

ĐẶC ĐIỂM DỊCH TỄ HỌC PHÂN TỬ CỦA VIRUS DỊCH TẢ LỢN CHÂU PHI LƯU HÀNH TẠI VIỆT NAM NĂM 2020

*Trần Thị Thanh Hà¹, Trương Anh Đức¹,
Lý Đức Việt¹, Hoàng Văn Tuấn¹, Chu Thị Như¹,
Nguyễn Thị Huyền¹, Đặng Thị Kiều Anh¹, Bùi Thị Tố Nga²,
Bùi Trần Anh Đào², Nguyễn Thế Vinh³, Đặng Vũ Hoàng¹*

TÓM TẮT

Trong nghiên cứu này, 550 mẫu bệnh phẩm của lợn nghi nhiễm virus DTLCP với các triệu chứng và bệnh tích điển hình được thu thập từ 14 tỉnh thuộc 7 vùng sinh thái nông nghiệp tại Việt Nam được xét nghiệm bằng phương pháp realtime-PCR đã cho kết quả dương tính với virus DTLCP. Kết quả giải trình tự và phân tích trình tự gen cho thấy các chủng virus DTLCP đang lưu hành tại Việt Nam thuộc nhóm kiểu gen II (genotype II) và kiểu nhóm huyết thanh 8 (serotype 8) dựa trên trình tự gen p72 và CD2v, và có quan hệ gần gũi với các chủng virus gây bệnh tại Trung Quốc năm 2018. Phân tích trình tự nucleotide của vùng IGR nằm giữa gen I73R và I329L cho thấy hầu hết các chủng virus DTLCP đang lưu hành tại Việt Nam thuộc biến thể IGR II (IGR II variant). Các kết quả của nghiên cứu này là nguồn thông tin hữu ích trong việc nghiên cứu phát triển vaccin phòng bệnh DTLCP và góp phần vào công tác phòng chống và kiểm soát bệnh DTLCP hiệu quả hơn tại Việt Nam.

Từ khoá: Dịch tả lợn châu Phi, kiểu gen, nhóm kiểu huyết thanh, biến thể.

Molecular epidemiological characteristics of African swine fever virus strains circulating in Viet Nam in 2020

*Tran Thi Thanh Ha, Truong Anh Duc,
Ly Duc Viet, Hoang Van Tuan, Chu Thi Nhu,
Nguyen Thi Huyen, Dang Thi Kieu Anh, Bui Thi To Nga,
Bui Tran Anh Dao, Nguyen The Vinh, Dang Vu Hoang*

SUMMARY

In this study, 550 samples from pigs suspecting with ASFV with the typical symptoms and lesions were collected from 14 provinces in 7 Agro-ecological regions in Viet Nam as the materials for this study. The analysed result by realtime-PCR showed that 550 samples were positive with ASFV. The results of sequencing and phylogenetic analysis showed that the ASFV strains currently circulating in Viet Nam belonged to genotype II, serotype group 8 based on p72 and CD2v gene, respectively, and closely related to the virus strains causing disease in China in 2018. Based on the sequence of the IGR region between I73R and I329L genes, most of ASFV strains currently circulating in Viet Nam belonged to IGR II variant. Our studied results provide useful information for developing vaccines against ASFV so as to prevent and control ASFV in Viet Nam more effectively.

Keywords: ASFV, genotype, serotype, IGR.

¹ Bộ môn Hóa sinh - Miễn dịch, Viện Thú y

² Khoa Thú y, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

³ Bộ môn Virus, Viện Thú y