

PHÂN TÍCH PHẢ HỆ DI TRUYỀN VÀ ĐẶC ĐIỂM BỘ GEN CỦA CÁC CHỦNG VIRUS CÚM GIA CẦM H5N6 PHÂN LẬP TẠI VIỆT NAM TRONG NĂM 2014-2015

*Cần Xuân Minh^{1,2}, Phạm Thị Huệ¹, Bùi Ngọc Anh¹,
Phạm Thị Nga¹, Nguyễn Thanh Hòa¹, Ngô Thị Minh Quyên¹, Hoàng Thị Thủy¹,
Nguyễn Hoàng Giang¹, Hoàng Việt Hưng³, Đào Duy Tùng¹, Bùi Nghĩa Vương¹*

TÓM TẮT

Virus cúm gia cầm H5N6 độc lực cao được phát hiện trên đàn gia cầm tại Việt Nam vào cuối năm 2013, các chủng virus này đã gây thiệt hại nghiêm trọng cho ngành chăn nuôi gia cầm ở nước ta. Cho đến nay, virus cúm A/H5N6 vẫn tiếp tục gây ra các ổ dịch rải rác trên toàn lãnh thổ Việt Nam. Phân tích đặc điểm bộ gen và phả hệ di truyền của 5 chủng virus H5N6 phân lập trong năm 2014-2015 hiện đang lưu giữ tại Viện Thú y cho thấy, đây là những chủng virus độc lực cao và thuộc clade 2.3.4.4. Trong số 5 chủng H5N6, có 4 chủng có đột biến mất đoạn ở vị trí 49-68 trên gen NA và cả 5 chủng có đột biến T160A trên gen HA, những đột biến này có khả năng làm tăng khả năng liên kết với thụ thể trên tế bào người và cường hóa độc lực của virus. Các virus này có khả năng lây nhiễm cho con người thông qua tiếp xúc trực tiếp, do vậy việc xuất hiện virus H5N6 ở thể độc lực cao đã gây ra mối lo ngại về virus có thể gây ra đại dịch. Phân tích các đột biến gây kháng thuốc kháng virus như amantadine hay taminflu cho thấy cả 5 chủng đều mẫn cảm với thuốc kháng virus. So sánh trình tự nucleotide trên gen HA của 5 chủng virus H5N6 đang lưu hành tại Việt Nam với các chủng vaccin của Trung Quốc cho thấy các chủng virus này có mức tương đồng là 90,76% - 98,18%. Kết quả phân tích cho thấy đã có nhiều biến đổi giữa các chủng H5N6 đang lưu hành và các chủng vaccin. Điều này lý giải vì sao nhiều đàn gà mặc dù đã được tiêm phòng vaccin cúm gia cầm nhưng dịch vẫn nổ ra. Do virus cúm độc lực cao liên tục biến đổi, nên việc tiếp tục giám sát sự biến đổi và lưu hành của virus cúm H5 độc lực cao là cần thiết và quan trọng.

Từ khóa: Virus cúm gia cầm, H5N6, virus độc lực cao, đột biến, trình tự nucleotide, mức tương đồng.

Phylogenetic analysis and genetic characteristics of Avian influenza H5N6 virus strains isolated in Viet Nam in 2014-2015

*Can Xuan Minh, Pham Thi Hue, Bui Ngoc Anh,
Pham Thi Nga, Nguyen Thanh Hoa, Ngo Thi Minh Quyen, Hoang Thi Thuy,
Nguyen Hoang Giang, Hoang Viet Hung, Dao Duy Tung, Bui Nghia Vuong*

SUMMARY

Highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5N6 virus was detected in poultry flocks in Viet Nam at the end of 2013, these virus strains caused serious economic loss for the poultry husbandry industry in the country. So far, the outbreaks caused by influenza A/H5N6 virus strains have still occurred scatteredly throughout the territory of Viet Nam. Genetic characteristics and phylogenetic analysis of 5 H5N6 virus strains which were isolated in 2014-2015 and currently kept at the National Institute of Veterinary Research showed that, these virus strains were highly virulent and belonged to clade 2.3.4.4. There were 4 out of 5 H5N6 virus strains appeared a fragmentary mutation at the positions 49-68 in the NA gene and all 5 virus strains possessed a T160A mutation in the HA gene, these mutations have the ability to increase binding with receptors form on human cells and enhance virulence of the virus. These viruses have the potential to infect humans through direct contact; so far the presence of the highly pathogenic H5N6 virus has raised the concerns about the pandemic.

¹ Bộ môn Virus – Viện Thú y

² Chi cục Chăn nuôi và Thú y Hà Nội

³ Bộ môn Toán Tin – Đại học Y Hà Nội

Analysis of mutations causing resistance to antiviral drugs, such as amantadine or taminflu showed that all 5 virus strains were susceptible to antiviral drugs. When comparing nucleotide sequence on HA gene of 5 H5N6 virus strains that were circulating in Viet Nam with the Chinese vaccine strains showed that, the homogeneity level of these virus strains was 90.76% - 98.18%. The analysis result showed the variation diversity between the circulating H5N6 viruses and the vaccine strains. This might explain the phenomenon that avian influenza outbreaks still occurred in many vaccinated chicken flocks. Since the highly virulent influenza virus is constantly changing, it is important and necessary to continue monitoring the variability and circulation of the highly virulent H5 virus.

Keywords: Avian influenza virus, H5N6, highly pathogenic virus, mutation, nucleotide sequence, homogeneity level.