

PHÂN LẬP, ĐỊNH TYPE VÀ PHÂN TÍCH GEN VP2 CỦA CÁC CHỦNG PARVOVIRUS

Trình Thị Thu Hằng¹, Vũ Khắc Hùng^{1*}, Đỗ Văn Tấn², Đỗ Văn Khiên²
**Tác giả liên hệ email: vukhac68@gmail.com*

TÓM TẮT

Chúng tôi đã thu thập 180 mẫu huyết thanh và 9 mẫu bệnh phẩm thai khô nghi nhiễm parvovirus để thực hiện nghiên cứu này. Kết quả kiểm tra bằng phản ứng PCR cho thấy có 15/189 mẫu dương tính với parvovirus (7,94%), tất cả 15 chủng parvovirus này đều thuộc type 1 (PPV1). Kết quả phân lập cho thấy sau 3 đời nuôi cấy, chúng tôi đều phát hiện sự có mặt của parvovirus bằng cả phương pháp quan sát CPE và phương pháp PCR. Đây là nghiên cứu đầu tiên tại Việt Nam phân lập thành công các chủng parvovirus trên dòng tế bào PK15. Kết quả phân tích trình tự gen VP2 cho thấy các chủng parvovirus phân lập được tương đồng 100%, không có sự sai khác giữa các vùng địa lý. Kết quả so sánh trình tự gen VP2 của chủng parvovirus chúng tôi phân lập được với các chủng công bố trên Ngân hàng Gen (GenBank) cho thấy có mức độ tương đồng khá cao (91,9% - 92,7%), trong đó mức độ tương đồng cao nhất với chủng PPV2010 - China, mã số GenBank: JN872448.1 (92,7%).

Từ khóa: Parvovirus, phân lập, gen VP2, cây phát sinh loài.

Isolation, typing and VP2 gene analysis of parvovirus strains

Trình Thị Thu Hằng, Vũ Khắc Hùng, Đỗ Văn Tấn, Đỗ Văn Khiên

SUMMARY

A total of 180 serums and 9 stillbirths samples from the sows suspecting parvovirus infection were collected for implementing this study. The result of PCR analyses showed that there were 15/189 (7.94%) samples positive with parvovirus and all 15 parvovirus strains belonged to type 1 (PPV1). After three generations of culture, the presence of parvovirus was identified by CPE observation and PCR methods. Thus, this is the first study in Viet Nam successfully isolated parvovirus strains on PK15 cells. The results of VP2 gene sequence analysis indicated that the similarity level of the isolated PPV strains was 100% and they were not different among the geographical regions. The similarity level of the VP2 gene sequences of these parvovirus strains and other strains on the GenBank was relatively high (91.9 % to 92.7%), of which similarity level with strain PPV2010 - China (Accession number JN872448.1) was highest (92.7%).

Keywords: Parvovirus, isolation, VP2 gene, phylogenetic tree.

¹ Bộ môn Công nghệ sinh học, Phân viện Thú y miền Trung

² Bộ môn Vi rút, Phân viện Thú y miền Trung