PHÂN TÍCH TRÌNH TỰ MỘT PHẦN GEN NUCLEOPROTEIN (N) CỦA CHỦNG VIRUS DẠI TẠI HÀ TIÊN, KIÊN GIANG

Trương Phúc Vinh[1], *Nguyễn Đức Hiền*[2]

TÓM TẮT

Nghiên cứu này được thực hiện với mục đích xác định đặc điểm của virus dại (chi Lyssavirus, họ Rhabdoviridae, bộ Mononegavirales) bằng cách giải trình tự một phần gen nucleoprotein (N) để biết kiểu gen và phát sinh loài của chủng virus dại 1230.2019 phát hiện trên một chó mắc bệnh dại ở Hà Tiên, tỉnh Kiên Giang, Việt Nam. Mẫu não được thu, vô trùng từ chó chết để phát hiện virus dại. Mẫu này đã được phát hiện dương tính bằng phương pháp RT-PCR và giải trình tự cho nồng độ sản phẩm gen tốt.

Trình tự nucleotide và trình tự amino acid của chủng vi khuẩn dại 1230.2019 với các chủng virus dại tham chiếu có mức độ giống nhau lần lượt là 95,20–100% và 92,00–100%. Chủng virus dại 1230.2019 ở chó bệnh Hà Tiên (Việt Nam) cùng quan hệ di truyền với 8 chủng virus dại tham chiếu trong nghiên cứu. Chủng 1230.2019 có kết quả phân tích khoảng cách di truyền (0-0,16%) rất gần với 5 chủng virus dại vacxin tham chiếu và ba chủng virus dại ở chó bệnh ở GenBank. Phả hệ dựa vào chuỗi gen nucleoprotein (N), chủng 1230.2019 có mức độ đồng nhất gần như tuyệt đối và tương đồng cao với chủng vacxin Pháp 93127FRA (vacxin RABISIN ngừa dại đang được sử dụng rộng rãi ở Việt Nam).

Từ khóa: Chó dại, RT-PCR, giải trình tự, kiểu gen, phát sinh loài.

Sequence analysis of partial nucleoprotein (N) gene of Rabies virus strain in Ha Tien, Kien Giang

Truong Phuc Vinh, Nguyen Duc Hien

SUMMARY

This study was performed with the aim of characterization of the rabies virus (genus: Lyssavirus of the family Rhabdoviridae under the order Mononegavirales) by sequencing partial nucleoprotein (N) gene of the rabies virus and phylogenetic analysis to know genotype and genealogy of rabies virus 1230.2019 in the infected dogs in Ha Tien, Kien Giang province, Viet Nam. A brain sample was aseptically collected from a dead dog to detect rabies virus. This sample was found to be positive through RT-PCR assay, with high content genetic products through sequencing.

Arrangement of the nucleotide and amino acid sequences of the rabies strain 1230.2019 with reference rabies strains showed the similarity of 95.20–100% and 92.00–100%, respectively. Rabies virus strain 1230.2019 of infected dog in Ha Tien (Viet Nam) has the same genetic relationship with eight reference rabies virus in the study. Strain 1230.2019 has genetic distance analysis results (0-0.16%) very close to five reference rabies vaccine strains and three strains of rabies virus in infected dogs in GenBank. Genealogy based on nucleoprotein (N) gene sequence, strain 1230.2019 has almost absolute homogeneity and high similarity with French vaccine strain 93127FRA (RABISIN vaccine against rabies is widely used in Viet Nam).

Keywords: Rabies, RT-PCR, sequencing, genotype, phylogenetic.

[1] Trường Đại học Sư phạm kỹ thuật Vĩnh Long

[2] Chi cục Chăn nuôi và Thú y Cần Thơ