

XÁC ĐỊNH VÀ ĐÁNH GIÁ ĐỘ TƯƠNG ĐỒNG VỀ ĐẶC ĐIỂM DI TRUYỀN HỌC PHÂN TỬ CỦA GENOTYPE CỦA CPV-2 GÂY BỆNH VIÊM RUỘT TRÊN CHÓ TẠI TỈNH TIỀN GIANG

*Nguyễn Thị Yến Mai^{1,2}, Trần Ngọc Bích²,
Trần Văn Thanh¹, Huỳnh Thị Hồng Phương³*

TÓM TẮT

Canine Parvovirus type 2 (CPV-2) là một tác nhân gây bệnh quan trọng của chó nhà và chó hoang dã và đã lan rộng trên toàn thế giới kể từ khi nó xuất hiện vào những năm 1970, là một trong những mầm bệnh chủ yếu gây bệnh viêm ruột trên chó nuôi. Mặc dù gần đây có một vài nghiên cứu về sự lưu hành của CPV-2 tại Việt Nam, nhưng thông tin về đặc điểm di truyền học phân tử của các genotype của CPV-2 hiện nay vẫn còn rất hạn chế. Để kiểm tra và đánh giá mức tương đồng về đặc điểm di truyền học phân tử của các genotype của CPV-2 lưu hành trên đàn chó, gen VP2 của 40 mẫu bệnh phẩm *Canine Parvovirus* tại tỉnh Tiền Giang được thu nhận và giải trình tự bằng phương pháp Sanger trên hệ thống ABI 3130 (Mỹ) và kiểm tra trình tự thu nhận được bằng phần mềm BioEdit.

Kết quả đối chiếu 40 genotype của CPV-2 nghiên cứu với genotype của CPV-2 ban đầu cho thấy có 39 genotype của CPV-2 có sự đột biến đồng nhất tại 4 vị trí nucleotide trên bộ gen của CPV-2 ở các vị trí 2773T, 2816C, 3790G và 3792A, được xác định là genotype CPV-2c; chỉ có 1 genotype của CPV-2 trong nghiên cứu này có sự đột biến tại 3 vị trí nucleotide trên bộ gen của CPV-2 ở các vị trí số 2773T, 2816C và 2817C, được xác định là genotype CPV-2a. Chọn lựa 8 genotype CPV-2c và CPV-2a trong nghiên cứu có kết quả rõ, đẹp và đối chiếu với genotype CPV-2c và CPV-2a trên mẫu tham chiếu thấy có sự tương đồng về thành phần nucleotide và amino acid; đồng thời có sự tương đồng cao về đặc điểm di truyền học phân tử giữa các genotype của CPV-2 nghiên cứu tại tỉnh Tiền Giang với nhau; với các genotype trên Ngân hàng gen (GenBank, NCBI), với các genotype trong các vaccin trên Ngân hàng gen.

Từ khóa: Chó, *Parvovirus*, VP2, CPV-2, đột biến, Tỉnh Tiền Giang.

Determination and evaluation on the homogeneity of molecular genetic characteristics of CPV-2 genotypes caused acute gastroenteritis in dogs in Tien Giang province

*Nguyen Thi Yen Mai, Tran Ngoc Bich,
Tran Van Thanh, Huynh Thi Hong Phuong*

SUMMARY

Canine Parvovirus, type 2 (CPV-2) is an important causative agent of the domestic and wild dogs and has been spreading in the worldwide since its appearance in the 1970s and it is one of the main pathogens causing acute gastroenteritis in dogs. Although there were a few recent studies on the circulation of CPV-2 conducted in Viet Nam, but the information on molecular genetic characteristics of CPV-2 genotypes was very limited. To determine and evaluate the

¹ Trường Cao đẳng Nông nghiệp Nam Bộ

² Trường Đại học Cần Thơ

³ Công ty TNHH MTV BIOCHEM

homogeneity of molecular genetic characteristics of CPV-2 genotypes circulating in dogs, VP2 gene of 40 samples of *Canine Parvovirus* in Tien Giang province was collected and sequenced by Sanger method on ABI 3130 system (USA) and checked the receiving sequence by BioEdit software.

The result of comparing 40 studied CPV-2 genotypes with the initial CPV-2 genotypes showed that there were 39 CPV-2 genotypes having homogeneous mutation in 4 nucleotide positions on the gene of CPV-2 at the sites (2773T, 2816C, 3790G and 3792A) determined as CPV-2c genotype. There was only one genotype of CPV-2 in this study having mutation in 3 nucleotide locations on the gene of CPV-2 at the sites (2773T, 2816C and 2817C) determined as CPV-2a genotype. The result of comparing 8 selected CPV-2c and CPV-2a genotypes in this study with the reference CPV-2c and CPV-2a genotypes showed that there was the high similarity level on nucleotide and amino acid composition as well as the high similarity level on the molecular genetic characteristics among the studied CPV-2 genotypes in Tien Giang province; with the CPV-2 genotypes on the GenBank, with CPV-2 genotypes in vaccines on the GenBank of NCBI.

Keywords: Parvovirus, VP2, CPV-2, mutation, Tien Giang province.