

Nghiên cứu khoa học

XÁC ĐỊNH ĐẶC ĐIỂM DI TRUYỀN CỦA VIRUS DỊCH TẢ HEO CHÂU PHI TÁI TỔ HỢP PHÁT HIỆN TẠI THÀNH PHỐ CẦN THƠ

Nguyễn Thanh Lâm¹, Lê Trung Hoàng^{1,2}, Nguyễn Thùy Ý Vi¹, Tô Mỹ Quyên¹, Hà Tấn An³, Tiền Ngọc Tiên³, Huỳnh Minh Trí⁴, Trần Ngọc Bích¹, Nguyễn Phúc Khánh¹, Nguyễn Đức Hiền^{1,2}*

**Tác giả liên hệ email: ndhien@ctu.edu.vn*

TÓM TẮT

Dịch tả heo châu Phi (African swine fever – ASF) là bệnh truyền nhiễm nguy hiểm do virus ASF (ASFV) gây ra trên heo. Hiện nay, tình hình dịch bệnh và biến đổi di truyền của ASFV tiếp tục diễn biến phức tạp tại Việt Nam và ở một số quốc gia trên thế giới. Nghiên cứu này được thực hiện nhằm báo cáo phát hiện và phân tích đặc điểm di truyền của một chủng ASFV tái tổ hợp (rASFV/Vietnam/CT-OM-2/2024) trên đàn heo nhập tỉnh tại thành phố Cần Thơ. Thông qua kết quả giải trình tự toàn bộ hệ gen và phân tích đặc điểm di truyền dựa trên trình tự nucleotide của một số gen quan trọng (B646L – p72, EP402R – CD2v, E183L – p54, A137R và F778R) của rASFV/Vietnam/CT-OM-2/2024 và các ASFV tham chiếu đã khẳng định rASFV/Vietnam/CT-OM-2/2024 là chủng tái tổ hợp giữa kiểu gen I và II. Phân tích trình tự toàn bộ hệ gen của các chủng cho thấy rASFV/Vietnam/CT-OM-2/2024 có quan hệ di truyền gần với các chủng ASFV tái tổ hợp phát hiện trước đó tại các tỉnh phía Bắc Việt Nam và Trung Quốc. Kết quả nghiên cứu này cảnh báo khả năng lan rộng của các chủng ASFV tái tổ hợp tại Việt Nam, đồng thời kêu gọi tăng cường giám sát dịch bệnh, đặc điểm di truyền của virus và triển khai các biện pháp phòng, chống ASF hiệu quả.

Từ khóa: Dịch tả heo châu Phi, di truyền, giám sát, tái tổ hợp, thành phố Cần Thơ.

Genetic characterization of a recombinant African swine fever virus newly detected in Can Tho city

Nguyen Thanh Lam, Le Trung Hoang, Nguyen Thuy Y Vi, To My Quyen, Ha Tan An, Tien Ngoc Tien, Huynh Minh Tri, Tran Ngoc Bich, Nguyen Phuc Khanh, Nguyen Duc Hien

SUMMARY

African swine fever (ASF) is a highly contagious disease caused by African swine fever virus (ASFV) in swine. Currently, the epidemic situation and genetic variation of ASFV continue to develop complicatedly in Viet Nam and in some countries around the world. The objective of this study aimed at reporting the detection and genetic characterization of a recombinant

¹ Khoa Thú y, Trường Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ

² Chi cục Chăn nuôi và Thú y Thành phố Cần Thơ

³ Chi cục Thú y vùng VII

⁴ Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển

ASFV strain (rASFV/Vietnam/CT-OM-2/2024) found in the pigs imported into Can Tho city for slaughtering. Through the results of whole genome sequencing and genetic analysis based on nucleotide sequences of some important genes (B646L – p72, EP402R – CD2v, E183L – p54, A137R, and F778R) of rASFV/Vietnam/CT-OM-2/2024 and reference ASFVs confirmed that rASFV/Vietnam/CT-OM-2/2024 was a recombinant strain between genotypes I and II. Based on whole genome sequence analysis of the strains showed rASFV/Vietnam/CT-OM-2/2024 was genetically closely related to recombinant ASFV strains previously detected in the northern provinces of Viet Nam and in China. The results of this study warn of the potential spread of recombinant ASFV strains in Viet Nam, and call for enhanced disease surveillance, virus genetic characteristics, and implementation of effective ASF prevention and control measures.

Keywords: African swine fever, genetic, surveillance, recombinant, Can Tho city.