

ĐỊNH DANH CÁC CHỦNG GIỐNG RABIES VIRUS TẠI VIỆT NAM BẰNG PHƯƠNG PHÁP SINH HỌC PHÂN TỬ

Nguyễn Trung Tiến¹, Phạm Quang Trung¹, Hoàng Thị Thu Hương^{1}, Vũ Thị Mỹ Hạnh¹,
Nguyễn Thị Thúy Hà¹, Lê Huy Hoàng¹, Phạm Văn Riêm¹, Trần Mai Hương¹,
Trần Tiến Quân¹, Nguyễn Thị Loan¹, Nguyễn Bảo Linh¹, Nguyễn Thị Thu Hằng¹,
Tạ Hoàng Long¹, Đoàn Thị Thanh Hương², Nguyễn Thị Khuê², Vũ Ngọc Hiếu³, Ngô Thị Thu Hương⁴*
*Tác giả liên hệ email: hoanhuongtw1@gmail.com

TÓM TẮT

Bệnh dại là một căn bệnh nguy hiểm do virus dại (rabies virus, RABV) gây nên. Bệnh dại gắn liền với loài chó, tuy nhiên hầu hết các loài động vật hoang dã có vú như hổ, báo, dơi... đều có khả năng nhiễm bệnh. Virus xâm nhập vào cơ thể chui qua lớp cơ, tìm tế bào thần kinh gần nhất, và nhân lên ở đó rồi di chuyển đến hệ thần kinh trung ương, gây bệnh cho não và dẫn tới tử vong với tỷ lệ 100%. Theo ước tính từ các trung tâm kiểm soát và phòng ngừa dịch bệnh, mỗi năm bệnh dại gây ra 59.000 ca tử vong ở người trên toàn thế giới, nhưng số người chết vì bệnh dại trong thực tế có thể cao hơn nhiều (Trung tâm kiểm soát và phòng ngừa dịch bệnh, 2020). Trung tâm Kiểm nghiệm thuốc thú y Trung ương I hiện đang lưu giữ 2 chủng giống virus dại phục vụ cho sản xuất vacxin, chẩn đoán bệnh và nghiên cứu, giảng dạy. Tuy nhiên, từ trước đến nay chưa có nghiên cứu nào về đặc tính di truyền của các chủng virus dại nói trên. Trong nghiên cứu này, chúng tôi tiến hành đánh giá về đặc tính di truyền của 2 chủng RABV trên bằng phương pháp giải trình tự và phân tích gen glycoprotein. Kết quả phân tích nucleotide và phả hệ nguồn gốc đã định danh được 2 chủng RABV đang lưu giữ chính xác là virus dại; trong đó chủng dại CVS có mối quan hệ gần gũi với các chủng CVS của Trung Quốc, Nhật Bản và Iran; chủng virus dại cố định có mối quan hệ gần gũi với các chủng RABV của Nga.

Từ khóa: Glycoprotein, PCR, phả hệ nguồn gốc, rabies virus.

Identification of rabies virus strains in Viet Nam by molecularbiology method

*Nguyen Trung Tien, Pham Quang Trung, Hoang Thi Thu Huong, Vu Thi My Hanh,
Nguyen Thi Thuy Ha, Le Huy Hoang, Pham Van Riem, Tran Mai Huong,
Tran Tien Quan, Nguyen Thi Loan, Nguyen Bao Linh, Nguyen Thi Thu Hang,
Ta Hoang Long, Doan Thi Thanh Huong, Nguyen Thi Khue, Vu Ngoc Hieu, Ngo Thi Thu Huong*

SUMMARY

Rabies is a dangerous disease caused by the rabies virus (RABV). Rabies is associated with dogs, but all wild mammals such as tigers, leopards, bats, etc. are capable of being infected. Viruses enter the body through the muscle layer, find the nearest nerve cells, and multiply there and then travel to the central nervous system, causing brain disease and leading to death with a 100% rate. According to estimates from the Centers for Disease Control and Prevention, each year rabies causes 59,000 dead people's in the worldwide, but the actual number of the dead people from rabies could be much higher (Centers for Disease Control and Prevention, 2020). The National

¹. Trung tâm Kiểm nghiệm thuốc thú y Trung ương I

². Viện Công nghệ sinh học – Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

³. Vụ Khoa học, Công nghệ và Môi trường - Bộ Nông nghiệp và PTNT

⁴. Cục Thú y

Central for Veterinary Medicine Control No.1 is currently preserving 2 RABV strains for research, vaccine production, diagnostic and other purposes. Until now, however, no study on molecular characteristics of these strains have been conducted. In this study, molecular characteristics of the two strains of viruses were evaluated, basing on sequencing and analysing the glycoprotein gene. The phylogenetic analysis revealed that all 2 viruses belonged to rabies virus, in which the strain CVS was closely related with the CVS strains of China, Japan and Iran; other strains were closely related with Russian RABV strains.

Keywords: Glycoprotein, PCR, phylogeny, rabies virus.