

IDENTIFICATION OF SPECIES COMPOSITION AND MALARIA PARASITE (*PLASMODIUM SPP.*) INFECTION RATES IN MOSQUITOES USING MOLECULAR BIOLOGY TECHNIQUES IN HIGHLANDS

Nguyen Thi Minh Trinh^{1*}, Le Ai Quoc¹,
Le Thi Hanh Dieu¹, Nguyen Thi Lien Hanh¹, Nguyen Xuan Quang¹, Nguyen Hong Sang¹,
Do Van Nguyen¹, Nguyen Thu Huong³, Nguyen Xuan Xa², Huynh Hong Quang¹

¹Institute of Malariology, Parasitology, Entomology Quy Nhon - 611B Nguyen Thai Hoc street, Quy Nhon City, Vietnam

²National Institute of Malariology, Parasitology, and Entomology - 34 Trung Van street, Nam Tu Liem Dist, Hanoi City, Vietnam

³Hanoi University of Public Health, No.1A, Duc Thang street, Bac Tu Liem Dist, Hanoi City, Vietnam

Received: 20/09/2024

Revised: 30/09/2024; Accepted: 02/10/2024

ABSTRACT

Objectives: Determining the species of malaria vector *Anopheles* and the rate of *Plasmodium spp.* infection in *Anopheles* in four Central Highlands provinces by using molecular biology techniques.

Methods: Mosquitoes were morphologically classified according to the National Institute of Malariology, Parasitology, and Entomology classification chart (2008). Species identification was performed using PCR, while the presence of *Plasmodium spp.* within the mosquitoes was detected using ddPCR targeting the 18S rRNA gene region.

Results: In Kon Tum, a total of 13 *Anopheles* species were collected, including two primary malaria vectors (*An. Dirus* and *An. Minimus*) and two secondary vectors (*An. aconitus* and *An. maculatus*). In Gia Lai, 14 species of *Anopheles* were collected, comprising one primary vector (*An. Minimus*) and two secondary vectors. Similarly, 13 species were identified in Đak Lak, including *An. Dirus* and two secondary vectors. In Dak Nong, 12 species were documented, consisting of two primary vectors and two secondary vectors. The primary vectors were predominantly collected using cattle-baited traps, with additional methods including bed nets, indoor light traps, and cattle light traps. Of the 694 *An. Minimus* and *An. Dirus* mosquito samples collected across the four provinces, 6 samples (0.86%) were positive for *Plasmodium spp.* In Kon Tum, 3 out of 196 samples (2.8%) were positive, while in Gia Lai, 3 out of 190 samples (1.58%) were positive. All positive samples were identified as *An. Minimus*.

Conclusion: The study confirmed the presence of primary malaria vectors (*An. Dirus* and *An. Minimus*) and secondary vectors in four Central Highlands provinces. The ddPCR technique successfully detected *Plasmodium spp.* in a small proportion of mosquito samples, predominantly in *An. Minimus*. Ongoing surveillance and control of primary vectors are essential to mitigate the risk of malaria transmission in this region, particularly as mosquito species continue to adapt and exhibit changes in behavior

Keywords: *Anopheles*, vector, *Plasmodium spp.*, ddPCR.

*Corresponding author

Email: nguyenminhtrinh1983@gmail.com Phone: (+84) 935228913 <https://doi.org/10.52163/yhc.v65i6.1564>

XÁC ĐỊNH THÀNH PHẦN LOÀI VÀ TỶ LỆ NHIỄM KÝ SINH TRÙNG SỐT RÉT PLASMODIUM SPP. TRÊN MUỖI BẰNG KỸ THUẬT SINH HỌC PHÂN TỬ TẠI TÂY NGUYÊN

Nguyễn Thị Minh Trinh^{1*}, Lê Ái Quốc¹,
Lê Thị Hạnh Diệu¹, Nguyễn Thị Liên Hạnh¹, Nguyễn Xuân Quang¹, Nguyễn Hồng Sang¹,
Đỗ Văn Nguyên¹, Nguyễn Thu Hương³, Nguyễn Xuân Xã², Huỳnh Hồng Quang¹

¹Viện Sốt rét - Ký sinh trùng - Côn trùng Quy Nhơn - 611B Nguyễn Thái Học, Tp. Quy Nhơn, Việt Nam

²Viện Sốt rét - Ký sinh trùng - Côn trùng Trung ương - 34 Trưng Vãn, Q. Nam Từ Liêm, Tp. Hà Nội, Việt Nam

³Trường Đại học Y tế Công cộng Hà Nội - Số 1A, đường Đức Thắng, P. Đức Thắng, Q. Bắc Từ Liêm, Tp. Hà Nội, Việt Nam

Ngày nhận bài: 20/09/2024

Chỉnh sửa ngày: 30/09/2024; Ngày duyệt đăng: 02/10/2024

TÓM TẮT

Mục tiêu: Xác định thành phần loài và tỷ lệ nhiễm KSTSR trong cơ thể muỗi bằng kỹ thuật sinh học phân tử tại bốn tỉnh Tây Nguyên.

Phương pháp: Muỗi được định loại bằng hình thái theo Bảng định loại của Viện Sốt rét-KST-CTTW (2008), được xác định loài bằng kỹ thuật PCR và xác định KSTSR trong cơ thể muỗi bằng kỹ thuật ddPCR dựa trên vùng gen 18S rRNA.

Kết quả: Số loài *Anopheles* thu thập tại Kon Tum là 13 loài, bao gồm 2 vector sốt rét chính là *An. Dirus* và *An. Minimus* và hai vector phụ ở vùng đồi núi là *An. aconitus* và *An. maculatus*. Tỷ lệ này ở Gia Lai là 14 loài *Anopheles*, một vector chính là *An. Minimus* và hai vector phụ; tại Đak Lak là 13 loài, gồm một vector chính là *An. Dirus* và hai vector phụ; tại Đak Nông là 12 loài *Anopheles*, gồm 2 vector chính là và hai vector phụ. Các vector chính được thu thập bằng các phương pháp: soi gia súc, bẫy màn, bẫy đèn trong nhà và bẫy đèn gia súc. 6/694 mẫu muỗi *An. Minimus* và *An. Dirus* tại 4 tỉnh có mặt KSTSR *Plasmodium spp.*, chiếm tỷ lệ là 0,86%. Tại Kon Tum, 3/196 mẫu có nhiễm KSTSR (2,8%). Tại Gia Lai, 3/190 mẫu có nhiễm KSTSR (1,58%). Tất cả các mẫu muỗi có nhiễm KSTSR đều là muỗi *An. Minimus*.

Kết luận: Xác định sự có mặt của các vector sốt rét chính (*An. Dirus* và *An. Minimus*) và phụ (*An. aconitus* và *An. maculatus*) tại bốn tỉnh Tây Nguyên. Kỹ thuật ddPCR đã phát hiện KSTSR *Plasmodium spp.* trong một tỷ lệ nhỏ các mẫu muỗi, chủ yếu là ở loài *An. Minimus*. Cần tiếp tục giám sát và kiểm soát các vector chính để giảm thiểu nguy cơ lây truyền sốt rét tại khu vực này, đặc biệt là trong bối cảnh các loài muỗi ngày càng thích nghi và thay đổi hành vi.

Từ khóa: *Anopheles*, vector, *Plasmodium spp.*, ddPCR.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Trong hơn thập niên qua, Việt Nam đã và đang đạt được những thành quả quan trọng trong công cuộc phòng chống sốt rét (PCSR) với số trường hợp mắc và chết do sốt rét giảm dần qua các năm. Tuy nhiên, bệnh sốt rét vẫn là một vấn đề y tế công cộng quan trọng đối mặt

với nhiều khó khăn như sốt rét do giao lưu biên giới, sốt rét trên nhóm dân di biến động, đi rừng, ngủ rẫy, muỗi kháng hóa chất và ký sinh trùng sốt rét kháng thuốc, sốt rét nặng hoặc ác tính, tử vong.

Bên cạnh đó, việc kiểm soát các vector sốt rét cũng là

*Tác giả liên hệ

Email: nguyenthminhtrinh1983@gmail.com Điện thoại: (+84) 935228913 <https://doi.org/10.52163/yhc.v65i6.1564>

một thách thức, vector sốt rét *An. Minimus* và *An. Dirus* thay đổi tập tính đốt, thời gian đốt máu người sớm và kéo dài làm cho công tác phòng chống vector giảm hiệu quả. Các nghiên cứu cũng cho thấy thay đổi các yếu tố khí hậu và tác động của con người đã làm thay đổi điều kiện tự nhiên, môi trường, ảnh hưởng đến phân bố, tập tính, thành phần loài cũng như vai trò truyền bệnh các loài *Anopheles*.

Việc xác định nhiễm *Plasmodium* trong cơ thể muỗi rất quan trọng để hiểu được sinh thái, phân bố địa lý, số lượng và hành vi loài véc tơ đặc biệt ở vùng địa lý có sốt rét lưu hành (SRLH). Hiện nay, các phương pháp để phát hiện thoa trùng như mô tuyến nước bọt, xét nghiệm miễn dịch hấp phụ liên kết enzyme (ELISA), sinh học phân tử như PCR, realtime PCR hoặc gần đây nhất là PCR kỹ thuật số dạng giọt (ddPCR). Do đó, nghiên cứu này được tiến hành với mục tiêu xác định thành phần loài và tỷ lệ nhiễm KSTSR trong cơ thể muỗi bằng kỹ thuật sinh học phân tử tại bốn tỉnh Tây Nguyên.

2. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Thiết kế nghiên cứu

Nghiên cứu ngang mô tả.

2.2. Đối tượng nghiên cứu

Muỗi *Anopheles* trưởng thành thu thập tại các điểm điều tra, KST *Plasmodium spp* trong cơ thể muỗi sốt rét.

2.3. Địa điểm và thời gian nghiên cứu

Địa điểm nghiên cứu: Các mẫu vật được thu thập tại 4 tỉnh thuộc Tây Nguyên bao gồm Gia Lai, Đắk Lắk, Đắk Nông và Kon Tum.

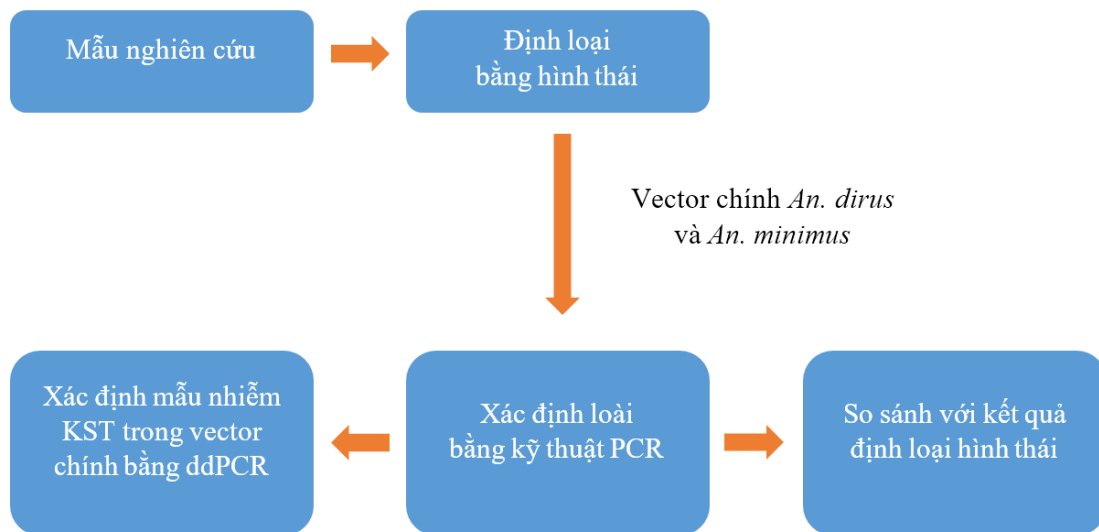
Nghiên cứu được tiến hành từ năm 2019 - 2022.

2.4. Cỡ mẫu

Cỡ mẫu để xác định thành phần loài *Anopheles*: Sử dụng toàn bộ muỗi *Anopheles* thu thập qua các phương pháp đều được định loại bằng hình thái ngoài, xác định thành phần loài *Anopheles* tại các điểm nghiên cứu và sau đó được kiểm tra bằng kỹ thuật PCR.

2.5. Quy trình nghiên cứu và các kỹ thuật sử dụng trong nghiên cứu

- Quy trình nghiên cứu



- Các kỹ thuật sử dụng trong nghiên cứu:

+ Kỹ thuật điều tra muỗi *Anopheles* theo quy trình thường quy của Viện Sốt rét -KST-CT TW (Cẩm nang kỹ thuật phòng chống bệnh sốt rét) và được định loại bằng hình thái theo Bảng định loại của Viện Sốt rét-KST-CTTW (2008).

+ Kỹ thuật tách chiết DNA tổng số (protocol của QIAGEN); PCR đa môi xác định phức hợp loài *Minimus* theo Hoàng Kim Phúc và cs (2003) và xác

định phức hợp loài *Dirus* theo Ngô Thị Hương và cs. (2001); kỹ thuật ddPCR xác định KSTSR trong cơ thể muỗi thực hiện trên hệ thống ddPCR QX200 (Bio-Rad) với cặp mồi qMAL được thiết kế trên vùng gen 18S rRNA theo Wampfler và cộng sự (2013).

2.6. Phân tích và xử lý số liệu

- Số liệu được phân tích trên phần mềm QuantaSoft (Bio-Rad) và Microsoft Excel

3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

3.1. Thành phần loài muỗi *Anopheles* tại các điểm nghiên cứu

Bảng 1. Số lượng *Anopheles* và các véc tơ truyền bệnh sốt rét tại các điểm nghiên cứu bằng định loại hình thái

TT	Tên loài	Địa điểm nghiên cứu				Tổng cộng
		Kon Tum	Gia Lai	Đăk Lăk	Đăk Nông	
1	<i>An. (Cell.) dirus</i> Peyton & Harrison, 1979	89	0	157	141	387
2	<i>An. (Cell.) minimus</i> Theobald, 1901	117	199	0	12	328
3	<i>An. (Cell.) aconitus</i> Doenitz, 1902	266	293	284	79	922
4	<i>An. (Cell.) maculatus</i> Theobald, 1901	135	345	370	303	1153
5	<i>An. (Cell.) annularis</i> Haga 1930	0	16	0	0	16
6	<i>An. (Ano.) barbirostris</i> Van der Wulp, 1884	38	95	22	263	418
7	<i>An. (Ano.) crawfordi</i> Reid, 1953	14	13	36	140	203
8	<i>An. (Cell.) jamesi</i> Theobald, 1901	229	523	33	212	997
9	<i>An. (Ano.) peditaeniatus</i> Leicester, 1908	25	114	195	296	630
10	<i>An. (Cell.) philippinensis</i> Ludlow, 1902	215	163	35	150	563
11	<i>An. (Ano.) sinensis</i> Wiedemann, 1828	15	37	141	155	348
12	<i>An. (Cell.) splendidus</i> Koidzumi 1920	0	291	48	0	339
13	<i>An. (Cell.) tessellatus</i> Theobald, 1901	9	16	23	0	48
14	<i>An. (Cell.) vagus</i> Doenitz, 1902	26	12	123	60	221
15	<i>An. (Cell.) varuna</i> Iyengar, 1924	13	236	10	125	384
Tổng cộng		1191	2353	1477	1936	6957
Tổng số loài		13	14	13	12	

Ghi chú: Cell.: *Cellia*; Ano.: *Anopheles*

Số lượng muỗi *Anopheles* thu thập trong nghiên cứu này là 6957 cá thể muỗi cái trưởng thành, trong đó có 387 cá thể muỗi *An. Dirus* và 328 cá thể muỗi *An. Minimus*.

Tổng số loài *Anopheles* thu thập tại Kon Tum là 13 loài, có mặt 4 vector sốt rét chính và phụ ở vùng rừng núi gồm hai vector chính *An. Dirus* và *An. Minimus* và vector phụ vùng đồi núi gồm *An. aconitus* và *An. maculatus*.

Tại Gia Lai, thu thập được 14 loài muỗi *Anopheles*, có mặt 3 loài vector sốt rét chính và phụ ở vùng rừng núi gồm vector chính *An. Minimus* và vector phụ vùng đồi núi gồm *An. aconitus* và *An. maculatus*.

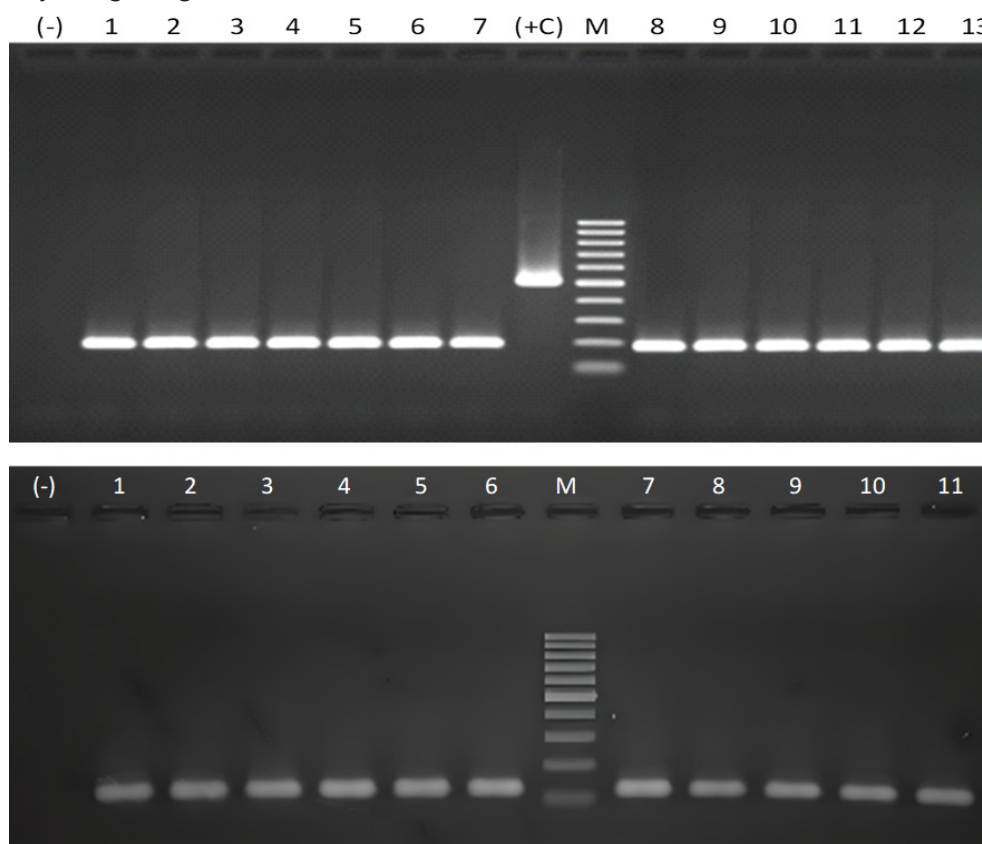
Tại Đăk Lăk là 13 loài, trong số 13 loài muỗi *Anopheles* thu thập được thì có mặt 3 loài vector sốt rét chính và phụ ở vùng rừng núi gồm vector chính *An. Dirus* và vector phụ vùng đồi núi gồm *An. aconitus* và *An. maculatus*.

Tổng số *Anopheles* thu tại Đăk Nông là 12 loài, có mặt 4 loài vector sốt rét chính và phụ ở vùng rừng núi gồm 2 vector chính *An. Dirus* và *An. Minimus* và vector phụ vùng đồi núi *An. aconitus* và *An. maculatus*.

Như vậy, tại 4 tỉnh Tây Nguyên đã thu được 2 vector chính trong khu vực là *An. Dirus* và *An. Minimus* với tổng số là 715 cá thể. Các vector chính trong nghiên cứu này được thu thập bằng các phương pháp: Bẫy màn, soi gia súc, bẫy đèn trong nhà, bẫy đèn gia súc.

3.2. Xác định Phức hợp *Minimus* và *Dirus* bằng kỹ thuật PCR

Trong tổng số 715 mẫu vector chính qua định loại PCR cho thấy toàn bộ 387 mẫu *An. Dirus s.l* thu được trong nghiên cứu đề cho kết quả là *An. Dirus* dạng A; đối với 328 mẫu *An. Minimus s.l* có 307/328 mẫu được định loại là *An. Minimus* và 21/328 mẫu cho kết quả định loại là loài *An. varuna*, *An. pampanai*, *An. aconitus*. Kết quả cụ thể được trình bày trong Bảng 2 và Hình 1.



Hình 1. Điện di sản phẩm PCR xác định loài *An. Minimus* và *An. Dirus*.

Ghi chú: A. Kết quả xác định loài *An. Minimus*. (-); chứng âm; (+): Chứng *An. harrisoni*, 503bp; giếng 7: Chứng dương loài *An. Minimus*, 185bp; giếng 1-13: mẫu *An. Minimus*, 185bp; M: thang chuẩn 100bp. B. Kết quả xác định loài *An. Dirus*. Ghi chú: (-); chứng âm; giếng 1: Chứng dương *An. Dirus*, 120bp; giếng 2-11: mẫu *An. Dirus*, 120bp; M: ladder 100bp.

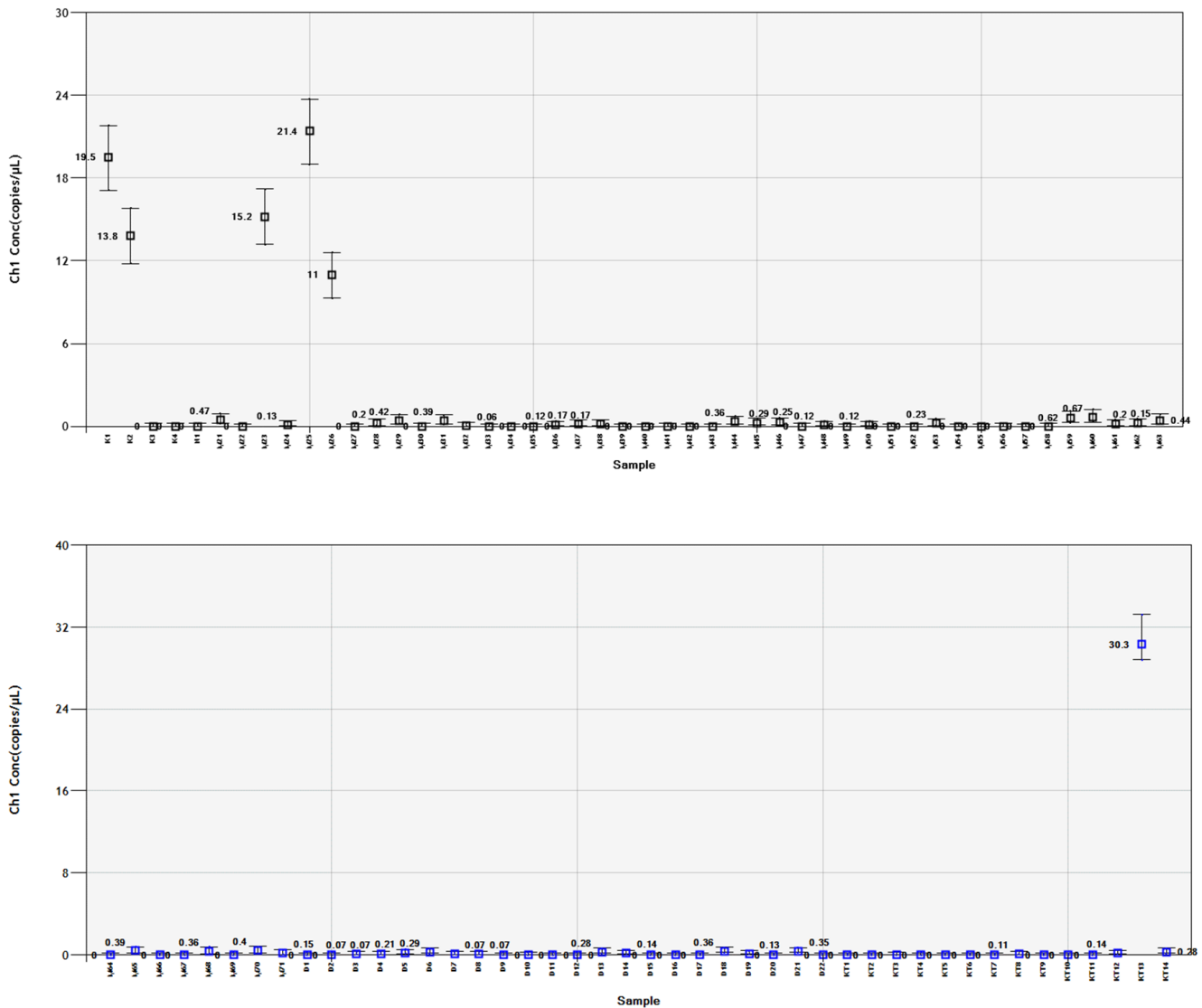
Bảng 2. Kết quả định loại phức hợp *Minimus* và *Dirus* bằng kỹ thuật PCR

TT Địa điểm		Định loại hình thái		Định loại PCR		
		<i>An. minimus s.l</i>	<i>An. dirus s.l</i>	<i>An. minimus</i>	<i>An. dirus</i>	<i>Anopheles</i> khác
1	Kon Tum	117	89	107	89	2 <i>An. aconitus</i> 1 <i>An. pampanai</i> 7 <i>An. varuna</i>
2	Gia Lai	199	-	190	-	1 <i>An. aconitus</i> 2 <i>An. pampanai</i> 6 <i>An. varuna</i>
3	Đăk Lăk	-	157	-	157	-
4	Đăk Nông	12	141	10	141	2 <i>An. varuna</i>
Tổng số		328	387	307	387	21

3.3. Kết quả xác định ký sinh trùng sốt rét trong *An. Minimus* và *An. Dirus* bằng kỹ thuật ddPCR

Trong nghiên cứu này, tổng số 694 mẫu muỗi *An. Minimus* và *An. Dirus* tại 4 tỉnh Tây Nguyên Kon Tum (196 mẫu), Gia Lai (190 mẫu), Đak Lak (157 mẫu) và Đak Nông (151 mẫu) thu thập trong thời gian từ năm 2019 đến năm 2022 được phân tích sự hiện diện của KSTSR *Plasmodium spp*

Kết quả phân tích bằng kỹ thuật ddPCR cho thấy có 6 mẫu dương tính với gen mục tiêu ở nồng độ cao trong phản ứng, lần lượt là mẫu M26 (11 bản/μl), K2 (13,8 bản/μl), M23 (15,2 bản/μl), K1 (19,5 bản/μl), M25 (21,4 bản/μl), KT13 (30,3 bản/μl). Từ kết quả này, chúng tôi tính ra được nồng độ mục tiêu trong mẫu DNA tách chiết ban đầu là: 44 bản/μl (M26), 55,2 bản/μl (K2), 60,8 bản/μl (M23), 78 bản/μl (K1), 85,6 bản/μl (M25), 121,2 bản/μl (KT13). Các mẫu còn lại mẫu âm tính hoàn toàn.



Hình 2. Đồ thị nồng độ mục tiêu trong phản ứng của các mẫu xét nghiệm trong nghiên cứu này (đơn vị: Bản/μl).

Kết quả các mẫu dương tính được ghi nhận qua kỹ thuật ddPCR được kiểm tra, kết quả số lượng và tỷ lệ nhiễm KSTSR trên các vector chính được trình bày theo bảng 3.

Bảng 3. Kết quả phân tích tỷ lệ nhiễm KSTSR trên mẫu *An. Minimus* và *An. Dirus* bằng kỹ thuật ddPCR

TT	Tỉnh	Loài muỗi					
		<i>An. minimus</i>			<i>An. dirus</i>		
		SL	(+) <i> Plasmodium</i>		SL	(+) <i> Plasmodium</i>	
			SL	%		SL	%
1	Kon Tum	107	3	2,8	89	0	
2	Gia Lai	190	3	1,58	-	-	
3	Đak Lak	-	-	-	157	0	
4	Đak Nông	10	0	0	141	0	
Tổng số		307	6	1,95	387	0	

Ghi chú: (+): Dương tính; SL: số lượng

Tại Kon Tum, kết quả phân tích tỷ lệ nhiễm KSTSR *Plasmodium spp* trong 196 mẫu cho thấy chỉ ghi nhận 3 mẫu *An. Minimus* có nhiễm KSTSR với tỷ lệ 2,8%.

Tại Gia Lai, qua phân tích phân tích nhiễm KSTSR bằng kỹ thuật ddPCR 190 mẫu *An. Minimus* ghi nhận có 3 trường hợp có sự hiện diện *Plasmodium spp* chiếm tỷ lệ 1,58%.

Các điểm còn lại trong nghiên cứu này không phát hiện được mẫu có nhiễm KSTSR trong các vector chính *An. Minimus* và *An. Dirus*.

4. BÀN LUẬN

So sánh thành phần loài *Anopheles* giữa 4 tỉnh cho thấy số loài thu tại Gia Lai là 14, nhiều hơn so với các tỉnh còn lại. Cả 4 tỉnh có sự tương đồng về sinh cảnh đó là đồi núi và rừng, nên có sự tương đồng về vector sốt rét, muỗi *Anopheles* và vector cũng bắt được các tỉnh của khu vực Tây Nguyên. Khi so kết quả nghiên cứu thành phần loài với các tác giả khác tại cùng điểm nghiên cứu cho thấy thành phần loài thu thập được trong nghiên cứu này ít hơn. Hầu hết các nghiên cứu trước thành phần loài thường phong phú hơn so với nghiên cứu trong 05 năm gần đây. Điều này một phần do sinh cảnh có sự thay đổi nhiều, diện tích rừng tự nhiên giảm dần.

Tại tất cả các điểm điều tra đều thấy sự có mặt của các loài vector truyền bệnh sốt rét chính là *An. Minimus* và/hoặc *An. Dirus*. Qua phân tích bằng kỹ thuật PCR cho thấy tất cả các cá thể *An. Dirus s.l* thu thập tại các điểm nghiên cứu đều cho kết quả là *An. Dirus* dạng A. Kết quả này giống với kết quả của Baimai và cộng sự

(1987) [33], Supat Sucharit và cộng sự (1997) nghiên cứu ở Đông Nam Á, Ngô Thị Hương và cộng sự (2004) [26], Trương Văn Có và cộng sự (2005) [58]. Như vậy chỉ có 1 loài *An. Dirus* dạng A tại các tỉnh Tây Nguyên.

Kết quả phân tích tỷ lệ nhiễm ký sinh trùng sốt rét (KSTSR) ở các vector chính *An. Minimus* và *An. Dirus* cho thấy chỉ có *An. Minimus* dương tính với KSTSR với tỷ lệ là 2,8% tại Kon Tum và 1,58 tại Gia Lai. Nghiên cứu của Nguyễn Xuân Quang và cộng sự (2012) cho thấy tỷ lệ nhiễm KSTSR của *An. Minimus* là 2,19% và của *An. Dirus* là 3,62% tại các vườn Quốc gia ở Kon Tum, Gia Lai và Khu bảo tồn thiên nhiên Ea Sô ở Đắk Lắk (); Nguyễn Xuân Quang và cộng sự (2019) cũng đã xác định tỷ lệ nhiễm KSTSR của trên véc tơ chính tại Gia Lai và Đắk Lắk từ 1,41%-4,62% đối với *An. Dirus* ở Hòn Bà (Diên Khánh-Khánh Hòa) *An. Dirus* có tỷ lệ dương tính với KSTSR là 2,24% bằng kỹ thuật ELISA (Nguyễn Thái Bình, 2010). Như vậy, 2 loài muỗi này đến nay vẫn là vector truyền sốt rét hiệu quả ở khu vực miền Trung-Tây Nguyên.

5. KẾT LUẬN

- Nghiên cứu thu thập được 715 mẫu muỗi *Anopheles* tại 4 tỉnh Tây Nguyên gồm Kon Tum (13 loài), Gia Lai (14 loài), Đắk Lắk (13 loài), Đắk Nông (12 loài);

- Ghi nhận sự có mặt các vector chính: Tại tỉnh Kon Tum có 2 vector chính là *An. Minimus* và *An. Dirus*; tại Gia Lai chỉ thu thập được vector chính *An. Minimus*, tại Đắk Lắk chỉ thu thập được vector chính *An. Dirus* và tại Đắk Nông thu thập được cả 2 loại vector chính *An. Minimus* và *An. Dirus*;

- Trong số 715 mẫu, qua định loại bằng PCR cho thấy toàn bộ 387 mẫu *An. Dirus s.l* thu được trong nghiên cứu đều cho kết quả là *An. Dirus* dạng A; đối với 328 mẫu *An. Minimus s.l* thì có 307/328 mẫu được định loại là *An. Minimus* và 21/328 mẫu định loại là *An. varuna*, *An. pampanai*, *An. aconitus*. Trong 307 mẫu *An. Minimus* thì tại Kon Tum có 107 mẫu, 190 mẫu thu tại Gia Lai và 10 mẫu thu tại Đăk Nông;

- Ghi nhận tỷ lệ nhiễm KSTSR trong cơ thể muỗi tại 2 điểm nghiên cứu là Kon Tum và Gia Lai với tỷ lệ nhiễm *Plasmodium spp.* tương ứng là 2,8% và 1,58%. Mẫu thu thập từ các điểm khác không ghi nhận nhiễm *Plasmodium spp.*

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] Bộ Y tế (2011). Cẩm nang kỹ thuật phòng chống bệnh sốt rét. Nhà xuất bản Y học.
- [2] Phuc H., Ball A., Son L., et al., (2003). Multiplex PCR assay for malaria vector *Anopheles minimus* and four related species in the *Myzomyia* series from Southeast Asia. *Medical Veterinary Entomology*, 17 (4):423-428.
- [3] Ngô Thị Hương, Trương Văn Có, Trần Thị Dung (2004). Nghiên cứu xác định nhóm loài *Anopheles minimus* và *Anopheles dirus* ở miền Trung-Tây nguyên bằng kỹ thuật PCR. *Tạp chí Y học Thực hành*, (477), tr. 160-164.
- [4] Nguyễn Xuân Quang và cs (2019). Véc tơ sốt rét ở miền Trung-Tây Nguyên giai đoạn 2010-2019. *Tạp chí phòng chống bệnh sốt rét và các bệnh ký sinh trùng*, 2 (113), tr. 42-48.

