

NGHIÊN CỨU PHÂN TÍCH VÀ SO SÁNH GENOME CỦA MỘT SỐ CHỦNG VIRUS CORONA TRONG THÚ Y

Nguyễn Thành Luân

Viện Khoa học ứng dụng HUTECH, Đại học Công nghệ Tp. Hồ Chí Minh (HUTECH)

TÓM TẮT

Coronavirus (CoV) là một tác nhân phổ biến gây ra bệnh đường ruột, hô hấp và nhiễm trùng hệ thống ở nhiều loài động vật và con người. Tuy nhiên, hiện có ít bằng chứng cho thấy các động vật đồng hành có thể là nguồn lây nhiễm cho các loài động vật khác kể cả cho người. Để hiểu rõ sự phức tạp về mặt di truyền của CoV trong thú y, nghiên cứu so sánh các trình tự genome của CoV phân lập từ động vật đã được thực hiện. Phân tích xác định nucleotide trung bình (ANI) đã hỗ trợ đánh giá nhanh mối quan hệ rất chặt chẽ giữa CoV phân lập từ mèo (FCoV) và từ chó (CCoV). Phân tích cây phát sinh loài dựa trên ANI có thể nhóm các chủng CoV theo nguồn gốc vật chủ bị nhiễm, trong khi phân tích pan-genome đã giúp phân tách rõ ràng mối quan hệ giữa các chủng khảo sát. Sự phân bố của các chủng CoVs phân lập từ mẫu lâm sàng trong mô hình phân tích toàn bộ hệ gen đã cho phép quan sát các ổ sinh thái ban đầu của CoV chứ không phải nguồn phân lập từ vật chủ. Ngoài ra, chúng tôi còn nhận thấy rằng các chủng FCoV độc lực nằm cùng nhóm với một số chủng NL63 và 229E (HCoV) ở người, cho thấy mèo có thể nhạy cảm với HCoV hơn là chó. Như vậy, kết hợp các phương pháp phân tích đã cho phép nâng cao độ phân giải của cây phát sinh loài, chỉ ra nguồn gốc có thể của virus, tái tổ hợp và tương tác giữa virus - vật chủ, cũng như phát triển dấu chỉ thị sinh học trong chẩn đoán.

Từ khóa: Mèo, chó, Coronavirus, genome, phát sinh loài.

Analytical and comparative research of genome of some Coronavirus strains in veterinary

Nguyen Thanh Luan

SUMMARY

Coronaviruses (CoVs) are a well-known causative agent of severe enteric, respiratory, and systemic diseases in a wide range of animals and in humans but there is currently limited evidence that companion animals can be a source of infection to other animals or to humans. To address the genetic complexity of veterinary CoVs, a comparative pan-genomic analysis of CoVs sequences originating from veterinary animals were conducted. The average nucleotide identity (ANI) analysis was a rapid procedure for assessing the very close antigenic relationship between feline CoV (FCoV) and canine CoV (CCoV). ANI-based phylogenetic tree clustered CoVs according to their respective host species while pan-genomic analysis demarcated strains clearly. The distribution of the clinical isolates all across the categories in the hierarchical phylogenetic model enabled the visualization of their original ecological niches rather than their isolation source. Also, we found that the virulent FCoV strains grouped with human CoV strains NL63 and 229E confirming hypotheses stating that cats were highly susceptible to HCoVs, while dogs were low susceptible to this virus. In conclusion, the combined analysis allowed better phylogenetic resolution and the implication of virus origins, recombination, and virus–host interaction, as well as biomarker development.

Keywords: Canine, feline, Coronavirus, pan-genome, phylogenetic.