KHẢO SÁT SỰ LƯU HÀNH VÀ ĐẶC ĐIỂM DI TRUYỀN CỦA VIRUS DỊCH TẢ HEO CHÂU PHI TẠI TỈNH CÀ MAU

Lâm Trần Bảo Trân[1], Lê Quang Trung[2], Chung Hữu Nghị[1],
Tống Văn Mơ[1], Tô Quốc Hướng[1], Đoàn Đình Toàn[1], Huỳnh Trường Giang[2],
*Đặng Thị Thắm[2], Trương Quốc Thái[2], Nguyễn Thanh Lãm[2], Trần Ngọc Bích[2]**
**Tác giả liên hệ email: tnbich@ctu.edu.vn*

TÓM TẮT

Bệnh dịch tả heo châu Phi (African swine fever – ASF) do virus ASF (ASFV) gây ra là một bệnh truyền nhiễm cấp tính ở heo gây ảnh hưởng nghiêm trọng đến ngành chăn nuôi heo tại Việt Nam và một số nước trên thế giới. Nghiên cứu này nhằm khảo sát sự lưu hành và xác định đặc điểm di truyền của ASFV tại tỉnh Cà Mau. Nghiên cứu tiến hành thu thập 72 mẫu máu, bệnh phẩm heo tại các hộ chăn nuôi và cơ sở giết mổ. Kỹ thuật realtime-PCR và PCR được sử dụng để xác định sự hiện diện ASFV và khuếch đại gen B646L (p72). Kết quả nghiên cứu cho thấy 34,72% (25/72) mẫu dương tính với ASFV. Phân tích phát sinh loài dựa trên đoạn gen B646L (p72) cho thấy các chủng ASFV phát hiện được thuộc kiểu gen II và tương đồng với các chủng ASFV phát hiện trước đó tại Việt Nam. Nghiên cứu này cung cấp thông tin về sự hiện diện và đặc điểm di truyền của ASFV tại Cà Mau và đề nghị tăng cường chương trình giám sát ASFV tại tỉnh Cà Mau và các tỉnh đồng bằng sông Cửu Long phục vụ cho việc phát hiện sớm mầm bệnh và giảm thiểu nguy cơ lây lan dịch bệnh.

Từ khóa: Tỉnh Cà Mau, dịch tả heo châu Phi, đặc điểm di truyền, heo, giám sát.

Prevalent survey and genetic characterization of African swine fever virus in Ca Mau province

Lam Tran Bao Tran, Le Quang Trung, Chung Huu Nghi,
Tong Van Mo, To Quoc Huong, Doan Dinh Toan, Huynh Truong Giang,
Dang Thi Tham, Truong Quoc Thai, Nguyen Thanh Lam, Tran Ngoc Bich

SUMMARY

African swine fever (ASF) is caused by the ASF virus (ASFV), a highly infectious disease in pigs and seriously affects the pig industry worldwide. This study aimed to conduct surveillance and genetic characterization of ASFV in Ca Mau province. The present study collected 72 blood, specimen samples from pigs in households and slaughterhouses. Realtime-PCR and PCR techniques were utilized to identify and amplify the B646L (p72) gene of ASFV, respectively. The studied results indicated that 34.72% (25/72) samples were positive with ASFV via realtime-PCR technique. Phylogenetic analysis based on partial of B646L (p72) gene demonstrated that the ASFV strains belonged to genotype II and were genetically closed to ASFV strains previously identified in Viet Nam. Therefore, this study provides information on the presence and genetic characteristics of ASFV in Ca Mau and recommends strengthening the ASFV surveillance program in Ca Mau province and other provinces of the Mekong Delta to support early pathogen detection and minimize the risk of disease spread.

Keywords: Ca Mau province, African swine fever, genetic characterisation, pig, surveillance.

---

[1] Chi cục Chăn nuôi và Thú y tỉnh Cà Mau
[2] Khoa Thú y, Trường Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ