

Nghiên cứu khoa học

XÁC ĐỊNH TOPOTYPE VÀ SO SÁNH DI TRUYỀN VIRUS LỞ MỒM LONG MÓNG TỪ HEO BỆNH VÀ TRONG VACCIN

*Nguyễn Ngọc Hải^{1,2}, Nguyễn Thị Hồng Diễm¹,
Nguyễn Thị Phương Bình², Trần Hoàng Anh Thu², Nguyễn Trung Quân²*

TÓM TẮT

Bệnh LMLM xảy ra trên heo tại Việt Nam chủ yếu là do virus LMLM thuộc serotype O. Hiệu quả của vaccin phòng bệnh LMLM không chỉ phụ thuộc vào serotype mà còn chịu ảnh hưởng của toptype của các chủng virus LMLM. Trong năm 2019, nhiều trại heo tuy đã được tiêm phòng vaccin LMLM nhưng đàn heo vẫn bị bệnh nghiêm trọng. Nghiên cứu được thực hiện với 15 chủng virus LMLM thu nhận được từ heo bị bệnh tại các trại heo thuộc một số tỉnh phía Nam Việt Nam và các chủng LMLM từ 3 loại vaccin LMLM thương mại ở Việt Nam. Kết quả định danh và phân tích di truyền đã xác định 15/15 chủng virus thực địa trong nghiên cứu này đều thuộc SEA toptype/dòng Mya-98, khác hoàn toàn với toptype của các chủng virus LMLM trong vaccin (ME-SA or Euro-SA). Tỷ lệ tương đồng trình tự nucleotide giữa 15 chủng virus LMLM thực địa và 3 chủng virus LMLM trong vaccin ở mức thấp (78,9 – 82,5%). Kết quả nghiên cứu cho thấy, tình trạng bệnh LMLM vẫn xảy ra ở các trại heo tại Việt Nam khi đã được tiêm vaccin LMLM có thể liên quan đến sự không phù hợp kháng nguyên giữa chủng virus LMLM vaccin và chủng virus LMLM thực địa, do vậy và cần có những nghiên cứu tiếp theo về vấn đề này để có chiến lược sử dụng vaccin phù hợp.

Từ khoá: Virus lở mồm long móng, toptype, cây sinh dòng, chủng thực địa và vaccin.

Topotype determination and genetic comparison of Foot and mouth disease viruses from infected pigs and vaccine

*Nguyen Ngoc Hai, Nguyen Thi Hong Diem,
Nguyen Thi Phuong Binh, Tran Hoang Anh Thu, Nguyen Trung Quan*

SUMMARY

The occurrence of FMD in pigs in Viet Nam is mainly caused by FMD virus serotype O. The effectiveness of vaccines against FMD depends not only on the serotype, but also influence of toptype of the FMDV strains. In 2019, many pig farms have been vaccinated with FMD vaccine, but the pig herds were still suffered seriously with FMD. This study was conducted with 15 FMDV strains obtaining from the pig farms in some southern provinces, and FMDV strains from 3 commercial FMD vaccines. The genetic analysis showed that 15/15 field FMDV strains in this study belonged to the Mya-98/SEA toptype, it was completely different compared to the toptype of the FMDV strains from the vaccines (ME-SA or Euro-SA). The similarity level of nucleotide sequence of 15 field FMDV strains and 3 vaccine FMDV strains was low (78.9 - 82.5%). The studied result showed that FMD was still occurred in the pig farms in Viet Nam after the pigs were vaccinated with FMD vaccines. This may be related to antigen nonconformity/mismatch between field FMDV strain and vaccine FMDV strain. This issue needs to be studied further so that the strategy of using FMD vaccines will be considered appropriately.

Keywords: FMD virus, toptype, phylogenetic, field and vaccine virus strains.

¹ Bộ môn Bệnh truyền nhiễm và Thú y cộng đồng, Khoa Chăn nuôi – Thú y, ĐH Nông Lâm Tp. Hồ Chí Minh

² Phòng Chẩn đoán – Xét nghiệm thú y Hàn Việt, Khoa Chăn nuôi – Thú y, ĐH Nông Lâm Tp. Hồ Chí Minh