial function: are bats ‘special’ as reservoirs for emerging viruses? *Curr. Opin. Virol.* 1 (6): 649-57
11. Wildlife Health Australia (WHA), 2017. WHA Fact sheet: Hendra virus in flying-foxes in Australia. Hendra virus and Australian wildlife *Fact sheet*.
12. World Health Organization (WHO), 2003. Cumulative number of reported probable cases of severe acute respiratory syndrome (SARS). Truy cập từ: <https://www.who.int/csr/sars/country/en/> [Ngày truy cập 11/3/2020]
13. World Health Organization (WHO), 2019. Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV). Truy cập từ: <https://www.who.int/csr/don/24-february-2020-mers-saudi-arabia/en/> [Ngày truy cập 11/3/2020]
14. World Health Organization (WHO), 2020. Clinical management of severe acute respiratory infection (SARI) when COVID-19 disease is suspected. Truy cập từ: [https://www.who.int/publications-detail/clinical-management-of-severe-acute-respiratory-infection-when-novel-coronavirus-\(ncov\)-infection-is-suspected](https://www.who.int/publications-detail/clinical-management-of-severe-acute-respiratory-infection-when-novel-coronavirus-(ncov)-infection-is-suspected) [Ngày truy cập 11/3/2020]
15. Zhou, P., Yang, X. L., Wang, X. G., Hu, B., Zhang, L., Zhang, W., Si, H. R., Zhu, Y., Li, B., Huang, C. L., Chen, H. D., Chen, J., Luo, Y., Guo, H., Jiang, R. D., Liu, M. Q., Chen, Y., Shen, X. R., Wang, X., Zheng, X. S., Zhao, K., Chen, Q. J., Deng, F., Liu, L. L., Yan, B., Zhan, F. X., Wang, Y. Y., Xiao, G. F. and Shi, Z. L., 2020. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*. 579, 270–273 .I.