

PHÁT HIỆN PORCINE CIRCOVIRUS TYPE 3 VÀ MỘT SỐ MẦM BỆNH KHÁC TRONG CÁC CA BỆNH HÔ HẤP PHỨC HỢP

Đỗ Tiến Duy¹, Nguyễn Thế Hiện¹,
Đinh Xuân Phát², Nguyễn Văn Nhã¹, Nguyễn Tất Toàn¹

TÓM TẮT

Mục tiêu của nghiên cứu này nhằm bước đầu thăm dò sự hiện diện của Porcine circovirus type 3 (PCV3), đặc trưng kiểu gen ORF2 và sự đồng nhiễm với một số mầm bệnh khác trong các ca bệnh hô hấp phức hợp (PRDC) trên heo sau cai sữa. Tỷ lệ phát hiện PCV2 trên heo bệnh hô hấp phức hợp là cao nhất (88,3%; 53/60), tiếp đến là vi rút gây hội chứng rối loạn sinh sản và hô hấp - PRRSV (55,0%; 33/60), *Mycoplasma hyopneumonia* - Mh (51,7%; 31/60), *Haemophilus parasuis* - Hp (44,3%; 27/60), dịch tả heo - CSFV (13,3%; 8/60) và thấp nhất là PCV3 (6,67%; 4/60). Các nhóm mầm bệnh nhiễm ghép cao với nhau trong các ca hô hấp phức hợp là PCV2 + PRRSV (48,3%), PCV2 + Mh (50,0%), PCV2 + Hp (38,3%) và PCV2 + Mh + Hp (23,3%). Với PCV3, cả 4/4 trường hợp phát hiện đều nhiễm ghép với PCV2, PRRSV, Mh hoặc Hp; trong đó 4/4 nhiễm ghép với PCV2, 2/4 nhiễm ghép với PRRSV và Mh, 1/4 nhiễm ghép với Hp và 0/4 nhiễm ghép với CSFV. Mức tương đồng của trình tự nucleotide giữa 4 chủng PCV3 là 98,2 đến 97,2 %, trong đó 2 chủng PCV3_AV và PCV3_BL nằm tách biệt với các chủng PCV3 còn lại và các chủng tham khảo trên cây sinh dòng. Kết quả nghiên cứu cho thấy có sự hiện diện PCV3 ở các ca bệnh PRDC và chúng bắt đầu có sự đa dạng lớn về kiểu gen, nên nghiên cứu tiếp theo nhằm xác định vai trò gây bệnh giữa các chủng khác kiểu gen là rất cần thiết.

Từ khóa: PCV3, đồng nhiễm, PRDC và heo cai sữa.

Detection of Porcine circovirus type 3 and some other pathogens in respiratory disease complex

Do Tien Duy, Nguyen The Hien,
Dinh Xuan Phat, Nguyen Van Nha, Nguyen Tat Toan

SUMMARY

The aim of this study was to identify initially the presence of PCV3, characterize ORF2 characteristics and co-infection with other pathogens in porcine respiratory disease complex (PRDC) in the post-weaning piglets. The PCV2 detection rate in the PRDC pigs was highest (88.3%; 53/60), followed by PRRSV (55.0%; 33/60), Mh (51.7%; 31/60), Hp (44.3%; 27/60), CSFV (13.3%; 8/60) and the lowest rate was PCV3 (6.67%; 4/60). The co-infection groups of PRDC cases were PCV2 + PRRSV (48.3%), PCV2 + Mh (50.0%), PCV2 + Hp (38.3%) and PCV2 + Mh + Hp (23.3%). In term of PCV3, all 4/4 cases were co-infected with PCV2, PRRSV, Mh or Hp; of which 4/4 co-infected with PCV2, 2/4 co-infected with PRRSV and Mh and 1/4 co-infected with Hp and 0/4 co-infected with CSFV. The low nucleotide sequence similarity level among 4 isolates of PCV3 (98.2 to 97.2%) was determined, of which two isolates PCV3_AV and PCV3_BL were separately grouped from the remaining PCV3 isolates and reference strains in phylogenetic tree. The studied results showed that there was the presence of PCV3 in the PRDC cases and they began presenting a high diversity on genotype, therefore further research to identify the role of pathogenicity among the strains with different genotype will be very necessary.

Keywords: PCV3, co-infection, PRDC and weaned pigs.

¹ Khoa Chăn nuôi - Thú y, Đại học Nông Lâm Tp. HCM

² Bộ môn Công nghệ sinh học, Đại học Nông Lâm Tp. HCM