

## KẾT QUẢ BƯỚC ĐẦU XÁC ĐỊNH SAPOVIRUS Ở LỢN NUÔI TẠI TỈNH HUNG YÊN

*Trương Hà Thái, Trần Thị Hương Giang, Trần Trọng Nguyên, Đông Văn Hiếu\**

*Khoa Thú y, Học viện Nông nghiệp Việt Nam*

*\*Tác giả liên hệ email: dvhieuvet@vnua.edu.vn*

### TÓM TẮT

Nghiên cứu này nhằm xác định sự có mặt của sapovirus ở lợn (PoSaV) nuôi tại tỉnh Hưng Yên. Tổng số 32 mẫu phân được thu thập từ lợn có biểu hiện tiêu chảy từ tháng 9 đến tháng 12 năm 2022. Phản ứng khuếch đại gen polymerase chain reaction (PCR) được sử dụng để xác định sự có mặt của PoSaV trong mẫu bệnh phẩm đã thu thập. Kết quả nghiên cứu cho thấy có 2/32 (6,25%) mẫu dương tính với sapovirus. Trong đó, 2 (17,76%) mẫu dương tính với virus được thu thập từ huyện Phù Cù, trong khi đó không có mẫu dương tính nào được phát hiện đối với các mẫu thu thập tại huyện Trà Dương, tỉnh Hưng Yên. Kết quả phân tích một phần gen mã hóa RNA polymerase cho thấy 2 chủng PoSaV trong nghiên cứu này có mức độ tương đồng nucleotide cao (99,09%). Kết quả phân tích cây phả hệ cho thấy 2 chủng virus này thuộc genotype III và cùng thuộc một nhánh di truyền và có quan hệ về di truyền với các chủng PoSaV được xác định ở Mỹ và Trung Quốc.

*Từ khóa:* Hưng Yên, lợn, sapovirus, PCR, PoSaV.

### **Preliminary detection of sapovirus in pigs farmed in Hung Yen province, 2022**

*Truong Ha Thai, Tran Thi Huong Giang, Tran Trong Nguyen, Dong Van Hieu*

### SUMMARY

This study aimed to investigate sapovirus (PoSaV) infection in pigs farmed in Hung Yen province. A total of 32 fecal samples were collected from diarrheal pigs during September to December 2022. The polymerase chain reaction method was used to detect the PoSaV genome in the field samples. The studied result showed that there were 2/32 (6.25%) tested samples positive with the viral genome. In detail, 2 (17.76%) samples collected in Phu Cu district were positive with PoSaV, whereas samples from pigs raised in Tra Duong district were not. Genetic analysis of partial RNA-dependent RNA polymerase gene sequences indicated that the two Vietnamese PoSaV strains obtained in this study shared 99.09% nucleotide identity. Phylogenetic analysis revealed that the two current PoSaV strains belonged to genotype III and genetically related to the virus strains detected in the United States of America and China.

*Keywords:* Hung Yen, pig, sapovirus, PCR, PoSaV.