

Nghiên cứu khoa học

XÁC ĐỊNH, PHÂN NHÓM VIRUS GÂY BỆNH VIÊM PHẾ QUẢN TRUYỀN NHIỄM TRÊN GÀ NĂM 2018 Ở ĐỒNG BẰNG SÔNG CỬU LONG

*Lê Thị Kim Xuyên¹, Nguyễn Thị Cẩm Loan²,
Trần Ngọc Bích³, Đoàn Thị Thanh Hương^{1,4}, Lê Thanh Hòa^{1,4}*

TÓM TẮT

Tám chuỗi nucleotide của gen nucleoprotein (N) gồm 403 bp đã được thu nhận từ 7 mẫu bệnh phẩm IBV trên gà nuôi ở hai tỉnh Sóc Trăng và Vĩnh Long bằng PCR và giải trình tự. Trình tự nucleotide gen N của IBV được đưa vào sắp xếp so sánh, phân tích phả hệ (25 chủng) và tính toán khoảng cách di truyền (20 chủng). Kết quả nghiên cứu cho thấy giữa 8 chủng của Việt Nam, một số nhóm chủng có khoảng cách di truyền rất thấp, cụ thể: 0-0,2% giữa 3 chủng IBST3, IBST4, IBST9; 0,5% giữa 2 chủng IBST5-1 và IBST5-2 và 0% giữa IBST14 và IBVL22. Phân tích phả hệ đã chia 25 chủng IBV thành 2 nhóm chính, bao gồm: Nhóm 1 tập hợp các mẫu của thế giới và 3 mẫu IBV phân lập năm 2018 tại Sóc Trăng (IBST4, IBST3, IBST9) với chủng vacxin 4-91 (KF377577) và 2 chủng (IBST5-1, IBST5-2) cùng với Mass41 (AY851295); và nhóm 2 gồm các chủng có nguồn gốc hoàn toàn từ Trung Quốc và 2 chủng phân lập ở Vĩnh Long (IBVL17, IBVL22) và 1 chủng phân lập ở Sóc Trăng (IBST14) cùng với QX và LX4 (QX-like) của Trung Quốc. Có ít nhất 3 nhóm IBV đã xác định được là đang nhiễm trên đàn gà và có sự đa nhiễm trên cùng một cá thể, trong đó có nhóm 4-91, Mass (Mass41) và QX (LX4 hay QX-like) phân lập năm 2018 tại Sóc Trăng và Vĩnh Long.

Từ khóa: IBV, gen nucleoprotein, khoảng cách di truyền, Sóc Trăng, Vĩnh Long, phả hệ.

Determining and grouping IBV in chicken in Mekong Delta, 2018

*Le Thi Kim Xuyen, Nguyen Thi Cam Loan,
Tran Ngoc Bich, Doan Thi Thanh Huong, Le Thanh Hoa*

SUMMARY

There were 8 nucleotide sequences of the nucleoprotein gene (N) including 403 bp collected from 7 IBV specimens on the chickens raising in Soc Trang and Vinh Long provinces identified by PCR and sequencing. The nucleotide sequences of gene N of IBV were arranged and compared. The pedigree of 25 strains was analyzed and genetic distance of 20 strains was calculated. The studied result showed that among 8 IBV strains isolated in Viet Nam, some strain groups presented a very low genetic distance, for example: 0-0.2% among 3 strains (IBST3, IBST4, IBST9), 0.5% between 2 strains (IBST5-1, IBST5-2) and 0% between 2 strains (IBST14 and IBVL22). Base on pedigree analysis, 25 IBV strains were divided into 2 groups, including: Group 1 consisted of all IBV strains in the world, 3 IBV strains isolated in 2018 at Soc Trang (IBST4, IBST3, IBST9), vaccine strain 4-91 (KF377577), and 2 strains (IBST5-1, IBST5-2) together with Mass 41 (AY851295). Group 2: consisted of all the Chinese IBV strains and 2 strains isolated in Vinh Long (IBVL17, IBVL22) and 1 strain isolated in Soc Trang (IBST14) together with QX and LX4 (QX-like) strains of China. At least, there were 3 IBV strains determined to be infected on the chicken herds, presenting co-infection in the same chicken. Of which, there were group 4-91, Mass (Mass41) and QX (LX4 or QX-like) isolated in 2018 in Soc Trang and Vinh Long.

Keywords: IBV, nucleoprotein gene, genetic distance, Soc Trang, Vinh Long, pedigree.

¹ Viện Công nghệ sinh học, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

² Trường Cao đẳng Cộng đồng Vĩnh Long

³ Khoa Nông nghiệp và Sinh học ứng dụng, Đại học Cần Thơ

⁴ Học viện Khoa học và Công nghệ, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam