

THỰC TRẠNG NHIỄM VI RÚT GÂY BỆNH TRUYỀN QUA THỰC PHẨM VÀ ĐỀ XUẤT BIỆN PHÁP GIÁM SÁT

Phan Thị Thanh Hà¹, Cao Thị Hoa², Hà Thị Anh Đào^{1,3,✉}

¹ Hội Dinh dưỡng Việt Nam

² Phòng Y tế quận Hai Bà Trưng, Hà Nội

³ Trường Đại học Thăng Long, Hà Nội

TÓM TẮT

Thực phẩm cung cấp các chất dinh dưỡng cần thiết cho cơ thể phát triển, duy trì sự sống nhưng nếu thực phẩm nhiễm vi khuẩn, vi rút sẽ là nguyên nhân gây ngộ độc hàng loạt ảnh hưởng lớn tới sức khỏe, kinh tế, xã hội cũng như sự cạnh tranh lành mạnh của thực phẩm trên thị trường tiêu dùng trong nước và trên thế giới. Theo báo cáo của Tổ chức Y tế Thế giới, thực phẩm không an toàn là nguyên nhân gây ra khoảng 600 triệu ca mắc bệnh truyền qua thực phẩm với 420.000 ca tử vong mỗi năm. Trong các tác nhân vi sinh vật gây bệnh truyền qua thực phẩm thì số ca bệnh do vi rút chiếm tỷ lệ ngày càng lớn, trong khi số ca bệnh nhiễm trùng đường tiêu hóa do vi khuẩn và ký sinh trùng được đánh giá là có xu hướng giảm nhờ ứng dụng công nghệ xử lý nước uống và nước thải.

Báo cáo hàng năm của Bộ Y tế Việt Nam đã cho thấy số vụ ngộ độc thực phẩm hàng loạt do nguyên nhân vi sinh vật thường chiếm tỷ lệ rất cao. Tình trạng đồng nhiễm vi rút trên các mẫu bệnh phẩm và nhuẩn thể hai mảnh vỏ đã được một số công trình nghiên cứu ghi nhận. Tuy nhiên, bức tranh toàn cảnh về tình hình nhiễm vi rút gây bệnh truyền qua thực phẩm còn thiếu, năng lực kiểm soát vi rút gây bệnh trong thực phẩm, bệnh phẩm của phòng thí nghiệm chưa được quan tâm đúng mức. Bài báo cập nhật các thông tin khoa học trên thế giới và trong nước nhằm mục tiêu cung cấp số liệu về “thực trạng nhiễm vi rút gây bệnh truyền qua thực phẩm và đề xuất biện pháp giám sát” đã được thực hiện.

Từ khóa: vi rút gây bệnh truyền qua thực phẩm, đồng nhiễm vi rút, nhuẩn thể hai mảnh vỏ.

CURRENT SITUATION OF FOODBORNE VIRUS INFECTION AND RECOMMENDATIONS ON MONITORING MEASURES

ABSTRACT

Food provides essential nutrients for the body to develop and sustain life. On the other hand, food contaminated with bacteria or viruses can cause mass poisoning and greatly affect individual health, society, and the competitive edge of food in the domestic and international markets, resulting in economic consequences. According to a report by the World Health Organization, unsafe food is responsible for about 600 million cases of foodborne diseases, with 420,000 deaths each year. Among the microorganisms causing foodborne diseases, the number of infections caused by viruses is increasing, while the figures for bacteria and parasites have been improved thanks to the application of treatment technology in processing drinking water and wastewater. The Vietnamese Ministry of Health annual report has shown that mass food poisoning cases caused by microorganisms often account for a very high proportion.

✉ Tác giả liên hệ: Hà Thị Anh Đào
Email: haanhdao55@gmail.com
Doi: 10.56283/1859-0381/846.

Nhận bài: 23/10/2024 Chính sửa: 26/10/2024
Chấp nhận đăng: 27/10/2024
Công bố online: 28/10/2024

The co-infection of viruses in clinical samples and bivalve molluscs has been recorded in several research. However, there is a lack of an overall picture of foodborne viral infections situation, and the capacity to control viral infections in food and laboratory specimens has not received due attention. Therefore, this article updates scientific information worldwide and in the country to provide data on the current situation of foodborne virus infection and some recommended monitoring measures that have been implemented.

Keywords: *foodborne viruses, virus co-infection, bivalve molluscs.*

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

An toàn thực phẩm luôn là vấn đề liên quan trực tiếp đến sức khỏe người tiêu dùng và thu hút sự quan tâm của toàn xã hội. Theo báo cáo của Tổ chức Y tế Thế giới (WHO), thực phẩm không an toàn là nguyên nhân gây ra khoảng 600 triệu ca mắc bệnh truyền qua thực phẩm với 420.000 ca tử vong mỗi năm [1]. Trong các tác nhân vi sinh vật gây bệnh truyền qua thực phẩm thì số ca bệnh do vi rút chiếm tỷ lệ ngày càng lớn, trong khi số ca bệnh nhiễm trùng đường tiêu hóa do vi khuẩn và ký sinh trùng được đánh giá là có xu hướng giảm nhờ ứng dụng công nghệ xử lý nước uống và nước thải [2].

Trong số các vi rút gây bệnh truyền qua thực phẩm thì Norovirus (NoV) và vi rút viêm gan A (Hepatitis A virus - HAV) là hai tác nhân vi rút gây bệnh phổ biến nhất, tiếp đó là vi rút viêm gan E (Hepatitis E virus - HEV), Astrovirus (AV), Sapovirus (SaV), Aichivirus (AiV), Enterovirus (EV), Human Astrovirus (HAstV) và Adenovirus (AdV).

Các nghiên cứu trên thế giới đã cảnh báo tỷ lệ nhiễm NoV trong nhuyễn thể hai mảnh vỏ (NTHMV) là rất đáng lo ngại [3] (có thể lên tới 83,7% số mẫu), tiếp đến là vi rút viêm gan A (chiếm tỷ lệ 12,8%). Tại châu Á, nghiên cứu thực hiện trên mẫu hào được thu thập hàng tuần trong mùa đông từ tháng 11 năm 2014 đến tháng 3 năm 2015 ở Nhật Bản ghi nhận số mẫu

dương tính với các chủng NoV nhóm GII gồm GII.3, GII.4, GII.6, GII.13, và GII.17, tương ứng với các chủng NoV được tìm thấy trên thế giới [4]. Nghiên cứu của Kittigul từ tháng 8 năm 2011 đến tháng 7 năm 2012 trên mẫu hào, trai và sò thu thập tại các chợ ở Băng cốc, Thái Lan công bố các mẫu dương tính với 5 kiểu gen của NoV nhóm GI gồm GI.2, GI.3, GI.4, GI.5, và GI.9), và 4 genotype nhóm GII gồm GII.1, GII.2, GII.3, và GII.4 [5]. Kết quả định lượng RNA của Norovirus GI và Norovirus GII trong 30 mẫu ngao dầu thu thập tại chợ dân sinh và siêu thị trên địa bàn Hà Nội trong khoảng thời gian từ tháng 3/2016 đến tháng 12 năm 2016 cũng phát hiện 13/30 (43,3%) mẫu dương tính với Norovirus GI và 27/30 (90%) mẫu dương tính với Norovirus GII. Tỷ lệ nhiễm này cao hơn nhiều khi so sánh với các số liệu trong các nghiên cứu tương tự trên ngao được thực hiện tại Ý và Nhật Bản. Phân tích thống kê cho thấy tỉ lệ nhiễm Norovirus GII luôn cao hơn tỉ lệ nhiễm Norovirus GI tại siêu thị lẫn chợ dân sinh ($p < 0,05$) [6].

Đặc điểm khí hậu nhiệt đới nóng ẩm ở nước ta là điều kiện thuận lợi cho sự phát triển của vi sinh vật gây bệnh trong nước, thực phẩm nguồn gốc động vật, thủy hải sản, thức ăn chín chưa được bảo quản đầy đủ sau khi giết mổ, thu hoạch và chế biến. Báo cáo hàng năm của Bộ Y tế đã cho thấy số vụ ngộ độc thực phẩm hàng loạt

do nguyên nhân vi sinh vật thường chiếm tỷ lệ cao nhất, đáng chú ý là các vụ ngộ độc do *Salmonella* thường gây hậu quả nặng nề. Tuy nhiên, cho đến nay những ảnh hưởng của vi rút gây bệnh truyền qua thực phẩm đến sức khỏe và lợi ích kinh tế quốc gia còn ít được báo cáo, năng lực kiểm soát tình trạng nhiễm vi rút gây bệnh

trong thực phẩm ở các phòng thí nghiệm chưa được quan tâm đúng mức. Do vậy, việc cập nhật các thông tin khoa học nhằm mục tiêu cung cấp số liệu về “Thực trạng nhiễm vi rút gây bệnh truyền qua thực phẩm và đề xuất biện pháp giám sát” là cần thiết.

II. THỰC TRẠNG NHIỄM VI RÚT GÂY BỆNH TRUYỀN QUA THỰC PHẨM

NoV là tác nhân gây viêm dạ dày-ruột cao nhất với khoảng 700 triệu ca bệnh và gần 200.000 ca tử vong mỗi năm [7]. HAV là vi rút xếp thứ hai gây bệnh truyền qua thực phẩm với 13,7 triệu người mắc và 28.000 ca tử vong hàng năm trên toàn thế giới [8]. Khảo sát về nguy cơ nhiễm HAV, nghiên cứu của Manso năm 2010 đã xác định kiểu gen của HAV trong 160 mẫu NTHMV tại Tây Ban Nha gồm 99 mẫu vẹm, 30 mẫu ngao và 31 mẫu sò, kết quả xác định được 69 mẫu dương tính với HAV, tất cả các chủng đều thuộc phân nhóm IB, là phân nhóm HAV gây bệnh phổ biến ở người [9]. Một nghiên cứu khác của Desbois thực hiện tại Pháp trong khoảng thời gian từ năm 2002 đến năm 2007 nghiên cứu về HAV nhóm I, II và III là các nhóm HAV gây bệnh ở người, biến động kiểu gen của HAV GII là thấp nhất trên cả 4 vùng gen xác định [10].

Tương tự như NoV, AV thường được tìm thấy trong NTHMV nuôi ở vùng nước bị ô nhiễm. Trẻ em là đối tượng có nguy cơ cao mắc AV nhất, trong đó theo một nghiên cứu năm 2013, có đến 3% trẻ em dưới năm tuổi mắc vi rút này phải nhập viện [11]. Một nghiên cứu được thực hiện trên 384 mẫu bệnh phẩm tại Tây Ban Nha cho thấy AV chiếm 13,3% và đã phát hiện 66% các mẫu đồng nhiễm [12].

Hepatitis E virus nằm trong nhóm các vi rút gây viêm gan, theo thống kê của Tổ chức Y tế Thế giới, hàng năm có trên 2,3

triệu người nhiễm HEV với 70.000 ca tử vong, chủ yếu liên quan đến việc sử dụng thực phẩm được thu hoạch từ các vùng có nguồn nước bị ô nhiễm, với tỷ lệ cao nhất ở Đông và Nam Á [13]. Tại châu Âu, nghiên cứu được thực hiện tại vùng Ardrossan, Scotland, nơi có chuỗi lò mổ và nhà máy chế biến thịt với lượng nước thải lớn, được xem là nguồn ô nhiễm tiềm ẩn, trong số 48 mẫu trai được lấy từ 5 vùng lân cận, đã cho thấy 41 mẫu (85%) dương tính với HEV, lượng vi rút lên đến 10^4 phiên bản/g. Kết quả phân tích kiểu gen của các chủng HEV nhận thấy chúng đều thuộc nhóm GIII [14]. Năm 2017, một nghiên cứu thực hiện trên 310 mẫu nhuyễn thể có vỏ tại Anh cũng phát hiện 9 mẫu dương tính với HEV, kiểu gen của các chủng đều thuộc GIII [15].

Sapovirus là vi rút trước đây được cho là hiếm gặp ở thủy hải sản, nhưng hiện nay đã có một số nghiên cứu chỉ ra khả năng nhiễm SaV trong các mẫu hải sản. Tại Tây Ban Nha, trên 168 mẫu nhuyễn thể thu thập năm 2016, đã phát hiện 30 mẫu dương tính với SaV (17,9%) thuộc bốn nhóm GI.1 (6,7%), GI.2 (26,7%), GIV.1 (6,7%) và GV.1 (3,8%) [16].

Aichivirus được phát hiện lần đầu tại Nhật năm 1989 và cho rằng AiV là vi rút chỉ điểm sự nhiễm tạp hỗn hợp của nhiều tác nhân. Tuy nhiên, quan điểm này đã được xem xét lại sau vụ dịch tại miền Bắc nước Đức vào năm 2004 trên 499 bệnh

nhân viêm dạ dày ruột, trong đó có 10 bệnh nhân (2%) dương tính hoàn toàn với chỉ một tác nhân AiV [17]. Đến nay, một số nghiên cứu được thực hiện ở Nhật Bản, Đức, Pháp, Tunisia và Tây Ban Nha đã xác định tỷ lệ kháng thể AiV cao ở người lớn (từ 80% đến 99%), đây là dấu hiệu cho thấy mức độ phơi nhiễm khá cao với loại vi rút này trong cộng đồng.

Enterovirus thuộc nhóm các vi rút gây bệnh đường ruột, EV thường gặp ở thủy hải sản. Một nghiên cứu được thực hiện năm 2018 tại các chợ bán lẻ của Ấn Độ trên 89 mẫu hải sản cho thấy tỉ lệ nhiễm EV là 35,95% và tỉ lệ nhiễm ở NTHMV lên tới 100% [18].

Human Astrovirus nhiễm vào thực phẩm đã được Vilarino và cộng sự thực hiện nghiên cứu tại Tây Ban Nha trên 41 mẫu NTHMV, phát hiện 12,2% mẫu nhiễm HAsV [19]. Nghiên cứu của David Polo và cộng sự trên 50 mẫu NTHMV nhập khẩu từ Ma rốc, Peru, Hàn Quốc và Việt Nam cũng đã phát hiện HAsV trong 18% số mẫu, đáng chú ý, mẫu NTHMV nhập khẩu từ Việt Nam nhiễm HAsV cũng đồng nhiễm với HAV và NoV nhóm GI [20].

Khác với các vi rút có vật liệu di truyền RNA đã được nêu ở trên, Adenovirus (AdV) là vi rút thuộc họ *Adenoviridae* với vật liệu di truyền là DNA, kích thước virus từ 70 đến 80 nm đường kính, không có vỏ bọc, capsid có đối xứng hình khối và virus có hình đa giác đều tạo nên bởi 252 capsome. Ở nhóm gây bệnh cho động vật có vú, bao gồm người, AdV được phân lập thành 47 type, chia làm 6 nhóm ký hiệu A- F dựa vào những đặc điểm sinh lý, sinh hoá và sinh học phân tử. Vi rút này bền vững trong phạm vi pH rộng từ 2 – 10, do đó có thể tồn tại và không giảm hoạt tính xâm nhiễm khi ở 4°C trong nhiều tuần hoặc ở -25°C trong nhiều tháng [21]. Gần đây,

tình trạng trẻ em nhập viện do tiêu chảy cùng mối nguy cơ về “bệnh viêm gan lạ” đang hướng sự tập trung của các nhà khoa học đến AdV 41F. Nghiên cứu năm 2019 tại Ấn Độ thực hiện trên 47 mẫu hải sản cho thấy tỉ lệ nhiễm AdV là 21,27%, trong đó tỉ lệ nhiễm ở ngao cao nhất, chiếm 14,89% [22]. Một nghiên cứu khác được thực hiện trên các mẫu NTHMV tại Đài Loan năm 2022 cũng cho thấy tỉ lệ nhiễm AdV là 18%, trong đó AdV A12 và F41 là hai chủng chiếm ưu thế [23].

Tại Việt Nam, các nghiên cứu trên mẫu bệnh phẩm đã chỉ ra nguy cơ đồng nhiễm với nhiều tác nhân vi rút. Nghiên cứu của Nguyễn Tuấn Anh và cộng sự thực hiện tại thành phố Hồ Chí Minh từ tháng 10/2002 đến tháng 9/2003 trên 1.010 mẫu phân của bệnh nhân tiêu chảy do viêm dạ dày ruột. Các mẫu được phân tích NoV GI và GII, AdV, SaV và AV. Theo đó, có 57 mẫu dương tính với NoV GII, 33 mẫu dương tính với AdV trong đó 27 mẫu thuộc týp 41, 9 mẫu dương tính với SaV và 6 mẫu dương tính với AV. Đặc biệt, có đến 57 mẫu dương tính với hơn một tác nhân vi rút [24].

Một nghiên cứu khác của Nguyễn Văn Trang và cộng sự năm 2008 trên 252 bệnh nhân tiêu chảy tại thành phố Hồ Chí Minh và 110 bệnh nhân tại Đồng Tháp đã phát hiện được 34 bệnh nhân tại thành phố Hồ Chí Minh và 4 bệnh nhân tại Đồng Tháp nhiễm NoV, số bệnh nhân nhiễm AdV và AV chiếm số lượng không đáng kể; 6 bệnh nhân và 8 bệnh nhân tại Hồ Chí Minh; 3 bệnh nhân và 2 bệnh nhân tại Đồng Tháp. Tuy nhiên, nghiên cứu này cũng ghi nhận 8 trường hợp dương tính với hơn một tác nhân vi rút [25], trong nghiên cứu của Jacobsen và cộng sự tại Đức với tỉ lệ đồng nhiễm lên đến 71% [26]; nghiên cứu của Afrad và cộng sự tại Băng-la-đét với tỉ lệ 77% [27]; nghiên cứu của Dea Grazia và cộng sự tại Ý với tỉ lệ 50% [28].

Nghiên cứu của David Polo và cộng sự trên 50 mẫu NTHMV nhập khẩu từ Ma rốc, Peru, Hàn Quốc và Việt Nam cũng đã phát hiện tình trạng đồng nhiễm này [29]. Báo cáo thống kê ngành thủy sản toàn cầu của Tổ chức Lương thực và Nông nghiệp Liên hợp Quốc (FAO) cho thấy nhu cầu đối với các mặt hàng nhuyễn thể hai mảnh vỏ tăng mạnh vào năm 2021 so với 2020 [30]. Nhuyễn thể của Việt Nam đã được xuất khẩu đến 42

nước; trong đó, Liên minh châu Âu (EU) là thị trường nhập khẩu nhuyễn thể hai mảnh vỏ lớn nhất, chiếm 62% tổng giá trị xuất khẩu mặt hàng này của Việt Nam ra các thị trường trên thế giới [31]. Tuy nhiên, EU cũng là thị trường có quy định chặt chẽ nhất đối với các sản phẩm nhập khẩu, gây nhiều thách thức đối với ngành nuôi trồng nhuyễn thể hai mảnh vỏ ở Việt Nam.

III. NHU CẦU GIÁM SÁT VI RÚT GÂY BỆNH TRUYỀN QUA THỰC PHẨM

Trong “Diễn đàn phát triển thủy sản bền vững” vào tháng 4 năm 2022, lãnh đạo bộ Nông nghiệp và Phát triển Nông thôn đã khẳng định việc phát triển ngành hàng nhuyễn thể có vai trò quan trọng trong việc hoàn thành mục tiêu phát triển kinh tế thủy sản đã đề ra, trong đó việc bảo đảm kiểm soát chất lượng An toàn thực phẩm từ khâu sản xuất ban đầu đến sơ chế, chế biến là hết sức cần thiết [32].

Bên cạnh đó, tình trạng ngộ độc thực phẩm do tiêu thụ nhuyễn thể hai mảnh vỏ nhiễm vi rút luôn là vấn đề cần được lưu tâm. Theo hội chứng lâm sàng, đã xác định được hơn 100 loại vi rút đường ruột có mặt trong bệnh phẩm và thực phẩm. Trong đó, Norovirus (NoV), vi rút viêm gan A (HAV), vi rút viêm gan E (HEV) và Astrovirus ở người (HAstV) là các vi rút gây bệnh thường gặp trong nhuyễn thể hai mảnh vỏ. Đáng chú ý, một số nghiên cứu về các vi rút này tại Việt Nam đã cho thấy tình trạng đồng nhiễm nhiều tác nhân vi rút trên cùng một mẫu bệnh phẩm. Nghiên cứu dịch tễ học phân tử của Nguyễn Văn Trang từ 2007 đến 2013 chỉ ra kiểu gen NoV GII.4 luôn là kiểu gen lưu hành chiếm ưu thế. Sự xuất hiện của các dòng GII.4 ở Việt Nam tương ứng với cùng thời điểm trên thế giới xuất hiện dòng GII.4 mới. Tồn tại song song với các dạng chủng GII.4 là kiểu gen

GII.3, chiếm tỷ lệ không dưới 20%. Các chủng NoV phổ biến ở miền Bắc Việt Nam bao gồm GI.8, GII.3, GII.4, GII.13, trong khi đó các chủng NoV lưu hành ở miền Nam đa dạng hơn với việc thêm nhiều type thuộc nhóm gen GI và GII như GI.3 GI.4, GI.5, GII.6, GII.9 và GII.12 [25].

Nghiên cứu của Lê Quang Hòa và cộng sự trên 5 tác nhân vi rút (NoV, HAV, AV, AiV và HEV) đã chỉ ra sự có mặt của 4 kiểu gen thuộc NoV nhóm GI (GI.2, GI.4, GI.5 và GI.6) và 9 kiểu gen thuộc NoV GII (GII.3, GII.4, GII.6, GII.7, GII.13, GII.14, GII.17, GII.18 và GII.21). Tất cả các mẫu dương tính với HEV thuộc typ G3, các mẫu AsV phát hiện thuộc typ HASV-1 và AiV thuộc kiểu gen A. Đến nay, đây cũng là nghiên cứu nhất trên đối tượng thực phẩm tại Việt Nam tập trung đánh giá tình trạng ô nhiễm vi rút gây bệnh đường ruột trong NTHMV và cho thấy tỉ lệ nhiễm NoV (81,8%), HEV (11,6%), AV (12,4%), AiV (11,6%) và HAV (1,7%) [33].

Hiện nay, quy trình phát hiện đồng thời NoV và HAV trong NTHMV dựa trên kỹ thuật Real-time RT-PCR đã được mô tả chi tiết trong tiêu chuẩn ISO 15216-2:2019 [34]. Các quy trình Real-time PCR và Real-time RT-PCR phát hiện

riêng lẻ tác nhân AdV và HEV cũng đã từng được xây dựng [35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42].

Trước tình hình ô nhiễm thực phẩm do tác nhân vi rút ngày càng tăng cao, cùng với những kết quả về tình trạng đồng nhiễm các tác nhân vi rút và sự xuất hiện tại nhiều quốc gia các ca viêm gan cấp tính thể nặng ở trẻ em mà nguyên nhân được cho là liên quan đến Adenovirus (AdV) 41F đã đặt ra nhu cầu cấp bách cần giám sát sự lưu hành của các vi rút gây bệnh này trong cộng đồng. Việc tối ưu hóa bộ mồi, mẫu dò của phản ứng Real-time RT-PCR để đảm bảo độ bao phủ trên các biến chủng hiện có, đồng thời đưa ra một chu trình nhiệt phù hợp để xác định đồng thời các tác nhân vi rút gây bệnh cũng như giảm thiểu số bước trong chu trình nhiệt, rút ngắn thời gian của phản ứng Real-time RT-PCR đang cần được giải quyết.

Thực phẩm liên quan nhiều nhất đến các ca bệnh vi rút là nhuyễn thể hai mảnh vỏ (NTHMV) do cách thức lọc nước để lấy thức ăn sẽ tích tụ các tác nhân gây bệnh có trong môi trường. Cũng chính vì đặc tính này mà NTHMV thường được dùng làm đối tượng nghiên cứu để đánh giá tình trạng lưu hành của các tác nhân vi rút đường tiêu hóa.

Việc sử dụng nước ô nhiễm trong quá trình rửa thực phẩm, đặc biệt là các loại thực phẩm như rau, củ, quả ăn sống hoặc hải sản (nhuyễn thể hai mảnh vỏ như hào), quá trình bảo quản và chế biến chưa đủ nhiệt là nguy cơ lớn. Tất cả các loại thực phẩm được xử lý thủ công và không được chế biến nhiệt thêm trước khi tiêu thụ, nhiệt độ đông lạnh không đủ để vô hiệu hóa các tác nhân vi rút gây bệnh là nhóm thực phẩm có nguy cơ cao [43]. Bên cạnh đó, vấn đề ô nhiễm chéo rất cần được chú ý vì vi rút có thể lây lan từ bàn

tay người phục vụ ăn uống hay dụng cụ ăn uống không được rửa sạch, từ thực phẩm sang thực phẩm, từ thực phẩm sống sang thức ăn chín khi sử dụng chung các dụng cụ chứa đựng, dao thớt hoặc bề mặt chế biến.

Cho đến nay, các số liệu dịch tễ học phân tử về các chủng vi rút nhiễm tạp trong NTHMV tại Việt Nam còn rất hạn chế nên việc xây dựng quy trình phát hiện đồng thời các tác nhân vi rút có nguy cơ cao nhiễm trong NTHMV và nghiên cứu đặc điểm dịch tễ học phân tử của các chủng vi rút phát hiện được là nhu cầu rất cần thiết và có ý nghĩa quan trọng trong các nghiên cứu dịch tễ học, cho phép đánh giá độc tính của các chủng vi rút, đồng thời làm cơ sở để so sánh với các dữ liệu dịch tễ học phân tử trên thế giới. Việc xác định đặc điểm sinh học phân tử của vi rút thông qua xác định kiểu gen (genotype) là công đoạn cần thiết để đánh giá chính xác nguy cơ bùng phát dịch bệnh gây ra bởi các tác nhân vi rút có mặt trong thực phẩm và bệnh phẩm trong các vụ ngộ độc thực phẩm ở cộng đồng.

Hệ thống đánh giá nguy cơ đối với virus trong thực phẩm đã được quan tâm ở một số quốc gia phát triển. Tại Hoa Kỳ, Cục Quản lý Thực phẩm và Dược phẩm (FDA) đã ban hành các hướng dẫn kiểm soát Norovirus và viêm gan A trong thực phẩm, đặc biệt là hải sản. Cơ quan An toàn Thực phẩm châu Âu (EFSA) đã thực hiện nhiều đánh giá nguy cơ, tập trung vào các vi rút trong thực phẩm như Norovirus và vi rút viêm gan E. Tại Nhật Bản, đã tiến hành nhiều nghiên cứu về tình trạng nhiễm virus trong hải sản và đã có các đánh giá nguy cơ liên quan đến Norovirus trong nhuyễn thể. Ở Việt Nam, kết quả điều tra tại 17 tỉnh, thành phố trên toàn quốc do Trường Đại học Y tế công cộng tiến hành vào năm 2007 cho thấy,

phần lớn cán bộ làm việc trong lĩnh vực Y tế dự phòng, Y tế công cộng chưa được đào tạo, tập huấn về đánh giá nguy cơ sức khỏe môi trường. Chương trình đào tạo “Đánh giá nguy cơ vi sinh trong nước và thực phẩm ở Việt Nam” do trường Đại học Y tế công cộng phối hợp với Viện Vệ sinh dịch tễ Trung ương và Viện Dinh dưỡng quốc gia thực hiện đã kịp thời biên soạn các tài liệu hướng dẫn chi tiết, góp phần nâng cao chất lượng công tác đánh giá và quản lý nguy cơ trong an toàn thực phẩm [44, 45]. Gần đây, Trung tâm đánh

giá nguy cơ về an toàn thực phẩm thuộc Viện kiểm nghiệm an toàn vệ sinh thực phẩm quốc gia đã được thành lập theo quyết định số 1936/QĐ-BYT. Hy vọng, việc triển khai các hoạt động đánh giá nguy cơ vi rút gây bệnh trong thực phẩm sẽ cung cấp các bằng chứng khoa học cho cơ quan quản lý để đề xuất các giải pháp quản lý nguy cơ và truyền thông nguy cơ hiệu quả góp phần bảo vệ sức khỏe cộng đồng và thúc đẩy sự phát triển thương mại thực phẩm trong và ngoài nước.

IV. KẾT LUẬN VÀ KHUYẾN NGHỊ

4.1. Kết luận

Các bệnh truyền qua thực phẩm do tác nhân vi rút ghi nhận trên thế giới và Việt Nam đang có xu hướng gia tăng. Trong số các vi rút được xác định là nguyên nhân gây tiêu chảy, viêm dạ dày-ruột thì Norovirus và vi rút viêm gan A là hai tác nhân vi rút gây bệnh phổ biến nhất, tiếp đó là vi rút viêm gan E, Astrovirus, Sapovirus, Aichivirus, Enterovirus, Human Astrovirus và Adenovirus, có tình trạng đồng nhiễm nhiều tác nhân vi rút trên cùng một mẫu bệnh phẩm. Các chủng NoV phổ biến ở miền Bắc Việt Nam bao gồm GI.8, GII.3, GII.4, GII.13, trong khi đó các chủng NoV lưu hành ở miền Nam đa dạng hơn với việc thêm nhiều type thuộc nhóm gen GI và GII như GI.3 GI.4, GI.5, GII.6, GII.9 và GII.12.

Nhuẩn thể hai mảnh vỏ là thực phẩm có nguy cơ nhiễm Norovirus, vi rút viêm gan A, vi rút viêm gan E và Astrovirus ở người. Trong đó, có 4 kiểu gen thuộc Norovirus nhóm GI (GI.2, GI.4, GI.5 và GI.6) và 9 kiểu gen thuộc Norovirus nhóm GII (GII.3, GII.4, GII.6, GII.7,

GII.13, GII.14, GII.17, GII.18 và GII.21). Tình trạng đồng nhiễm các tác nhân vi rút và sự xuất hiện tại nhiều quốc gia các ca viêm gan cấp tính thể nặng ở trẻ em mà nguyên nhân được cho là liên quan đến Adenovirus 41F đã đặt ra nhu cầu cấp bách việc giám sát sự lưu hành của các vi rút gây bệnh trong cộng đồng.

Quy trình phát hiện đồng thời NoV và HAV trong nhuẩn thể hai mảnh vỏ dựa trên kỹ thuật Real-time RT-PCR đã được mô tả chi tiết trong tiêu chuẩn ISO 15216-2:2019. Các quy trình Real-time PCR và Real-time RT-PCR phát hiện riêng lẻ tác nhân AdV và HEV cũng đã từng bước được xây dựng và áp dụng. Số liệu dịch tễ học phân tử về các chủng vi rút nhiễm vào thực phẩm tại Việt Nam còn rất hạn chế, việc xác định đặc điểm sinh học phân tử của vi rút thông qua xác định kiểu gen (genotype) là công đoạn cần thiết để đánh giá chính xác nguy cơ bùng phát dịch bệnh ở cộng đồng.

4.2. Khuyến nghị

Nguy cơ lây nhiễm vi rút từ nguồn nước, quá trình nấu nướng và bảo quản chưa đủ nhiệt, ô nhiễm chéo trong khâu xử lý, chế biến và phục vụ ăn uống là các vấn đề cần được giám sát chặt chẽ. Hệ thống đánh giá nguy cơ vi rút trong thực phẩm ở nước ta còn ít kinh nghiệm và chưa được quan tâm đúng mức. Từ những số liệu cập nhật qua các thông tin khoa học trong nước và trên thế giới về thực trạng nhiễm vi rút gây bệnh truyền qua thực phẩm và nhu cầu giám sát vi rút gây bệnh truyền qua thực phẩm, một số khuyến nghị được đề xuất như sau:

1. Vấn đề vi rút gây bệnh truyền qua thực phẩm là vấn đề an toàn thực phẩm và dịch tễ rất lớn cần được quan tâm hơn.
2. Từng bước triển khai các chương trình giám sát trọng tâm một số loài vi rút có liên quan tới dịch tễ ở Việt Nam như

Norovirus, vi rút viêm gan A, vi rút viêm gan E, Astrovirus, Sapovirus và Adenovirus (AdV) trong nhuyễn thể hai mảnh vỏ.

3. Phối hợp liên ngành, đặc biệt là ngành Nông nghiệp và ngành Y tế để từng bước hình thành hoạt động đánh giá nguy cơ không chỉ đối với vi khuẩn mà còn các loài virus liên quan tới vấn đề dịch tễ và an toàn thực phẩm.
4. Mở rộng các nghiên cứu phát triển quy trình Real-time PCR/Real-time RT-PCR phát hiện đồng thời các tác nhân vi rút Norovirus, vi rút viêm gan A, vi rút viêm gan E, Astrovirus, Sapovirus, Aichivirus, Enterovirus, Human Astrovirus và Adenovirus, kết hợp phân tích đặc điểm dịch tễ học phân tử các chủng vi rút đã phát hiện.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. World Health Organization (2020). Global Health Observatory Data Repository: Road Traffic Deaths, Data by Country.
2. Oude Munnink BB & Van der Hoek L. Viruses Causing Gastroenteritis: The Known, The New and Those Beyond. 2016;8(2), 42. <https://www.mdpi.com/1999-4915/8/2/42>.
3. Todd C, Greig JD, & Todd E. (2015). Viruses of foodborne origin: a review. doi:10.2147/VAAT.S50108.
4. Miura PJ, Kazama TS, Konta Y, et al. Weekly variations in norovirus genogroup II genotypes in Japanese oysters. *International Journal of Food Microbiology*. 2018;284:48-55. doi:10.1016/j.ijfoodmicro.2018.06.027.
5. Kittigul L, Thamjaroen A, Chiawchan S, et al. Prevalence and Molecular Genotyping of Noroviruses in Market Oysters, Mussels, and Cockles in Bangkok, Thailand. *Food Environ Virol*. 2016;8(2):133-140. doi:10.1007/s12560-016-9228-6.
6. Phan Thi Thanh Ha, Truong Tuyet Mai, Le Quang Hoa (2023). Molecular characteristics of Norovirus in Asiatic hard clam in Hanoi in 2016. *Vietnam Journal of Nutrition and Food*. 2023;19(3E):66-73.
7. Bartsch SM, Lopman BA, Ozawa S, Hall AJ, & Lee BY. Global Economic Burden of Norovirus Gastroenteritis. *PLoS One*. 2016;11(4), e0151219. doi:10.1371/journal.pone.0151219.
8. Havelaar AH, Kirk MD, Torgerson PR, et al. (2015). World Health Organization global estimates and regional comparisons of the burden of foodborne disease in 2010. 12(12), e1001923.
9. Manso CF, Polo D, Vilarino ML, & Romalde JL. Genotyping of hepatitis A virus detected in bivalve shellfish in Galicia (NW Spain). *Water Sci Technol*. 2010;61(1):15-24. doi:10.2166/wst.2010.768.
10. Desbois D, Couturier E, Mackiewicz V, et al. (2010). Epidemiology and Genetic Characterization of Hepatitis A Virus Genotype IIA [10.1128/JCM.00667-10]. *Journal of Clinical Microbiology*. 2010;48(9), 3306. <http://jcm.asm.org/content/48/9/3306>.

11. Lanata CF, Fischer-Walker CL, Olascoaga AC, et al. For the Child Health Epidemiology Reference Group of the World Health Organization & Unicef. Global Causes of Diarrheal Disease Mortality in Children <5 Years of Age: A Systematic Review. *PLoS One*. 2013;8(9), e72788. doi:10.1371/journal.pone.0072788.
12. Vu DL, Sabrià A, Aregall N, et al. Novel Human Astroviruses: Prevalence and Association with Common Enteric Viruses in Undiagnosed Gastroenteritis Cases in Spain. *Viruses*. 2019;11, 585. doi:10.3390/v11070585.
13. WHO. (2010). The Global Prevalence of Hepatitis E Virus Infection and Susceptibility: A Systematic Review. *World Health Organization, Department of Immunization, Vaccines and Biologicals, WHO IVB 10.14*.
14. Crossan C, Baker PJ, Craft J, et al. Hepatitis E Virus Genotype 3 in Shellfish, United Kingdom. *Emerging Infectious Diseases*. 2012;18(12), 2085-2087. doi:10.3201/eid1812.120924.
15. O'Hara Z, Crossan C, Craft J, & Scobie L. (2018). *First Report of the Presence of Hepatitis E Virus in Scottish-Harvested Shellfish Purchased at Retail Level* (Vol. 10). doi:10.1007/s12560-018-9337-5.
16. Varela MF, P. D. a. R. J. (2014). Detection and quantification of Sapovirus in bivalve molluscs from Galicia (NW Spain). *International Meeting on Marine Research 2014*. doi:10.3389/conf.fmars.2014.02.00126.
17. Drexler JF, Baumgarte S, Luna LK, et al. Aichi Virus Shedding in High Concentrations in Patients with Acute Diarrhea. *Emerging Infectious Diseases*. 2011;17(8):1544-1548. doi:10.3201/eid1708.101556.
18. Lekshmi M, Das O, Kumar S, & Nayak B. Occurrence of human enterovirus in tropical fish and shellfish and their relationship with fecal indicator bacteria. *Veterinary World*. 2018;11:1285-1290. doi:10.14202/vetworld.2018.1285-1290.
19. Vilarino ML, Le Guyader FS, Polo D, et al. Assessment of human enteric viruses in cultured and wild bivalve molluscs. *Int Microbiol*. 2009;12(3):145-151.
20. Polo P, Vilarino ML, Manso CF, and Romalde JL. Imported mollusks and dissemination of human enteric viruses. *Emerg Infect Dis*. 2010;16(6):1036-1038.
21. Gallardo J, Pérez-Illana M, Martín-González N, & San Martín C. (2021). Adenovirus Structure: What Is New? *Int J Mol Sci*. 2021;22(10). doi:10.3390/ijms22105240.
22. Ghosh, S., Lekshmi, M., Das, O., Kumar, S., & Nayak, B. (2019). Occurrence of Human Enteric Adenoviruses in Fresh Tropical Seafood from Retail Markets and Landing Centers. *Journal of Food Science*, 84. doi:10.1111/1750-3841.14735.
23. Nagarajan V, Chen JS, Hsu GJ, et al. Surveillance of Adenovirus and Norovirus Contaminants in the Water and Shellfish of Major Oyster Breeding Farms and Fishing Ports in Taiwan. *Pathogens*. 2022;11(3): 316. https://www.mdpi.com/2076-0817/11/3/316 .
24. Nguyen TA, Yagyu F, Okame M, et al. Diversity of viruses associated with acute gastroenteritis in children hospitalized with diarrhea in Ho Chi Minh City, Vietnam. *J Med Virol*. 2007;79(5):582-590. doi:10.1002/jmv.20857.
25. Trang, N. V. (2013). Tác nhân tiêu chảy do vi rút ở trẻ em: Sự phân bố và tính đa dạng ở Việt nam. *Tạp Chí Y Học Dự Phòng, Tập XXIII*(số 8 (144)), 10-23.
26. Jacobsen S, Höhne M, Marques AM, et al. Co-circulation of classic and novel astrovirus strains in patients with acute gastroenteritis in Germany. *J Infect*. 2018;76(5):457-464.
27. Afrad MH, Karmakar PC, Das SK, et al. Epidemiology and genetic diversity of human astrovirus infection among hospitalized patients with acute diarrhea in Bangladesh from 2010 to 2012. *J Clin Virol*. 2013;58(4):612-618.
28. De Grazia S, Platia MA, Rotolo V, et al. Surveillance of human astrovirus circulation in Italy 2002-2005: emergence of lineage 2c strains. *Clin Microbiol Infect*. 2011;17(1):97-101.
29. Polo D, Vilarino ML, Manso CF, and JRomalde JL. Imported mollusks and dissemination of human enteric viruses. *Emerg Infect Dis*. 2010;16(6):1036-1038.
30. FAO (2022), The State of World Fisheries and Aquaculture 2022.
31. Báo cáo ngành thủy sản Việt Nam (2021), Trung tâm nghiên cứu CSI – BP phân tích ngành.
32. Bàn giải pháp phát triển nhuyễn thể bền vững, https://thuysanvietnam.com.vn/ban-giai-

- phap-phat-trien-nhuyen-the-ben-vung/, accessed April 2022.
33. Suffredini E, Le QH, Di Pasquale S, et al. Occurrence and molecular characterization of enteric viruses in bivalve shellfish marketed in Vietnam. *Food Control*. 2020;108:106828. doi:10.1016/j.foodcont.2019.106828
 34. ISO (2019). Microbiology of the food chain - Horizontal method for determination of hepatitis A virus and norovirus using real-time RT-PCR - Part 2: Method for detection. In (Vol. ISO 15216-2:2019).
 35. Donia DT. qRT-PCR for enterovirus detection: Conversion to ultrafast protocols. *Journal of King Saud University . Science*. 2018;30(2):180-184. doi:10.1016/j.jksus.2017.04.003.
 36. Northill JA, Simmons RJ, Genge D, & Moore FA. Molecular characterization of the first reported Aichivirus A in Australia. *Access Microbiol*. 2020;2(4), acmi000099. doi:10.1099/acmi.0.000099.
 37. Staggemeier R, Bortoluzzi M, Heck TM, et al. Quantitative vs. conventional PCR for detection of human Adenovirus in water and sediment samples. *Rev Inst Med Trop Sao Paulo*. 2015;57(4), 299-303. doi:10.1590/s0036-46652015000400005.
 38. Tomoichiro Oka NI, Seiji P. Yamamoto, Kohji Mori, et al. Broadly reactive real-time reverse transcription-polymerase chain reaction assay for the detection of human sapovirus genotypes. *Journal of Medical Virology*. 2018;91(3):370-377.
 39. Veronesi R, Morach M, Hübschke E, et al. (2021). Seroprevalence of hepatitis E virus in dogs in Switzerland. *Zoonoses and Public Health*. 2021;68(1):8-11. doi:10.1111/zph.12779.
 40. Wu L, Teng Z, Lin Q, et al. (2020). Epidemiology and Genetic Characterization of Classical Human Astrovirus Infection in Shanghai, 2015-2016. *Front Microbiol*. 2020;11:570541. doi:10.3389/fmicb.2020.570541.
 41. Wu L, Teng Z, Lin Q, et al. Epidemiology and Genetic Characterization of Classical Human Astrovirus Infection in Shanghai, 2015-2016. *Front Microbiol*. 2020;11:570541. doi:10.3389/fmicb.2020.570541.
 42. Phan Thị Thanh Hà, Nguyễn Minh Anh, Nguyễn Văn Đức, Lê Phan Dương, Trương Tuyết Mai, Lê Quang Hòa. Nghiên cứu tối ưu quy trình Real-time RT-PCR phát hiện vi rút viêm gan E trong ngao dầu. *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển nông thôn*. 2023; 1(6): 325-334.
 43. Koopmans M, Duizer E. Foodborne viruses: An emerging problem. *International Journal of Food Microbiology*. 2004;90:23–41.
 44. Nguyễn Công Khẩn, Nguyễn Việt Hùng. Đánh giá nguy cơ vi sinh vật trong thực phẩm. *Nxb Y học, Hà Nội*, 2011.
 45. Phạm Đức Phú, Đặng Xuân Sinh. Sổ tay hướng dẫn đánh giá nguy cơ vi sinh vật trong an toàn thực phẩm. *Nxb Y học, Hà Nội*, 2016.