

ĐẶC ĐIỂM DỊCH TỄ CỦA MỘT SỐ TÁC NHÂN GÂY BỆNH DO VE TRUYỀN TẠI MIỀN BẮC VIỆT NAM, NĂM 2022 - 2024

Phạm Ngọc Duẩn^{1,2,✉}, Dương Như Ngọc³, Đào Thị Hà Thanh³
Phạm Ngọc Minh^{1,2}, Nguyễn Ngọc San¹, Nguyễn Công Trọng¹

¹Trường Đại học Y Hà Nội
²Bệnh viện Đại học Y Hà Nội
³Viện Thú y

Các bệnh do ve truyền ngày càng trở lên phổ biến và ảnh hưởng đến sức khỏe cộng đồng trên toàn thế giới. Nghiên cứu nhằm xác định tỉ lệ nhiễm của *Anaplasma* spp., *Babesia* spp. và *Theileria* spp. trên ve ở miền Bắc Việt Nam. Tổng số 2457 mẫu ve được phân tích và xác định các tác nhân gây bệnh do ve truyền bằng kỹ thuật Nested PCR. Kết quả cho thấy có sự khác biệt về tỉ lệ nhiễm giữa các tỉnh và mùa, tỉ lệ nhiễm chung của *Anaplasma* spp. là 7,77%, *Babesia* spp. là 3,58% và *Theileria* spp. là 5,13%, trong đó *Anaplasma* và *Babesia* có tỉ lệ cao nhất ở Hà Nội (10,4% và 4,73%), *Theileria* cao nhất ở Thái Nguyên (6,46%). Mùa hè có tỉ lệ nhiễm cao nhất ở cả ba loài *Anaplasma*, *Babesia* và *Theileria* lần lượt là 14,67%, 5,79% và 8,3%. Tỉ lệ lưu hành thấp nhất vào mùa đông, sự khác biệt có ý nghĩa thống kê ($p < 0,01$). *R. microplus* và *R. sanguineus* là các vector truyền bệnh chủ yếu ở miền Bắc Việt Nam.

Từ khóa: *Anaplasma* spp., *Babesia* spp. và *Theileria* spp., ve.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Các bệnh do vector truyền là mối quan tâm đáng kể về sức khỏe con người và thú y trên toàn thế giới. *Anaplasma*, *Babesia* và *Theileria* là các tác nhân gây bệnh do ve truyền, có khả năng gây bệnh cho cả người và động vật, gây ra thiệt hại lớn về kinh tế cũng như gánh nặng bệnh tật ở nhiều khu vực, đặc biệt ở các nước đang phát triển.¹⁻³ Tại Hoa Kỳ, hơn 2000 ca nhiễm *Babesia* ở người được báo cáo hàng năm, mặc dù con số thực tế được cho là cao hơn nhiều. Ngoài ra, các loài *Babesia* gây bệnh cũng được báo cáo ở châu Mỹ, châu Âu, châu Á, châu Phi và Úc.¹ Tương tự, *Anaplasma* spp. phân bố ở rộng khắp trên thế giới, là bệnh do ve truyền mới nổi phổ biến ở Mỹ, Châu Âu và Châu Á. Solomon Ngutor Karshima (2022) tổng hợp

từ 126 nghiên cứu từ 33 quốc gia và vùng lãnh thổ ước tính tỉ lệ nhiễm *A. phagocytophilum* ở người là 4,76%, đặc biệt một số khu vực ở Bỉ có tỉ lệ nhiễm cao nhất là 37,54%.² Các tác nhân gây bệnh này chủ yếu được truyền qua các loài ve. Do đó, sự phân bố các căn nguyên gây bệnh có sự thay đổi theo phân bố của các loài ve và vật chủ của mỗi khu vực, ngoài ra chúng còn phụ thuộc các yếu tố môi trường sinh thái và khí hậu.⁴

Anaplasma spp. là vi khuẩn nội bào bắt buộc thuộc họ Anaplasmataceae, được biết là gây ra bệnh sốt ở nhiều vật chủ có xương sống, bao gồm cả động vật nhai lại và con người. *A. marginale* và *A. phagocytophilum* là những loài có khả năng gây bệnh cho người. *A. phagocytophilum* gây bệnh sốt rét bạch cầu hạt, biểu hiện bệnh sốt rét không đặc hiệu: sốt, ớn lạnh, nhức đầu, đau cơ và khó chịu; các phát hiện trong phòng xét nghiệm về giảm bạch cầu, giảm tiểu cầu và tăng men gan là phổ biến

Tác giả liên hệ: Phạm Ngọc Duẩn

Trường Đại học Y Hà Nội

Email: phamngocduan@hmu.edu.vn

Ngày nhận: 08/05/2025

Ngày được chấp nhận: 17/06/2025

nhất về mặt lâm sàng.⁵ *Babesia* spp. là đơn bào ký sinh thuộc ngành Apicomplexa gây ra bệnh babesiosis, một bệnh đặc trưng bởi tình trạng thiếu máu tan máu, sốt và suy đa cơ quan trong những trường hợp nghiêm trọng.¹ *Theileria* spp. là đơn bào ký sinh gây nên bệnh bạch cầu và hồng cầu ở động vật có móng, trong đó *T. annulata* và *T. parva* là loài gây bệnh nhiều nhất ở gia súc.³

Việt Nam, đặc biệt là khu vực phía bắc, là vùng lưu hành nhiều loài ve, tạo điều kiện thuận lợi cho sự lây truyền mầm bệnh do ve truyền. Các nghiên cứu trước đây đã xác định được nhiều loài ve ở Việt Nam, bao gồm *Rhipicephalus* spp., *Haemaphysalis* spp. và *Amblyomma* spp., đóng vai trò là vật trung gian chính cho *Anaplasma*, *Babesia* và *Theileria*.^{6,7} Dưới tác động của biến đổi khí hậu và tương tác ngày càng tăng giữa vật nuôi và động vật hoang dã, việc điều tra sự phân bố của các tác nhân gây bệnh này ở ve để đưa ra các chiến lược kiểm soát hiệu quả là vô cùng cần thiết. Tuy nhiên, dữ liệu về phân bố dịch tễ học của các tác nhân gây bệnh này vẫn còn hạn chế, đặc biệt là về phân bố địa lý, theo các mùa khác nhau trong năm và các loài ve truyền bệnh chính trong khu vực. Do đó, chúng tôi tiến hành nghiên cứu với mục tiêu xác định tỉ lệ nhiễm *Anaplasma*, *Babesia* và *Theileria* trên ve ở miền Bắc Việt Nam, năm 2022 - 2024.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP

1. Đối tượng

Phụ lục 1. Số lượng ve thu được theo địa điểm nghiên cứu

TT	Tỉnh/ thành phố	Quận/ huyện	Xã/ phường	Số lượng ve
1	Hà Nội	Đông Anh	Bắc Hồng	43
2	Hà Nội	Đông Anh	Nguyễn Khê	63
3	Hà Nội	Đông Anh	Thụy Lâm	27
4	Hà Nội	Đông Anh	Xuân Nộn	24

Tiêu chuẩn chọn mẫu

Các loài ve trên các loài trâu, bò, dê, ngựa và trong chuồng nuôi tại các điểm nghiên cứu đã chọn.

2. Phương pháp

Thiết kế nghiên cứu

Nghiên cứu mô tả cắt ngang

Cỡ mẫu

Áp dụng công thức tính ước lượng tỉ lệ cho quần thể, với khoảng tin cậy $Z_{1-\alpha/2} = 1,96$, khoảng sai lệch $d = 0,02$.⁸ Tỉ lệ ước tính của quần thể *Anaplasma*, *Theileria* và *Babesia* lần lượt là 5%, 10,6% và 50% (do không có số liệu nên tạm ước tính).^{9,10} Kết quả thu được cỡ mẫu của *Anaplasma*, *Theileria* và *Babesia* lần lượt là 456, 910 và 2401. Như vậy, số lượng mẫu cho nghiên cứu là 2401 ve. Thực tế chúng tôi thực hiện trên 2457 mẫu ve.

Thời gian nghiên cứu

Từ tháng 6/2022 đến 6/2024.

Địa điểm nghiên cứu

Các mẫu ve được thu thập từ 25 xã thuộc 3 tỉnh đại diện cho 3 vùng địa lý khác nhau là: Thái Nguyên, Sơn La và Hà Nội (chi tiết trong phụ lục 1). Các xã lựa chọn ngẫu nhiên có số lượng vật nuôi tối thiểu là 100. Các loài ve được thu thập theo các mùa Xuân, Hè, Thu và Đông. Nghiên cứu phòng thí nghiệm tại Bộ môn Ký sinh trùng, Trường Đại học Y Hà Nội và Bộ môn Ký sinh trùng, Viện Thú y.

TT	Tỉnh/ thành phố	Quận/ huyện	Xã/ phường	Số lượng ve
5	Hà Nội	Ba Vì	Minh Châu	91
6	Hà Nội	Ba Vì	Tản Lĩnh	311
7	Hà Nội	Ba Vì	Vân Hòa	254
8	Hà Nội	Gia Lâm	Kim Lan	3
9	Hà Nội	Gia Lâm	Phù Đổng	30
10	Thái Nguyên	Võ Nhai	Bình Long	102
11	Thái Nguyên	Võ Nhai	Tràng Xá	12
12	Thái Nguyên	Đại Từ	Cát Nê	230
13	Thái Nguyên	Đại Từ	Đức Lương	160
14	Thái Nguyên	Phú Lương	Động Đạt	56
15	Thái Nguyên	Phú Lương	Hợp Thành	105
16	Thái Nguyên	Định Hóa	Đông Thịnh	111
17	Thái Nguyên	Định Hóa	Linh Thông	122
18	Sơn La	Sông Mã	Chiềng Cang	155
19	Sơn La	Sông Mã	Chiềng Khoong	33
20	Sơn La	Sông Mã	Chiềng Sơ	45
21	Sơn La	Sông Mã	Mường Cai	104
22	Sơn La	Sông Mã	Mường Hung	31
23	Sơn La	Sông Mã	Nậm Mẩn	134
24	Sơn La	Vân Hồ	Liên Hòa	71
25	Sơn La	Vân Hồ	Song Khủa	140

Biến số nghiên cứu

- Tác nhân gây bệnh do ve truyền, bao gồm: *Anaplasma* spp., *Babesia* spp. và *Theileria* spp. (có/không trên mỗi ve).

- Số lượng và chủng loài ve như: *R. microplus*, *R. sanguineus*, *R. haemaphysaloides*, *Haemaphysalis* sp. và *Amblyomma* sp.

- Thông tin về địa điểm thu mẫu (xã/ phường, quận/huyện, tỉnh/ thành phố), thời gian thu mẫu (các mùa xuân, hè, thu và đông).

Kỹ thuật sử dụng trong nghiên cứu

Tổng số 2457 mẫu ve được thu thập và bảo quản trong cồn 70°, định danh bằng hình thái học theo các khóa định loài ve.¹¹ Sau đó, được tách chiết DNA bằng bộ QIAamp DNA Mini Kit (QIAGEN, Mỹ), chứng âm (dung dịch đệm) thực hiện cùng với các mẫu ve để theo dõi sự lây nhiễm chéo, tiến hành tách chiết theo quy trình của nhà sản xuất. Sử dụng kỹ thuật Nested PCR xác định các loài đơn bào và vi khuẩn, DNA *Anaplasma* 16S sử dụng mồi EHR1/EHR2 và EHR3/EHR4, DNA *Babesia* 18S sử dụng mồi RLB-F2/ RLB-R2 và RLB-FINT/ RLB-R2,

Theil-F/ Bab-R và *Theil-F/ Theil-R* cho DNA *Theileria* 18S.¹²⁻¹⁴ Chu kỳ nhiệt thực hiện như sau: lần 1: 95°C/ 5 phút, 95°C/60 giây, 58°C/45 giây, 72°C/1,5 phút và 72°C/10 phút. Lần 2: 95°C/ 5 phút, 95°C/60 giây, 59°C/45 giây, 72°C/1,5 phút và 72°C/10 phút. Sản phẩm PCR được điện di trên gel agarose xác định kích thước sản phẩm.

Phân tích số liệu

Toàn bộ số liệu thu thập được nhập và xử lý bằng phần mềm Excel 2019. Kiểm định Chi-square để so sánh hai tỉ lệ, giá trị $p < 0,05$ được cho là sự khác biệt có ý nghĩa thống kê.

3. Đạo đức nghiên cứu

Các mẫu ve được thu thập từ động vật nuôi trong quá trình chăm sóc thú y thường xuyên, do đó không cần xin phép về mặt đạo đức.

III. KẾT QUẢ

Nghiên cứu sử dụng kỹ thuật Nested PCR xác định các loài đơn bào và vi khuẩn gây bệnh đường máu trong các loài ve, bao gồm *Anaplasma* spp., *Babesia* spp. và *Theileria* spp. Kết quả cho thấy chiều dài sản phẩm PCR lần lượt là 512bp (*Anaplasma*), 420 - 440bp (*Babesia*) và 581bp (*Theileria*).

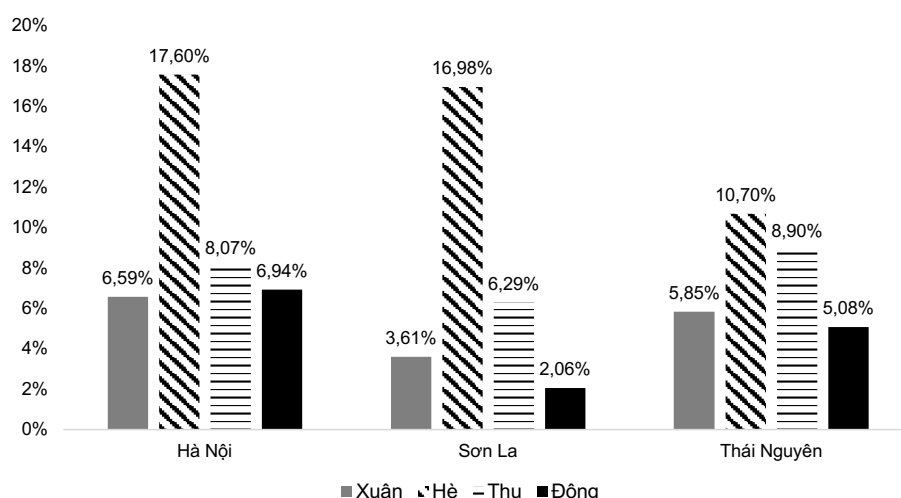
Bảng 1. Tỉ lệ nhiễm chung của *Anaplasma*, *Babesia*, *Theileria* trên ve

Đặc điểm	Số ve xét nghiệm	<i>Anaplasma</i> spp.			<i>Babesia</i> spp.			<i>Theileria</i> spp.		
		Số nhiễm	Tỉ lệ (%)	p	Số nhiễm	Tỉ lệ (%)	p	Số nhiễm	Tỉ lệ	p
Tỉnh				< 0,01*			> 0,05*			< 0,05*
Hà Nội	846	88	10,4		40	4,73		47	5,56	
Sơn La	713	33	4,63		18	2,52		21	2,95	
Thái Nguyên	898	70	7,8		30	3,34		58	6,46	
Mùa				< 0,01*			< 0,01*			< 0,01*
Xuân	566	30	5,3		12	2,12		24	4,24	
Hè	518	76	14,67		30	5,79		43	8,3	
Thu	741	59	7,96		36	4,86		41	5,53	
Đông	632	26	4,11		10	1,58		18	2,85	
Tổng	2457	191	7,77		88	3,58		126	5,13	

*: Chi – Square test

Tỉ lệ nhiễm chung của *Anaplasma* spp. là 7,77% (191/2457), *Babesia* spp. là 3,58% (88/2457) và *Theileria* spp. là 5,13% (126/2457). Tỉ lệ nhiễm *Anaplasma* spp. cao nhất tại Hà Nội (10,4%), tiếp theo là Thái Nguyên (7,8%) và thấp nhất tại Sơn La (4,63%), sự khác biệt có ý nghĩa thống kê ($p < 0,01$). Tỉ lệ nhiễm *Babesia* spp. trong khoảng từ 2,52% (Sơn La) đến 4,73% (Hà Nội), sự khác biệt không có ý

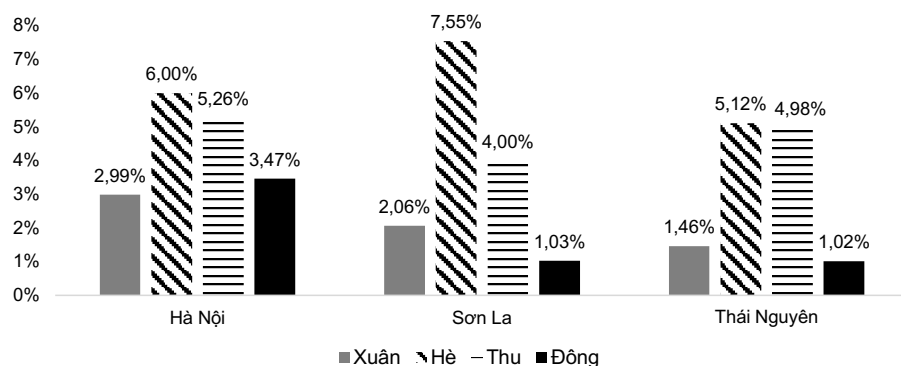
nghĩa thống kê ($p > 0,05$). Tỉ lệ nhiễm *Theileria* spp. cao nhất tại Thái Nguyên (6,46%), Hà Nội và Sơn La lần lượt là 5,56% và 2,95%, sự khác biệt có ý nghĩa thống kê ($p < 0,05$). Phân bố theo mùa, *Anaplasma* spp., *Babesia* spp. và *Theileria* spp. đều có tỉ lệ nhiễm trên ve cao nhất vào mùa hè và thấp nhất vào mùa đông, sự khác biệt có ý nghĩa thống kê ($p < 0,01$).



Biểu đồ 1. Phân bố của *Anaplasma* trên ve theo mùa và khu vực địa lý

Kết quả cho thấy có sự khác nhau về tỉ lệ nhiễm *Anaplasma* spp. theo mùa ở mỗi tỉnh. Tỉ lệ nhiễm cao nhất vào mùa hè ở cả ba tỉnh, Hà Nội (17,60%) và Sơn La (16,98%) có tỉ lệ nhiễm cao hơn so với Thái Nguyên (10,70%). Mùa đông có tỉ lệ nhiễm thấp nhất với Sơn La

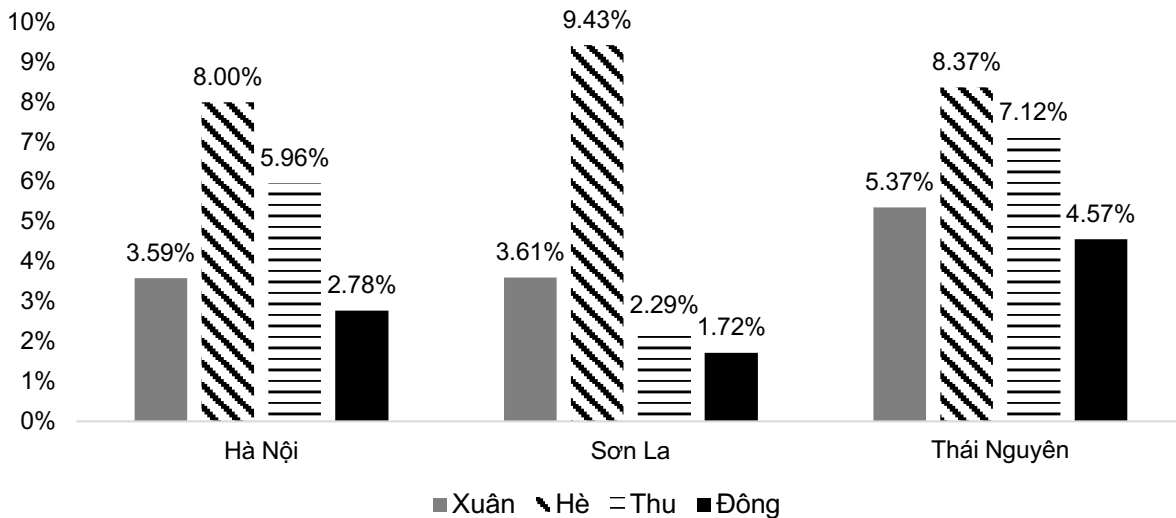
chỉ 2,06% và Thái Nguyên (5,08%), với Hà Nội là mùa xuân (6,59%). Mùa xuân và mùa Thu có tỉ lệ nhiễm trung bình, trong khoảng từ 3,61% đến 8,90%, tỉ lệ nhiễm cao hơn vào mùa thu so với mùa xuân ở cả ba tỉnh.



Biểu đồ 2. Tỉ lệ nhiễm của *Babesia* trên ve theo mùa và khu vực địa lý

Tỉ lệ nhiễm *Babesia* spp. trên ve vào mùa hè là cao nhất ở cả ba tỉnh, đặc biệt là ở Sơn La (7,55%), tiếp theo là Hà Nội (6,00%) và Thái Nguyên (5,12%). Mùa đông ghi nhận tỉ lệ nhiễm thấp nhất, Sơn La (1,03%) và Thái Nguyên (1,02%) có mức nhiễm rất thấp, trong khi Hà

Nội cao hơn một chút (3,47%). Mùa xuân và mùa thu thường có tỉ lệ nhiễm trung bình, trong khoảng từ 1,46% đến 5,26%, với Hà Nội có tỉ lệ nhiễm cao nhất vào mùa thu (5,26%) và xuân (2,99%) (Biểu đồ 2).



Biểu đồ 3. Tỉ lệ nhiễm của *Theileria* trên ve theo mùa và khu vực địa lý

Mùa hè có tỉ lệ nhiễm *Theileria* cao nhất ở cả ba tỉnh, đặc biệt là ở Sơn La (9,43%), tiếp theo là Thái Nguyên (8,37%) và Hà Nội (8,00%). Mùa đông có tỉ lệ nhiễm thấp nhất, với Sơn La (1,72%) và Hà Nội (2,78%), Thái Nguyên có tỉ lệ

nhiễm cao hơn (4,57%). Mùa xuân và mùa thu có mức nhiễm trung bình, từ 2,29% đến 7,12%, với Thái Nguyên có tỉ lệ cao nhất vào cả mùa xuân (5,37%) và mùa thu (7,12%) (Biểu đồ 3).

Bảng 2. Tỉ lệ nhiễm *Anaplasma* spp., *Babesia* spp. và *Theileria* spp. trên các loài ve

Loài ve	Số lượng ve	<i>Anaplasma</i> spp.			<i>Babesia</i> spp.			<i>Theileria</i> spp.		
		Số nhiễm	Tỉ lệ (%)	p	Số nhiễm	Tỉ lệ (%)	p	Số nhiễm	Tỉ lệ (%)	p
<i>R. microplus</i>	2167	157	7,25	< 0,05*	60	2,77	< 0,01*	104	4,80	> 0,05*
<i>R. sanguineus</i>	270	30	11,11		26	9,63		21	7,78	
<i>R. haemaphysaloides</i>	4	1	25		1	25		0	0	
<i>Haemaphysalis</i> sp.	11	1	9,09		1	9,09		1	9,09	
<i>Amblyomma</i> sp.	5	2	40		0	0		0	0	

*: Chi – Square test

Kết quả cho thấy sự khác biệt trong tỉ lệ nhiễm *Anaplasma* spp., *Babesia* spp., và *Theileria* spp. giữa các loài ve. *R. microplus* có tỉ lệ nhiễm *Anaplasma* spp. là 7,25%, *Babesia* spp. là 2,77%, và *Theileria* spp. là 4,80%. *R. sanguineus* có tỉ lệ nhiễm cao hơn so với *R. microplus*, cụ thể *Anaplasma* spp. (11,11%), *Babesia* spp. (9,63%), sự khác biệt có ý nghĩa thống kê với lần lượt $p < 0,05$ và $p < 0,01$, trong khi đó *Theileria* spp. (7,78%) sự khác biệt không ý nghĩa thống kê ($p > 0,05$). *R. haemaphysaloides* có tỉ lệ nhiễm *Anaplasma* spp. và *Babesia* spp. cao nhất (25%), tuy nhiên điều này cần được kiểm chứng thêm do số lượng mẫu ít ($n = 4$). Tương tự, *Haemaphysalis* sp. và *Amblyomma* sp. cũng có số lượng ve ít, lần lượt là 11 và 5. Tỉ lệ nhiễm trên *Haemaphysalis* sp. là như nhau (9,09%) cho cả ba tác nhân gây bệnh, trong khi *Amblyomma* sp. có tỉ lệ nhiễm *Anaplasma* spp. cao nhất (40%) nhưng không có trường hợp nào phát hiện nhiễm *Babesia* spp. và *Theileria* spp.

IV. BÀN LUẬN

Nghiên cứu thực hiện trên 2457 mẫu ve thu thập tại 3 tỉnh miền Bắc Việt Nam bao gồm Hà Nội, Sơn La và Thái Nguyên. Kết quả nghiên cứu cho thấy sự khác biệt về phân bố địa lý và mùa trong tỉ lệ lưu hành của *Anaplasma* spp., *Babesia* spp. và *Theileria* spp. trong quần thể ve tại miền Bắc Việt Nam. Tỉ lệ lưu hành chung của *Anaplasma* spp., *Babesia* spp. và *Theileria* spp. lần lượt là 7,77%, 3,58% và 5,13% (Bảng 1). Những kết quả này phù hợp với các nghiên cứu trước đây báo cáo tỉ lệ nhiễm khác nhau giữa các loài ve và vị trí địa lý khác nhau.^{15,16}

Sự khác biệt về mặt địa lý thể hiện trong tỉ lệ lưu hành của *Anaplasma* spp. và *Babesia* spp., *Theileria* spp., trong đó cao nhất ở Hà Nội và thấp nhất ở Sơn La (Bảng 1). Điều này có thể do Hà Nội có số lượng các đàn gia súc chăn

nuôi lớn, thường được nuôi tập trung trong khu vực diện tích nhỏ hơn so với Sơn La và Thái Nguyên. Do đó các loài ve thường có mật độ lớn hơn, dễ nhiễm bệnh hơn so với Thái Nguyên và Sơn La. Ngoài ra, sự khác biệt ở các khu vực có thể là do sự khác biệt về thành phần loài ve, điều kiện môi trường, vật nuôi tạo điều kiện thuận lợi cho hoạt động của ve và lây truyền mầm bệnh.^{17,18}

Sự thay đổi về tỉ lệ nhiễm của các loài theo mùa trong nghiên cứu đã củng cố ảnh hưởng của điều kiện khí hậu đến sự lây truyền mầm bệnh. Tỉ lệ nhiễm cao nhất được ghi nhận vào mùa hè và thấp nhất vào mùa đông trên tất cả các loài, sự khác biệt có ý nghĩa thống kê với $p < 0,01$ (Bảng 1). Kết quả này phù hợp với các báo cáo trước đây chỉ ra hoạt động của ve và tỉ lệ truyền mầm bệnh cao hơn trong mùa ẩm và ấm, tạo điều kiện thuận lợi cho cả sự sinh sản của ve và sự sống sót của mầm bệnh.¹⁷ Sự biến động theo mùa về khả năng tiếp cận vật chủ, đặc biệt là sự di chuyển của gia súc và việc tiếp xúc với các vật trung gian bị nhiễm bệnh, cũng làm tăng tỉ lệ nhiễm trùng.¹⁹ Những kết quả này cho thấy sự cần thiết phải có các chiến lược kiểm soát ve trong các mùa cao điểm lây truyền, đặc biệt là ở các khu vực có nguy cơ cao như Hà Nội và Thái Nguyên. Hơn nữa, việc giám sát dịch tễ liên tục các tác nhân gây bệnh do ve truyền là điều cần thiết để giảm thiểu rủi ro đối với sức khỏe con người và thú y.

Khảo sát phân bố của các tác nhân gây bệnh theo địa lý và mùa cho thấy sự khác biệt trong tỉ lệ nhiễm trùng cũng rất rõ ràng, Hà Nội có tỉ lệ nhiễm *Anaplasma* cao nhất là vào mùa hè, tương tự với *Babesia* và *Theileria* (Biểu đồ 1, 2 và 3). Sơn La có tỉ lệ nhiễm thấp nhất vào mùa đông ở cả 3 mầm bệnh. Kết quả cho thấy sự biến động về tỉ lệ lưu hành các mầm bệnh theo mùa ở Sơn La là rõ ràng nhất. Sự khác biệt này có thể do nhiệt độ trung bình vào mùa đông ở Sơn La cũng thấp hơn so với

Hà Nội và Thái Nguyên. Điều này có thể dẫn đến sự phát triển của ve giảm đi nhiều hơn, làm giảm khả năng lây truyền mầm bệnh. Ngoài ra, sự khác biệt có thể do tập quán chăn thả gia súc của người dân, ở Sơn La gia súc thường được chăn thả tự do và ở các hộ gia đình nhỏ. Trong khi đó, gia súc ở Hà Nội và Thái Nguyên thường chăn thả với số lượng lớn hơn và nuôi tập trung hơn. Nghiên cứu của Dantas-Torres cũng chỉ ra các biện pháp canh tác nông nghiệp cũng ảnh hưởng đến sự phát triển và phân bố của các loài ve.²⁰

Các tác nhân gây bệnh cũng có sự khác nhau giữa các loài ve, *R. microplus* là loài ve phổ biến nhất các địa điểm nghiên cứu, *Anaplasma* spp. có tỉ lệ nhiễm cao nhất (Bảng 2). Kết quả này phù hợp với nghiên cứu trước đây chỉ ra rằng *R. microplus* là vector chính cho *Anaplasma* spp., mặc dù kém hiệu quả hơn trong việc truyền các tác nhân gây bệnh *Babesia* và *Theileria*.^{15,16} Tuy nhiên, *R. sanguineus* mới là loài có tỉ lệ nhiễm trùng cao hơn so với *R. microplus* ở cả ba tác nhân gây bệnh. Điều này có thể do khả năng cảm thụ với các tác nhân gây bệnh của *R. sanguineus* cao hơn so với *R. microplus* hoặc do sự khác biệt trong môi trường sống và vật chủ ký sinh của hai loài ve này. Trong nghiên cứu trước đó của Dantas-Torres cho thấy *R. sanguineus* là loài có khả năng truyền nhiều loại bệnh do có phạm vi vật chủ rộng và khả năng thích nghi với nhiều điều kiện môi trường khác nhau.²⁰ *R. haemaphysaloides* do có số lượng ve ít nên tỉ lệ phân bố của các tác nhân gây bệnh không thực sự chính xác với thực tế. Nghiên cứu trước đây cho thấy *R. haemaphysaloides* có thể đóng vai trò là vector cho một số tác nhân gây bệnh, tuy nhiên vai trò của nó trong việc truyền *Anaplasma* và *Babesia* vẫn chưa được hiểu rõ.²¹ *Haemaphysalis* spp. cho thấy tỉ lệ phân bố đồng đều trên cả ba tác nhân gây bệnh, phù hợp với các nghiên cứu trước đây

về vai trò của chúng trong việc truyền bệnh.²² Đối với *Amblyomma* sp. cho thấy tỉ lệ lưu hành cao nhất là của *Anaplasma* sp., nhưng không phát hiện ve nào nhiễm *Babesia* spp. hoặc *Theileria* spp. Trong khi loài *Amblyomma* được biết đến có vai trò quan trọng trong việc truyền các mầm bệnh vi khuẩn như *Ehrlichia* và *Rickettsia*, sự liên quan của chúng trong việc truyền *Anaplasma* vẫn cần được nghiên cứu thêm.²³

V. KẾT LUẬN

Kết quả nghiên cứu cho thấy có sự khác nhau về phân bố các tác nhân gây bệnh do ve truyền theo khu vực địa lý, mùa trong năm và trong các loài ve khác nhau. Tỉ lệ nhiễm chung của *Anaplasma* spp. là 7,77%, *Babesia* spp. là 3,58% và *Theileria* spp. là 5,13%, trong đó Hà Nội có tỉ lệ nhiễm cao nhất ở cả 3 loài, mùa hè là mùa có tỉ lệ nhiễm cao nhất, tỉ lệ nhiễm thấp nhất là vào mùa đông. Kết quả nghiên cứu gợi ý để phòng chống các bệnh do ve truyền nên tập trung thực hiện các biện pháp diệt ve vào mùa hè.

XUNG ĐỘT LỢI ÍCH

Các tác giả tuyên bố không có xung đột lợi ích.

TÀI TRỢ

Nghiên cứu này được thực hiện và tài trợ theo nhiệm vụ Nghị định thư, mã số NGĐT/HU/22/02. Kinh phí thuộc ngân sách Nhà nước, cấp bởi Bộ Khoa học và Công nghệ.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Kumar A, J O'Bryan and PJ Krause. The Global Emergence of Human Babesiosis. *Pathogens*, 2021. 10(11). DOI: 10.3390/pathogens10111447.
2. Karshima SN, MI Ahmed, CA Kogi, et al. *Anaplasma phagocytophilum* infection rates

in questing and host-attached ticks: a global systematic review and meta-analysis. *Acta Trop*, 2022. 228: p. 106299. DOI: 10.1016/j.actatropica.2021.106299.

3. Mans BJ, R Pienaar and AA Latif. A review of *Theileria* diagnostics and epidemiology. *Int J Parasitol Parasites Wildl*, 2015. 4(1): p. 104-18. DOI: 10.1016/j.ijppaw.2014.12.006.

4. Jongejan F and G Uilenberg. The global importance of ticks. *Parasitology*, 2004. 129 Suppl: p. S3-14. DOI: 10.1017/s0031182004005967.

5. Bakken JS and JS Dumler. Human granulocytic anaplasmosis. *Infect Dis Clin North Am*, 2015. 29(2): p. 341-55. DOI: 10.1016/j.idc.2015.02.007.

6. Hornok S, R Farkas, NN Duong, et al. A morpho-phylogenetic update on ixodid ticks infesting cattle and buffalos in Vietnam, with three new species to the fauna and a checklist of all species indigenous to the country. *Parasit Vectors*, 2024. 17(1): p. 319. DOI: 10.1186/s13071-024-06384-5.

7. Nguyen VL, V Colella, R Iatta, et al. Ticks and associated pathogens from dogs in northern Vietnam. *Parasitol Res*, 2019. 118(1): p. 139-142. DOI: 10.1007/s00436-018-6138-6.

8. Daniel WW and CL Cross. Biostatistics: a foundation for analysis in the health sciences. 2018: John Wiley & Sons.

9. Khukhuu A, DT Lan, PT Long, et al. Molecular epidemiological survey of *Theileria orientalis* in Thua Thien Hue Province, Vietnam. *J Vet Med Sci*, 2011. 73(5): p. 701-5.

10. Huynh LN, AZ Diarra, QL Pham, et al. Morphological, molecular and MALDI-TOF MS identification of ticks and tick-associated pathogens in Vietnam. *PLoS Negl Trop Dis*, 2021. 15(9): p. e0009813. DOI: 10.1371/journal.pntd.0009813.

11. Phan Trọng Cung, Đ.V.T.v.c. Bộ Ve Vét - Acarina. *Động vật chí Việt Nam*. 2001, Hà Nội: NXB Khoa học và Kỹ thuật. 405 trang.

12. Hosseini-Vasoukolaei N, MA Oshaghi, P. Shayan, et al. *Anaplasma* Infection in Ticks, Livestock and Human in Ghaemshahr, Mazandaran Province, Iran. *J Arthropod Borne Dis*, 2014. 8(2): p. 204-11. PMCID: PMC4478432.

13. Hamšíková Z, M Kazimírová, D Haruštiaková, et al. *Babesia* spp. in ticks and wildlife in different habitat types of Slovakia. *Parasit Vectors*, 2016. 9(1): p. 292. DOI: 10.1186/s13071-016-1560-z

14. Mohammadi SM, B Esmaeilnejad and G Jalilzadeh-Amin. Molecular detection, infection rate and vectors of *Theileria lestoquardi* in goats from West Azerbaijan province, Iran. *Vet Res Forum*, 2017. 8(2): p. 139-144. PMCID: PMC5524552

15. Schnittger L, AE Rodriguez, M Florin-Christensen, et al. *Babesia*: a world emerging. *Infect Genet Evol*, 2012. 12(8): p. 1788-809. DOI: 10.1016/j.meegid.2012.07.004

16. de la Fuente J, A Estrada-Pena, JM Venzal, et al. Overview: Ticks as vectors of pathogens that cause disease in humans and animals. *Front Biosci*, 2008. 13: p. 6938-46. DOI: 10.2741/3200

17. Estrada-Peña A, J de la Fuente and A. Cabezas-Cruz. Functional Redundancy and Ecological Innovation Shape the Circulation of Tick-Transmitted Pathogens. *Front Cell Infect Microbiol*, 2017. 7: p. 234. DOI: 10.3389/fcimb.2017.00234.

18. Medlock JM, KM Hansford, A Bormane, et al. Driving forces for changes in geographical distribution of *Ixodes ricinus* ticks in Europe. *Parasit Vectors*, 2013. 6: p. 1. DOI: 10.1186/1756-3305-6-1.

19. Stuen S, EG Granquist and C Silaghi. *Anaplasma phagocytophilum*-a widespread multi-host pathogen with highly adaptive strategies. *Front Cell Infect Microbiol*, 2013. 3: p. 31. DOI: 10.3389/fcimb.2013.00031.

20. Dantas-Torres F. Climate change, biodiversity, ticks and tick-borne diseases: The butterfly effect. *Int J Parasitol Parasites Wildl*, 2015. 4(3): p. 452-61. DOI: 10.1016/j.ijppaw.2015.07.001.

21. Zhang YK, XY Zhang and JZ Liu. Ticks (Acari: Ixodoidea) in China: Geographical distribution, host diversity, and specificity.

Arch Insect Biochem Physiol, 2019. 102(3): p. e21544. DOI: 10.1002/arch.21544.

22. Gubbels JM, AP de Vos, M van der Weide, et al. Simultaneous detection of bovine *Theileria* and *Babesia* species by reverse line blot hybridization. *J Clin Microbiol*, 1999. 37(6): p. 1782-9. DOI: 10.1128/JCM.37.6.1782-1789.1999.

23. Parola P, CD Paddock and D Raoult. Tick-borne rickettsioses around the world: emerging diseases challenging old concepts. *Clin Microbiol Rev*, 2005. 18(4): p. 719-56. DOI: 10.1128/CMR.18.4.719-756.2005.

Summary

EPIDEMIOLOGICAL CHARACTERISTICS OF TICK-BORNE PATHOGENS IN NORTHERN VIETNAM, 2022 – 2024

Tick-borne pathogens pose a significant threat to public health worldwide. This study aimed to determine the prevalence of *Anaplasma* spp., *Babesia* spp., and *Theileria* spp. in ticks collected from northern Vietnam. A total of 2,457 ticks were analyzed and identified using Nested PCR. The results indicated significant variations in prevalence across provinces and seasons. The overall infection rates were 7.77% for *Anaplasma* spp., *Babesia* spp. (3.58%) and *Theileria* spp. (5.13%). The highest prevalence of *Anaplasma* (10.4%) and *Babesia* (4.73%) was recorded in Ha Noi, whereas *Theileria* exhibited the highest prevalence in Thai Nguyen (6.46%). Summer showed the highest infection rates for all three pathogens, with *Anaplasma*, *Babesia*, and *Theileria* reaching 14.67%, 5.79%, and 8.3%, respectively, while winter recorded the lowest prevalence. These seasonal differences were statistically significant ($p < 0.01$). *R. microplus* and *R. sanguineus* were identified as the major vector species in the northern Vietnam.

Keywords: *Anaplasma* spp., *Babesia* spp., *Theileria* spp., ticks.