

## NGHIÊN CỨU LOÀI SÁN DÂY KÝ SINH Ở NGƯỜI ĐỂ GÂY NHIỄM BỆNH GẠO CHO LỢN

Đỗ Thị Lan Phương\*, Nguyễn Mạnh Cường, Nguyễn Thị Minh Thuận

Đại học Nông Lâm Thái Nguyên

\*Tác giả liên hệ email: dothilanhphuong@tuaf.edu.vn

### TÓM TẮT

Nghiên cứu sán dây ký sinh ở người bằng kỹ thuật sinh học đã được thực hiện tại trường Đại học Nông Lâm Thái Nguyên. Kết quả nghiên cứu cho thấy các trình tự gen CO1 của 6 mẫu sán dây có độ dài 396 bp, các trình tự này hoàn toàn tương đồng với nhau. Đối chiếu với các trình tự gen CO1 của sán dây trên GenBank bằng chương trình BLAST, đã xác định được các trình tự gen CO1 của các mẫu nghiên cứu tương đồng cao 100% với trình tự gen CO1 của loài *T. solium*. Phân tích khoảng cách di truyền cho thấy các trình tự gen CO1 của 6 mẫu sán dây *T. solium* thu thập ở Sơn La và Điện Biên (Việt Nam) thể hiện sự tương đồng cao (100%) với các trình tự gen CO1 của loài này ở Trung Quốc, Indonesia và Ấn Độ, chỉ sai khác ở 0 - 3 vị trí nucleotide, tương ứng với khoảng cách di truyền là 0 - 0,5%; so với các trình tự gen CO1 của loài sán này ở châu Mỹ và châu Phi thì có sự sai khác ở 3 - 7 vị trí nucleotide, tương ứng với khoảng cách di truyền là 0,8 - 1,5%; mức độ sai khác là 0,1%. Trên cây phát sinh loài, các trình tự gen CO1 của loài *T. solium* ở Việt Nam cùng nhánh với các trình tự gen CO1 của sán dây *T. solium* ở Trung Quốc, Indonesia và Ấn Độ. Kết quả gây nhiễm bệnh thực nghiệm cho thấy lợn ở lô thí nghiệm I và II sau khi gây nhiễm 90 - 120 ngày, tất cả các ấu trùng sán đều đã phát triển hoàn thiện ở vị trí ký sinh, nghĩa là thời gian hoàn thành sự phát triển của ấu trùng sán dây ở lợn là 90 - 120 ngày. Các lợn ở lô thí nghiệm II có số lượng ấu trùng ký sinh ở các vị trí nhiều hơn so với lợn ở lô thí nghiệm I.

Từ khóa: *Taenia solium*, gây nhiễm, ấu trùng, gen CO1.

### Study on nematode species parasitized in human to infect taeniasis for pigs

Do Thi Lan Phuong, Nguyen Manh Cuong, Nguyen Thi Minh Thuan

### SUMMARY

Study on *Taenia solium* parasitized in humans using molecular biology techniques was carried out in Thai Nguyen University of Agriculture and Forestry. The studied result showed that the CO1 gene sequences of 6 *Taenia solium* samples was 396 bp long, and these sequences was completely similar to each other. Comparing with the CO1 gene sequences on GenBank using the BLAST program, it was determined that the CO1 gene sequences of the research samples were 100% similar to CO1 gene sequences of *T. solium* species. The result of genetic distance analysis showed that the CO1 gene sequences of 6 *T. solium* samples collected in Son La and Dien Bien (Viet Nam) was similar (100%) with the the CO1 gene sequences of the *T. solium* species in China, Indonesia and India, differ only at 0 - 3 nucleotide positions, corresponding to a genetic distance of 0 - 0.5%, differing with CO1 gene sequences of *T. solium* specied from the America and Africa at 3 - 7 nucleotide positions, corresponding to a genetic distance of 0.8 - 1.5%, the difference was 0.1%. On the phylogenetic tree, the CO1 gene sequences of *T. solium* in Viet Nam was in the same branch as the CO1 gene sequences of *T. solium* in China, Indonesia and India. The experimental infection results showed that pigs in experimental groups I and II, after 90 - 120 days of infection, all larvae were fully developed in the parasitic position, meaning that the time to complete the development of *Taenia solium* larvae in pigs was 90 - 120 days. The pigs in group II had more parasitic larvae in different positions than the pigs in group I.

Keywords: *Taenia solium*, infection, larvae, CO1 gene.