

# INFECTION RISK PATTERNS OF *CLONORCHIOSIS CLONORCHIS SINENSIS* ASSOCIATED WITH THE FRESHWATER SNAIL *PARAFOSSARULUS MANCHOURICUS* IN NORTHERN VIETNAM

Le Quang Tuan<sup>1,2\*</sup>, Tran Anh Tuan<sup>1,2</sup>, Nguyen Van Ha<sup>1,2</sup>, Nguyen Ngoc Bich<sup>3</sup>, Nguyen Manh Hung<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Institute of Biotechnology (IBT), Vietnam Academy of Science and Technology (VAST) -  
18 Hoang Quoc Viet, Cau Giay Dist, Hanoi City, Vietnam

<sup>2</sup>Graduate University of Science and Technology, Vietnam Academy of Science and Technology -  
18 Hoang Quoc Viet, Cau Giay Dist, Hanoi City, Vietnam

<sup>3</sup>Hanoi Medical University - 1 Ton That Tung, Kim Lien Ward, Hanoi City, Vietnam

Received: 12/02/2026

Revised: 16/03/2026; Accepted: 27/03/2026

## ABSTRACT

**Objective:** The freshwater snail *Parafossarulus manchouricus* serves as the critical biological link in the transmission cycle of the small liver fluke (*Clonorchis sinensis*), a pressing public health issue in Vietnam. This study aims to identify bioclimatic factors limiting the species' distribution and construct an epidemiological risk map using an ecological modeling approach.

**Methods:** We applied an Ensemble Species Distribution Modelling (SDM) approach, combining four machine learning algorithms (Maxnet, GLM, MARS, Random Forest), to analyze data from 279 occurrence points in Northern Vietnam alongside bioclimatic variables.

**Results:** The model achieved excellent predictive performance with an AUC value of 0,983. The results indicate that the distribution of *P. manchouricus* is strongly governed by three factors: Mean Diurnal Range (Bio2), Min Temperature of Coldest Month (Bio6), and Precipitation of Driest Month (Bio14). High-risk hotspots were identified along the coastal regions of the Red River Delta and North Central Coast, comprising Ninh Binh, Nam Dinh, Hai Phong, and Quang Ninh provinces, with an estimated core area of approximately 11.490 km<sup>2</sup>.

**Conclusion:** This risk map provides a quantitative scientific basis for preventive health authorities to prioritize surveillance in identified hotspots. Control strategies should focus on managing aquaculture environments and implementing biological control measures in areas with high ecological suitability indices to interrupt the transmission cycle to humans.

**Keywords:** *Parafossarulus manchouricus*, *Clonorchis sinensis*, Species Distribution Modelling, Clonorchiosis.

---

\*Corresponding author

Email: penguin0343@gmail.com Phone: (+84) 912750343 DOI: 10.52163/yhc.v67iCD4.4783

# MÔ HÌNH NGUY CƠ LÂY NHIỄM MÀM BỆNH SÁN LÁ GAN NHỎ *CLONORCHIS SINENSIS* LIÊN QUAN ĐẾN LOÀI ỐC NƯỚC NGỌT *PARAFOSSARULUS MANCHOURICUS* TẠI MIỀN BẮC VIỆT NAM

Lê Quang Tuấn<sup>1,2\*</sup>, Trần Anh Tuấn<sup>1,2</sup>, Nguyễn Văn Hà<sup>1,2</sup>, Nguyễn Ngọc Bích<sup>3</sup>, Nguyễn Mạnh Hùng<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Viện Công nghệ Sinh học, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam -  
18 Hoàng Quốc Việt, Q. Cầu Giấy, Tp. Hà Nội, Việt Nam

<sup>2</sup>Học viện Khoa học và Công nghệ, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam -  
18 Hoàng Quốc Việt, Q. Cầu Giấy, Tp. Hà Nội, Việt Nam

<sup>3</sup>Trường Đại học Y Hà Nội - 1 Tôn Thất Tùng, P. Kim Liên, Tp. Hà Nội, Việt Nam

Ngày nhận: 12/02/2026

Ngày sửa: 16/03/2026; Ngày đăng: 27/03/2026

## TÓM TẮT

**Mục tiêu:** Loài ốc nước ngọt *Parafossarulus manchouricus* là mắt xích sinh học quan trọng nhất trong chu trình lây truyền bệnh sán lá gan nhỏ (*Clonorchis sinensis*), một vấn đề y tế công cộng cấp bách tại Việt Nam. Nghiên cứu này nhằm xác định các yếu tố sinh khí hậu giới hạn sự phân bố của loài và xây dựng bản đồ nguy cơ lây nhiễm mầm bệnh kí sinh trùng trên *P. manchouricus* dựa trên tiếp cận mô hình hóa sinh thái.

**Phương pháp:** Chúng tôi áp dụng phương pháp mô hình hóa phân bố loài tích hợp (Ensemble Species Distribution Modelling - SDM), kết hợp bốn thuật toán học máy (Maxnet, GLM, MARS, Random Forest) để phân tích dữ liệu từ 279 điểm ghi nhận loài tại miền Bắc Việt Nam và các biến số sinh khí hậu.

**Kết quả:** Mô hình đạt độ tin cậy cao với chỉ số AUC = 0,983. Kết quả chỉ ra rằng sự phân bố của *P. manchouricus* bị chi phối mạnh mẽ bởi ba yếu tố: Dao động nhiệt độ ngày (Bio2), Nhiệt độ thấp nhất của tháng lạnh nhất (Bio6), và lượng mưa tháng khô nhất (Bio14). Nghiên cứu được thử nghiệm ở khu vực miền Bắc Việt Nam với vùng nguy cơ cao (hotspots) được xác định tập trung tại dải ven biển thuộc Đồng bằng sông Hồng và Bắc Trung Bộ, bao gồm các tỉnh Ninh Bình, Hải Phòng và Quảng Ninh, với tổng diện tích vùng lõi ước tính khoảng 11.490 km<sup>2</sup>.

**Kết luận:** Bản đồ nguy cơ lây nhiễm cung cấp cơ sở khoa học định lượng để các cơ quan y tế dự phòng xác định các "điểm nóng" cần ưu tiên giám sát. Chiến lược kiểm soát cần tập trung vào việc quản lý môi trường ao nuôi và áp dụng các biện pháp sinh học tại các vùng có chỉ số phù hợp sinh thái cao để ngăn chặn chu trình lây nhiễm sang người.

**Từ khóa:** *Parafossarulus manchouricus*, *Clonorchis sinensis*, Mô hình phân bố loài, Sán lá gan nhỏ.

## 1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bệnh sán lá gan nhỏ (*Clonorchiasis*), gây ra bởi ký sinh trùng *Clonorchis sinensis*, hiện được Tổ chức Y tế Thế giới (WHO) xếp vào nhóm các bệnh nhiệt đới bị lãng quên (Neglected Tropical Diseases - NTDs) có mức độ ảnh hưởng nghiêm trọng đến sức khỏe cộng đồng tại khu vực Đông Á, đặc biệt là Trung Quốc, Hàn Quốc và Việt Nam. Tại Việt Nam, bệnh lưu hành chủ yếu ở các tỉnh phía Bắc và Bắc Trung Bộ, nơi tập quán ăn gỏi cá sống còn phổ biến, dẫn đến các biến chứng nguy hiểm như xơ gan, viêm đường mật và ung thư biểu mô đường mật (cholangiocarcinoma) (Viện Sốt rét - Ký sinh trùng - Côn trùng Trung ương, 2019). Chu trình lây nhiễm của *C. sinensis* trong tự nhiên phụ thuộc hoàn toàn vào sự hiện diện của các loài ốc nước ngọt đóng vai trò là vật chủ trung gian thứ nhất. Trong đó, loài ốc *Parafossarulus manchouricus* được xác định là mắt xích sinh học quan trọng nhất, nơi diễn ra giai đoạn nhân lên vô tính từ trứng thành ấu trùng đuôi (cercariae) có khả năng lây nhiễm sang cá. Do đó, sự phân bố địa lý và mật độ quần thể của loài ốc này quyết định trực tiếp đến 1 trong 3 mắt xích dịch tễ học của bệnh sán lá gan nhỏ.

Sự tồn tại và phát triển của *P. manchouricus*, giống như

các loài động vật biến nhiệt (poikilotherms) khác, chịu sự chi phối mạnh mẽ của các yếu tố sinh khí hậu như nhiệt độ và chế độ thủy văn. Trong bối cảnh biến đổi khí hậu toàn cầu đang diễn ra nhanh chóng, Việt Nam được dự báo là một trong những quốc gia chịu ảnh hưởng nặng nề nhất với sự gia tăng nhiệt độ và thay đổi bất thường của lượng mưa (Bộ Tài nguyên và Môi trường - TNMT, 2020) [1]. Những biến đổi này có nguy cơ làm thay đổi ổ sinh thái (ecological niche) của loài ốc, mở rộng vùng phân bố hoặc kéo dài mùa lây truyền bệnh, đặt ra những thách thức mới cho công tác kiểm soát y tế.

Mặc dù vai trò y học của *P. manchouricus* đã được khẳng định, các nghiên cứu trước đây tại Việt Nam chủ yếu tập trung vào điều tra tỷ lệ nhiễm cục bộ mà thiếu đi các công cụ dự báo không gian trên diện rộng. Việc hiểu rõ các yếu tố môi trường ảnh hưởng trực tiếp đến sự phân bố của loài (như ngưỡng chịu nhiệt, khả năng chịu hạn) là tiền đề tiên quyết để xây dựng các kế hoạch, giải pháp can thiệp sớm. Nghiên cứu này được thực hiện nhằm mục đích giải quyết khoảng trống đó bằng cách: (1) xác định các yếu tố sinh khí hậu chủ đạo chi phối sự phân bố của *P. manchouricus* tại Việt Nam; (2) xây dựng bản đồ nguy cơ lây nhiễm mầm

\*Tác giả liên hệ

Email: penguin0343@gmail.com Điện thoại: (+84) 912750343 DOI: 10.52163/vhc.v67iCD4.4783

bệnh kí sinh trùng sử dụng mô hình phân bố loài. Nghiên cứu đã thử nghiệm với mô hình phân bố loài đồng thuận (Ensemble Species Distribution Modelling - SDM) bằng cách kết hợp nhiều thuật toán máy học tiên tiến để giảm thiểu sự không chắc chắn. Kết quả nghiên cứu cung cấp cơ sở khoa học định lượng giúp các nhà hoạch định chính sách y tế xác định các vùng nóng (hotspots) cần ưu tiên giám sát và can thiệp theo hướng tiếp cận "Một Sức Khỏe" (One Health).

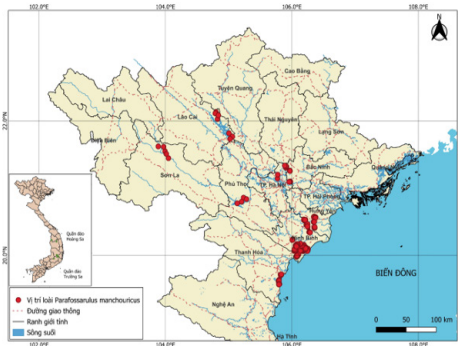
## 2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1. Khu vực nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện tại khu vực miền Bắc Việt Nam, tập trung vào các vùng có ghi nhận sự hiện diện của loài ốc nước ngọt *Parafossarulus manchouricus* (Hình 1).

### 2.2. Dữ liệu phân bố loài

Dữ liệu phân bố của loài ốc nước ngọt *P. manchouricus* được thu thập từ các đợt khảo sát thực địa trong khoảng thời gian từ 2023-2025. Tại mỗi điểm khảo sát (ao, hồ, ruộng lúa, kênh mương), ốc được thu thập ngẫu nhiên bằng vợt lưới cán dài (kích thước mắt lưới 2mm) hoặc thu bắt bằng tay dọc theo bờ nước và thăm thực vật thủy sinh trong thời gian khoảng 30 phút/điểm. Các mẫu ốc sau khi thu thập được rửa sạch, bảo quản sống trong điều kiện ẩm và vận chuyển về phòng thí nghiệm. Việc định danh loài *P. manchouricus* được thực hiện dựa trên các đặc điểm hình thái vỏ dưới kính lúp soi nổi Olympus. Các đặc điểm chẩn đoán chính bao gồm: vỏ hình tháp, có các gờ xoắn nổi rõ chạy dọc theo chiều dài của vỏ, nắp vỏ bằng chất vôi và có vòng xoắn đồng tâm. Việc định loại tuân theo khóa phân loại động vật không xương sống nước ngọt tiêu chuẩn của Đặng Ngọc Thanh và Hồ Thanh Hải (2017) và các tài liệu chuyên khảo liên quan [2]. Tổng cộng có 279 vị trí ghi nhận sự hiện diện của loài tại các tỉnh khu vực Đồng bằng sông Hồng và miền núi phía Bắc Việt Nam (Ninh Bình, Hưng Yên, Thanh Hóa, Bắc Ninh, Phú Thọ và Sơn La) (Hình 1).



Hình 1. Sơ đồ khu vực nghiên cứu và vị trí các điểm ghi nhận loài *P. manchouricus* qua các đợt khảo sát thực địa

### 2.3. Dữ liệu môi trường

Để xây dựng Mô hình phân bố loài, chúng tôi sử dụng ba loại dữ liệu môi trường: sinh khí hậu, lớp phủ mặt đất và địa hình. Các lớp dữ liệu về sinh khí hậu được lấy từ Dữ liệu khí hậu độ phân giải cao cho bề mặt đất liền trên Trái Đất (CHELSA version 2.1, tải tại <https://www.chelsa-climate.org>), lớp phủ mặt đất từ Bản đồ lớp phủ, sử dụng đất độ phân giải cao cho Việt Nam (JAXA, tải tại <https://www.eorc.jaxa.jp>), và lớp dữ liệu độ cao từ Sự mệnh địa hình bằng radar tàu thoi (SRTM, tải tại <https://csidotinfo.wordpress.com/data/srtm-90m-digital-elevation>).

Tất cả dữ liệu raster được xử lý chuẩn hóa và đưa về độ phân giải 1000m. Để loại bỏ vấn đề đa tương quan ( $r \geq |0,8|$ ), một bộ năm biến khí hậu cuối cùng đã được chọn để xây dựng mô hình, bao gồm: Bio2 (Trung bình chênh lệch nhiệt độ ngày), Bio6 (Nhiệt độ thấp nhất của tháng lạnh nhất), Bio12 (Lượng mưa trung bình năm), Bio14 (Lượng mưa tháng khô nhất) và Bio15 (Dao động lượng

mưa theo mùa).

### 2.4. Mô hình phân bố loài

Mô hình phân bố loài được áp dụng nhằm dự báo tiềm năng phân bố của loài *Parafossarulus manchouricus*. Để tăng cường độ tin cậy của mô hình, chúng tôi sử dụng phương pháp tích hợp nhiều thuật toán khác nhau, bao gồm Maxnet, Generalized Linear Model (GLM), MARS và Random Forest (RF). Kết quả dự báo được tổng hợp từ các thuật toán trên theo phương pháp đồng thuận mô hình (ensemble modeling).

Dữ liệu điểm phân bố loài được chia theo tỷ lệ 80:20, trong đó 80% được sử dụng để huấn luyện mô hình và 20% còn lại dùng để kiểm định độ chính xác. Nhằm giảm thiểu sai lệch do sự phân bố không đồng đều của dữ liệu, dữ liệu nền (background data) được tạo bằng cách lấy ngẫu nhiên 10.000 điểm trong phạm vi 50 km tính từ các vị trí ghi nhận sự hiện diện của loài [7].

Mức độ tin cậy của mô hình được đánh giá thông qua các chỉ số ROC (Receiver Operating Characteristic), TSS (True Skill Statistic) và Kappa (Cohen's Kappa). Chỉ số ROC dao động từ 0,5 (tương đương với mô hình ngẫu nhiên, không có khả năng dự báo) đến 1.0 (mô hình lý tưởng có khả năng dự báo hoàn hảo) [5]. Theo phân loại của (Elith et al. 2006), ROC từ 0,7–0,8 phản ánh mô hình tương đối tốt, từ 0,8–0,9 là mô hình tốt, và trên 0,9 là mô hình rất tốt [4]. Chỉ số TSS được sử dụng để đánh giá hiệu suất của mô hình phân loại nhị phân, đặc biệt hữu ích trong SDM khi phân biệt giữa các điểm có và không có loài. TSS dao động từ -1 đến +1, trong đó TSS = 1 biểu thị mô hình hoàn hảo, TSS = 0 tương đương với mô hình ngẫu nhiên, và TSS < 0 phản ánh mô hình kém hơn ngẫu nhiên. Trong khi đó, chỉ số Kappa đo lường mức độ đồng thuận giữa dự đoán của mô hình và dữ liệu thực tế, có điều chỉnh cho sự đồng thuận ngẫu nhiên. Giá trị Kappa cũng nằm trong khoảng từ -1 đến +1, với Kappa = 1 biểu thị đồng thuận hoàn hảo, Kappa = 0 là đồng thuận do ngẫu nhiên, và Kappa < 0 là đồng thuận kém hơn ngẫu nhiên.

Việc xác định sự hiện diện tiềm năng của loài được thực hiện dựa trên ngưỡng phần trăm thứ 10 của dữ liệu huấn luyện (10th percentile of training presences threshold) [3]. Các ô lưới có giá trị dự báo vượt ngưỡng này được xem là có khả năng phân bố loài. Trong mô hình đồng thuận, một ô lưới được xác định là có sự hiện diện của loài nếu có trên 50% số mô hình dự đoán sự hiện diện tại ô đó.

Độ sai lệch giữa các thuật toán được đánh giá thông qua hệ số biến thiên (Coefficient of Variation – CV), được tính bằng tỷ lệ giữa độ lệch chuẩn và giá trị trung bình của các dự đoán từ năm thuật toán.

Cuối cùng, mức độ ảnh hưởng của từng biến môi trường đến phân bố loài được xác định thông qua giá trị phần trăm đóng góp (percent contribution) trong mô hình, trong khi mối quan hệ giữa các biến môi trường và xác suất hiện diện của loài được phân tích thông qua các đường đáp ứng (response curves).

Quá trình xây dựng mô hình được thực hiện bằng package biomod2 trong phần mềm R version 4.5.2 (Package “biomod2” Type Package Title Ensemble Platform for Species Distribution Modeling 2016).

## 3. KẾT QUẢ

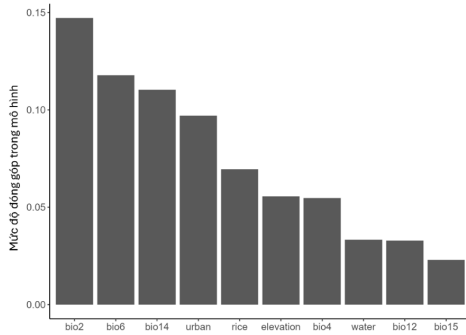
### 3.1. Mức độ tin cậy của mô hình

Mô hình phân bố loài đồng nhất cho thấy khả năng dự báo vượt trội về vùng sinh cảnh phù hợp của *Parafossarulus manchouricus*. Các chỉ số kiểm định thống kê đều đạt mức rất cao, thể hiện tính chính xác của kết quả. Chỉ số AUC đạt 0.983, vượt xa ngưỡng tiêu chuẩn 0.9, cho thấy khả năng phân loại rất tốt giữa các điểm có và không có loài. Chỉ số TSS đạt 0.896 phản ánh độ nhạy và độ đặc hiệu cao của mô hình. Chỉ số Kappa đạt 0.708, cho thấy mức độ đồng thuận cao giữa dự báo và thực tế quan sát. Sự nhất quán giữa kết quả của mô hình tích hợp và các thuật toán thành phần càng củng cố thêm độ tin cậy cho

bản đồ nguy cơ dịch tễ được thiết lập.

### 3.2. Vai trò của các yếu tố sinh khí hậu

Các yếu tố sinh khí hậu chi phối sự phân bố địa lý của *P. manchouricus* tại Việt Nam được thể hiện ở Hình 2, trong đó ba yếu tố môi trường chủ đạo gồm: (1) Dao động nhiệt độ ngày (Bio2 - Mean Diurnal Range): Đây là yếu tố có ảnh hưởng lớn nhất. Sự phụ thuộc này phản ánh đặc điểm sinh lý của loài ốc nước ngọt, vốn nhạy cảm với sự thay đổi nhiệt độ đột ngột giữa ngày và đêm trong các thùy vực nông. (2) Nhiệt độ thấp nhất của tháng lạnh nhất (Bio6): Đóng vai trò là yếu tố giới hạn sinh học. Chỉ số này xác định khả năng sống sót qua mùa đông của quần thể ốc, đặc biệt quan trọng đối với các quần thể tại miền Bắc Việt Nam nơi có mùa đông lạnh rõ rệt. (3) Lượng mưa tháng khô nhất (Bio14): Yếu tố này quyết định sự duy trì của các vi sinh cảnh (ao, hồ, ruộng trũng) trong mùa khô hạn, ảnh hưởng trực tiếp đến khả năng sống sót của ốc khi mực nước xuống thấp.

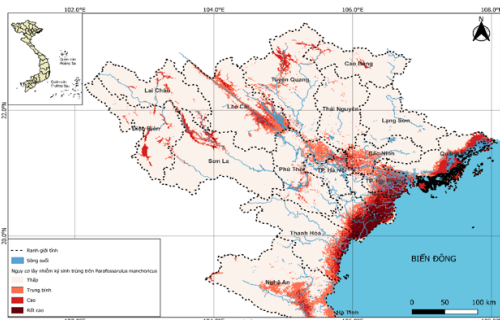


Hình 2. Mức độ đóng góp của các yếu tố môi trường trong mô hình phân bố loài *P. manchouricus*

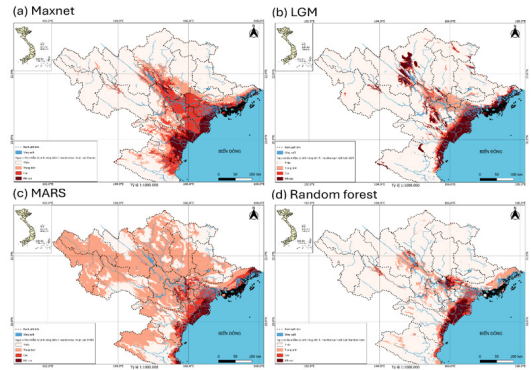
### 3.3. Bản đồ phân vùng nguy cơ lây nhiễm

Bản đồ dự phân vùng nguy cơ lây nhiễm (Hình 3) cho thấy vùng phân bố tiềm năng của *P. manchouricus* không phân bố ngẫu nhiên mà tập trung thành các dải đặc trưng liên quan mật thiết đến nguy cơ dịch tễ. Nguy cơ cao nhất tập trung tại dải ven biển thuộc Đồng bằng sông Hồng và Bắc Trung Bộ. Các tỉnh nằm trong vùng lõi phân bố bao gồm: Ninh Bình, Hưng Yên, Thanh Hóa, Hải Phòng và Quảng Ninh. Ngoài các vùng trọng điểm, mô hình cũng xác định được sự hiện diện của loài tại các thung lũng và vùng đất trũng thuộc các tỉnh Hà Nội, Điện Biên, Sơn La, Lào Cai và Tuyên Quang.

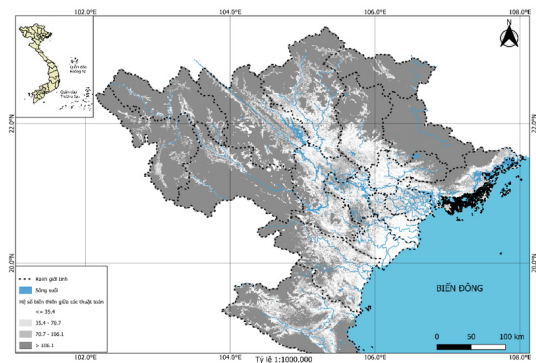
Tổng diện tích vùng phân bố thích hợp ước tính khoảng 11.490 km<sup>2</sup>. Đây được coi là khu vực có nguy cơ cao xảy ra lây truyền sán lá gan nhỏ sang người và vật nuôi. Bản đồ sử dụng thuật toán đơn lẻ và hệ số biến thiên (CV) (Hình 4,5) cho thấy độ không chắc chắn thấp tại các vùng trọng điểm ven biển, khẳng định độ tin cậy cao của dự báo tại các ổ dịch lớn này. Ngược lại, các vùng rìa phân bố có hệ số biến thiên cao hơn, cho thấy quần thể tại đây có thể kém ổn định hoặc chịu tác động mạnh hơn của các yếu tố ngẫu nhiên.



Hình 3. Bản đồ phân vùng nguy cơ lây nhiễm mầm bệnh kí sinh trùng trên *P. manchouricus* ở mô hình đồng nhất



Hình 4. Bản đồ phân vùng nguy cơ lây nhiễm mầm bệnh kí sinh trùng trên *P. manchouricus* bằng các thuật toán (a) Maxnet, (b) LGM, (c) MARS và (d) Random forest



Hình 5. Bản đồ hệ số biến thiên giữa các thuật toán về nguy cơ lây nhiễm mầm bệnh kí sinh trùng trên *P. manchouricus*

## 4. BÀN LUẬN

### 4.1. Mối liên hệ giữa các yếu tố môi trường với *P. manchouricus*

Biến số Nhiệt độ thấp nhất của tháng lạnh nhất (Bio6) được mô hình xác định là một trong những yếu tố giới hạn quan trọng nhất đối với sự hiện diện của loài *P. manchouricus* tại Việt Nam. Điều này phản ánh một đặc điểm sinh lý học bảo thủ của chi Parafossarulus. Các nghiên cứu sinh thái học tại Hàn Quốc cho thấy quần thể *P. manchouricus* thể hiện tính chất mùa vụ rõ rệt, biến mất (ngủ đông) khi nhiệt độ nước giảm xuống dưới 10-13°C. Tại miền Bắc Việt Nam, biến số nhiệt độ ôn hòa hơn ở vùng ven biển cho phép ốc duy trì hoạt động lâu hơn, tạo điều kiện cho chu kỳ lây truyền *C. sinensis* diễn ra gần như quanh năm.

Việc xác định biến số Dao động nhiệt độ ngày (Bio2) - yếu tố đóng góp lớn nhất, là một phát hiện quan trọng. Vùng ven biển (Quảng Ninh, Hải Phòng, Nam Định) chịu ảnh hưởng của hiệu ứng đại dương, giúp giảm biên độ nhiệt ngày đêm (Bio2 thấp), tạo ra môi trường nhiệt ổn định giảm áp lực sinh lý cho ốc. Ngược lại, các vùng thung lũng nội địa có Bio2 cao hơn, hạn chế sự phát triển mật độ cao của quần thể.

### 4.2. Nguy cơ ảnh hưởng đến sức khỏe cộng đồng

Sự phân bố của loài ốc *P. manchouricus* không chỉ là vấn đề sinh thái mà còn là chìa khóa để hiểu bản đồ dịch tễ bệnh sán lá gan nhỏ. Kết quả mô hình hóa cung cấp một cái nhìn định lượng và phân bố không gian về nguy cơ ảnh hưởng đến sức khỏe, đặc biệt khi đặt trong bối cảnh văn hóa và kinh tế xã hội của Việt Nam.

Mô hình đồng thuận dự báo vùng nguy cơ cao tập trung tại dải ven biển các tỉnh: Ninh Bình, Nam Định, Thanh Hóa, Hải Phòng, và Quảng Ninh với diện tích ước tính 11.490 km<sup>2</sup>. Sự trùng khớp giữa kết quả tính toán phân vùng nguy cơ lây nhiễm và thực tế dịch tễ học đã và đang

xảy ra rất cao và đáng báo động. Ninh Bình và Nam Định được mô hình xác định là vùng lõi phân bố (nguy cơ Rất cao). Thực tế đây từ lâu đã được xác định là ổ bệnh sán lá gan nhỏ với tỷ lệ nhiễm trên người có nơi lên tới 30-37%. Mô hình cảnh báo nguy cơ cao tại khu vực Quảng Ninh và Hải Phòng. Thực tế đã chứng minh qua ổ dịch tại xã Liên Vị (Quảng Yên, Quảng Ninh) năm 2023 với 55/200 người nhiễm (chiếm tỷ lệ 27.5%).

#### 4.3. Chiến lược ứng phó (One Health Strategy)

Trước nguy cơ ảnh hưởng đến sức khỏe cộng đồng hiện hữu và ngày càng phức tạp, chúng tôi đề xuất một chiến lược kiểm soát toàn diện, đa ngành, chuyển dịch từ thể bị động (điều trị ca bệnh) sang thể chủ động (kiểm soát nguồn lây và vector). Ưu tiên nguồn lực y tế để giám sát chủ động tại các xã thuộc vùng có xác suất phân bố ốc cao (màu đỏ trên bản đồ), đặc biệt là tại Quảng Ninh và Thanh Hóa. Ứng dụng thả ghép cá Trắm đen (*Mylopharyngodon piceus*) - loài thiên địch chuyên ăn ốc - vào các ao nuôi thương phẩm tại vùng dịch tễ để kiểm soát mật độ ốc vật chủ. Kết hợp điều trị y tế cho người nhiễm, tẩy sán cho vật chủ bảo tồn (chó, mèo) và truyền thông thay đổi hành vi không ăn gỏi cá sống.

#### 4.4. Hạn chế của nghiên cứu

Nghiên cứu này còn tồn tại một số hạn chế nhất định khi mới chỉ tập trung phân tích mô hình phân bố của vật chủ trung gian (*Parafossarulus manchouricus*) - một trong ba mắt xích cơ bản của chu trình dịch tễ, mà chưa tích hợp đầy đủ dữ liệu về tác nhân gây bệnh (*Clonorchis sinensis*) và khối cảm thụ theo cách tiếp cận toàn diện One Health. Cụ thể, mô hình chưa tham số hóa được các biến số xã hội - hành vi quan trọng tại khu vực nghiên cứu như thói quen ăn gỏi cá hoặc ốc chưa nấu chín, cũng như Kiến thức - Thái độ - Thực hành (KAP) của người dân về phòng chống bệnh. Bên cạnh đó, các yếu tố thuộc về năng lực hệ thống y tế (khả năng chẩn đoán, điều trị và dự phòng) cũng chưa được đề cập, do đó bản đồ hiện tại phản ánh nguy cơ tiềm năng về mặt sinh thái hơn là mức độ lây truyền thực tế trong cộng đồng.

### 5. KẾT LUẬN

Nghiên cứu đã xây dựng thành công Mô hình phân bố loài đồng thuận cho loài ốc nước ngọt *Parafossarulus manchouricus*, vật chủ trung gian quan trọng của sán lá gan nhỏ (*Clonorchis sinensis*) với độ tin cậy dự báo rất cao. Các yếu tố môi trường chủ đạo chi phối sự phân bố của loài bao gồm Dao động nhiệt độ ngày (Bio2), Nhiệt độ thấp nhất của tháng lạnh nhất (Bio6) và Lượng mưa tháng khô nhất (Bio14). Kết quả này chỉ ra sự nhạy cảm của *P. manchouricus* đối với điều kiện nhiệt độ cực đoan và tính sẵn có của nguồn nước trong mùa khô. Sự hiện diện của các vùng nguy cơ cao trùng khớp với các ổ dịch thực tế là một lời cảnh tỉnh mạnh mẽ về sự tồn tại bền vững và nguy

cơ bùng phát của bệnh sán lá gan nhỏ. Để kiểm soát hiệu quả, Việt Nam cần chuyển đổi sang chiến lược tích hợp: Sử dụng bản đồ nguy cơ lây nhiễm để định hướng giám sát, áp dụng kiểm soát sinh học bằng cá Trắm đen, và thực hiện đồng bộ các biện pháp vệ sinh môi trường - điều trị y tế. Chỉ có cách tiếp cận toàn diện này mới có thể giảm thiểu gánh nặng bệnh tật và ngăn chặn nguy cơ ung thư đường mật cho hàng triệu người dân trong vùng dịch tễ.

#### LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được tài trợ bởi Dự án thuộc Sự nghiệp bảo vệ môi trường, mã số: UQ.SNMT.01/23-25 và Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam, mã số đề tài UQĐTCB.06/25-27.

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] Bộ Tài nguyên và môi trường. (2020). Kịch bản biến đổi khí hậu, nước biển dâng cho Việt Nam.
- [2] Đặng Ngọc Thanh, Hồ Thanh Hải (2017). Động vật chí Việt Nam, Tập 29: Trai, ốc nước ngọt nội địa Việt Nam (Mollusca: Gastropoda, Bivalvia). Nhà xuất bản Khoa học Tự nhiên và Công nghệ, Hà Nội.
- [3] Cao, Yong et al. (2013), Using maxent to model the historic distributions of stonefly species in Illinois streams: the effects of regularization and threshold selections, Ecological Modelling, Vol.259: pp.30-39.
- [4] Elith, Jane et al. (2006), Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data, Ecography, Vol.29(2): pp.129-51. <http://doi.wiley.com/10.1111/j.0906-7590.04596.x>.
- [5] Fielding, Alan H. and John F. Bell. (1997), A review of methods for the assessment of prediction errors in conservation presence/absence models, Environmental Conservation Vol.24(1): pp.38-49.
- [6] Jarvis, A., Guevara, E., Reuter, H. I., Nelson, A. D. (2008), Hole-Filled SRTM for the globe : Version 4 : Data Grid, Database (<http://srtm.csi.cgiar.org>): from <http://srtm.csi.cgiar.org/Package> "biomod2" Type Package Title Ensemble Platform for Species Distribution Modeling. 2016.
- [7] Phillips, Steven J. et al. (2009), Sample selection bias and presence-only distribution models: implications for background and pseudo-absence data, Ecological Applications Vol.19(1):pp.181-97. <http://doi.wiley.com/10.1890/07-2153.1>.