ỨNG DỤNG BỆNH LÝ HỌC PHÂN TỬ TRONG NGHIÊN CỨU DỊCH TỄ HỌC: SỰ LƯU HÀNH MỘT SỐ TÁC NHÂN GÂY TIÊU CHẢY Ở LỢN

Phạm Minh Hằng**, Phạm Thị Thu Thúy, Đỗ Thu Trang, Phạm Hồng Kỳ, Trương Văn Dung, Nguyễn Viết Không

Bộ môn Dịch tễ, Viện Thú y

**Tác giả liên hệ email: minhhang69@yahoo.com*

TÓM TẮT

Tiêu chảy là dấu hiệu lâm sàng phổ biến nhất của nhiều bệnh ở lợn. Nguyên nhân là do nhiều yếu tố gây ra chịu ảnh hưởng của môi trường, quản lý và sinh lý. Các tác nhân gây bệnh liên quan là vi khuẩn, virus và ký sinh trùng. Mục đích của nghiên cứu này là xây dựng phương pháp chẩn đoán phát hiện đồng thời gen S của virus TGE, gen VP6 của rotavirus type C ở lợn (PoRVC), gen ORF2 của virus PCV3, gen *InvA* của *Salmonella* spp., gen F4, F18 gen của *E. coli* trong các mẫu phân để điều tra dịch tễ học. Sáu bộ mồi được thiết kế để phát hiện 6 gen mục tiêu và mồi random được sử dụng cho phiên mã ngược (RT). Giới hạn phát hiện là 0,001 ng/µl cho mỗi gen mục tiêu. Tổng số 334 mẫu phân lợn được thu thập tại Hà Nội, Thái Nguyên, Phú Thọ và Quảng Ninh đã được kiểm tra bằng 6 bộ mồi. Tỷ lệ mẫu gộp dương tính lần lượt là 4,6% TGEV; 1,53% PCV3; 3,1% PoRVC; 26,1% *E. coli* (gen F4); 1,53% *E. coli* (gen F18) và 3,07% *Salmonella* spp. Thái Bình có mẫu dương tính với *E. coli* (gen F4 và F18), *Salmonella* spp., TGEV. Hà Nội có mẫu dương tính với PoRVC và *E. coli* (gen F4). Quảng Ninh có mẫu dương tính với *E. coli* (gen F4), *Salmonella* spp., TGEV và PCV3. Thái Nguyên có mẫu dương tính với *E. coli* (gen F4) và TGEV. Phú Thọ chỉ có mẫu dương tính với *E. coli* (gen F4).

Từ khóa: Tiêu chảy ở lợn, TGEV, PoRVC, PCV3, gen F4, gen F18.

Application of molecular pathology in epidemiological research on the circulation of some pathogens causing pig diarrhea

Pham Minh Hang, Pham Thi Thu Thuy, Do Thu Trang, Pham Hong Ky, Truong Van Dung, Nguyen Viet Khong

SUMMARY

Diarrhea in pigs is the most common clinical sign in many pig diseases. The causes are multifactorial etiologies influenced by environmental, management, and physiological factors. The involved etiological agents are bacteria, viruses, and parasites. Surveillance of these pathogens is rarely routinely performed. The aim of the present study was to develop a diagnostic method for simultaneously detecting the S gene of transmissible gastroenteritis virus (TGEV), the VP6 gene of porcine rotavirus type C (PoRVC), the ORF2 gene of porcine circovirus type 3 (PCV3), the *InvA* gene of *Salmonella* spp., and the F4, F18 genes of *E. coli* in fecal samples for epidemiological investigation. Six sets of primers were designed to detect six target genes, and a random primer was used for reverse transcriptase (RT). The detection limit was 0.001ng/µl for each target gene. A total of 334 pig fecal samples collected in Ha Noi, Thai Nguyen, Phu Tho, and Quang Ninh were tested with six sets of primers. Percentages of the positive pooled samples were 4.6% of TGEV, 1.53% of PCV3, 3.1% of PoRVC, 26.1% of *E. coli* (F4 gene), 1.53% of *E. coli* (F18 gene), and 3.07% of *Salmonella* spp., respectively. The positive samples for *E. coli* (F4 and F18 genes), *Salmonella* spp., and TGEV were found in Thai Binh. The positive samples for PoRVC and *E. coli* (F4 gene) were found in Ha Noi. The positive samples for *E. coli* (F4 gene), *Salmonella* spp., TGEV, and PCV3 were found in Quang Ninh. The positive samples for *E. coli* (F4 gene) and TGEV were found in Thai Nguyen, and there was only one positive sample for *E. coli* (F4 gene) found in Phu Tho.

Keywords: Pig diarrhea, TGEV, PoRVC, PCV3, F4 gene, F18 gene.