

Nghiên cứu khoa học

KẾT QUẢ PHÂN TÍCH BỘ GEN CHỦNG VIRUS GÂY BỆNH THIẾU MÁU TRUYỀN NHIỄM Ở GÀ (CHICKEN INFECTIOUS ANEMIA VIRUS-CIAV) PHÁT HIỆN Ở MIỀN BẮC, VIỆT NAM

Nguyễn Văn Giáp, Huỳnh Thị Mỹ Lệ

Khoa Thú y, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

TÓM TẮT

Bộ gen của virus gây bệnh thiếu máu truyền nhiễm bao gồm vùng mã hóa và vùng không mã hóa protein. Cho đến nay, chưa có công bố nào phân tích đặc điểm bộ gen của CIAV thuộc genogroup II và III phát hiện ở miền Bắc. Kết quả phân tích cho thấy 3 chủng virus mang đầy đủ cấu trúc bộ gen điển hình của CIAV, bao gồm đầu 5' không mã hóa protein, theo sau bởi 3 gen mã hóa protein cùng chiều, lồng nhau, theo thứ tự ORF2-ORF3-ORF1. Ba chủng này có đặc điểm biến đổi nucleotide giống với các chủng CIAV trên thế giới, trong đó vùng gen mã hóa protein VP1 có nhiều biến đổi nhất so với 2 gen còn lại. Trình tự amino acid đặc trưng genogroup là ${}_{75}V_{97}M_{139}K_{144}E$ hoặc ${}_{75}I_{97}L_{139}Q_{144}Q$ đã được phát hiện ở 3 chủng virus thực địa. Đáng chú ý không có chủng CIAV nào mang biến đổi ${}_{75}I_{89}T_{125}L_{141}L_{144}E$ của virus có độc lực thấp.

Từ khóa: Virus gây bệnh thiếu máu truyền nhiễm, đặc điểm di truyền, miền Bắc Việt Nam.

Genetic characterizations of genome of chicken infectious anemia viruses (CIAV) in the North, Viet Nam

Nguyen Van Giap, Huynh Thi My Le

SUMMARY

The genome of chicken infectious anemia virus (CIAV) contains non-protein coding and protein coding regions. Up to date, there is no available study on the genome characterization of CIAV in Viet Nam. This study aimed at genetic characterization of the field CIAV strains belonging to genogroup II and genogroup III detected in the North, Viet Nam. The studied result revealed that all of three field strains exhibited typical genetic structure of CIAV, including the 5' promoter region which was followed by partial overlapping, unisense open reading frames in the order of ORF2- ORF3- ORF1. Three field CIAV strains in this study displayed typical genetic variations of CIAV in the worldwide. Of which, the gene encoding capsid protein was the most variable compared to the others two genes. The signature motif of either ${}_{75}V_{97}M_{139}K_{144}E$ or ${}_{75}I_{97}L_{139}Q_{144}Q$ was detected in these field strains. Noteworthy, the sequence pattern of attenuation or lower pathogenicity (${}_{75}I_{89}T_{125}L_{141}L_{144}E$) was not observed in the three field strains.

Keywords: Chicken infectious anemia virus, genetic characterization, the North, Viet Nam.