

# ỨNG DỤNG PAN-GENOME TÌM KIẾM CÁC GEN MỤC TIÊU HƯỚNG TỚI PHÁT TRIỂN PHƯƠNG PHÁP PAN-PCR KIỂM SOÁT EDWARDSIELLOSIS Ở THỦY SẢN

Nguyễn Thành Luân

Viện Khoa học ứng dụng HUTECH, Đại học Công nghệ Tp. Hồ Chí Minh (HUTECH)

Sự phát triển bền vững của ngành nuôi trồng thủy sản đóng vai trò rất quan trọng cho an ninh lương thực toàn cầu và phúc lợi của nền kinh tế. Tuy nhiên, sự bùng phát của các dịch bệnh thủy sản do vi khuẩn đang đặt ra những thách thức rất lớn cho sự phát triển các phương pháp kiểm soát sinh học bền vững (bao gồm sự đặc hiệu, sự nhạy và nhanh chóng). Hiện nay, việc phát triển các phương pháp giải trình tự bộ gen kết hợp với so sánh phân tích các bộ gen được áp dụng để tìm ra các phương pháp quản lý hiệu quả cho nhiều bệnh thủy sản (Vincent và ctv., 2016). Do đó, việc phân tích thường quy các bộ gen vi sinh vật sẽ cung cấp những thông tin phân tử thể hiện sự đa dạng thích nghi và các xu hướng tiến hóa của các chủng vi khuẩn gây bệnh thủy sản, làm sáng tỏ các cơ chế gây bệnh cũng như ước tính các mô hình lây truyền bệnh qua các thang dịch tễ học. Dữ liệu giải trình tự bộ gen (whole genome sequencing data) là cơ hội để cách mạng hóa trong nghiên cứu dịch tễ học phân tử của vi sinh vật gây bệnh thủy sản có liên quan đến sức khỏe của con người và cộng đồng (Bayliss và ctv., 2017). Những thách thức trong quản lý bệnh thủy sản là sự thay đổi đa dạng của vi sinh vật gây bệnh, sự thích nghi tương tác với nhiều vật chủ (ví dụ các cơ chế thích nghi và truyền bệnh khác nhau) và thay đổi áp lực chọn lọc từ môi trường, đặc biệt là biến đổi khí hậu, sử dụng kháng sinh quá mức. Vì vậy, phân tích kiểu hình gây bệnh kết hợp với phân tích kiểu gen từ dữ liệu giải trình tự bộ gen hoàn chỉnh là phương pháp rất quan trọng để tái xây dựng các phương thức truyền bệnh ở quy mô địa phương và toàn cầu, từ đó đề xuất giảm thiểu sự phát tán và lây lan của dịch bệnh.

## I. TÌNH HÌNH GIẢI TRÌNH TỰ VI KHUẨN *EDWARDSIELLA* GÂY BỆNH THỦY SẢN

### 1.1. Bệnh thủy sản do *Edwardsiella*

Được biết đến như một bệnh truyền nhiễm mãn tính, Edwardsiellosis gây chết hàng loạt ở nhiều loài cá có giá trị kinh tế quan trọng và luôn là một vấn đề nghiêm trọng trong thâm canh nuôi trồng thủy sản (Griffin và ctv., 2017). Ba loài gây bệnh bao gồm *E. hoshinae*, *E. ictaluri* và *E. tarda* được mô tả trong mối liên hệ với các vật chủ khác nhau, bao gồm chim và bò sát, cá trê nuôi và cá rô phi nuôi, và tồn tại trong các vi môi trường khác nhau như nước hồ, sông, biển và ở trong đường ruột của động vật thủy sinh khỏe mạnh (Buján và ctv., 2018). Trong số đó, *E. tarda* được xem là tác nhân truyền nhiễm toàn thân, gây tử vong hàng loạt ở nhiều loài cá nuôi với tỷ lệ cao, chúng cũng được coi là tác nhân gây bệnh linh hoạt có thể ảnh hưởng đến nhiều vật chủ khác như chim, lưỡng cư và bò sát, động vật có vú biển và con người. Ngoài ra, các hệ vi sinh thái của chúng bao gồm hồ, sông, nước biển và ruột của động vật thủy sinh khỏe mạnh. Gần đây, một tác nhân mới gây dịch bệnh truyền nhiễm cho các loài cá nuôi khác nhau trên toàn cầu là *E. piscicida* (được phát hiện ở hầu hết các chủng cá) trước đây được xác định nhầm là chủng *E. tarda* (Buján và ctv., 2018) vì chúng có chung nhiều đặc điểm kiểu hình với nhau (Shao và ctv., 2015). Trên thực tế, việc phân loại *E. tarda* đã chỉ ra rằng chúng bao gồm các nhóm khác biệt về mặt di truyền dựa trên kết quả phân tích sự phát sinh loài từ các gen (Buján và ctv., 2018) và phân tích sự phát sinh loài từ bộ gen bao gồm gen trung tâm và pan-genomics.