

Nghiên cứu khoa học

ĐẶC TÍNH SINH HỌC VÀ SINH HỌC PHÂN TỬ CỦA DHAV (DUCK HEPATITIS A VIRUS) GÂY BỆNH TRÊN VỊT TẠI VIỆT NAM NĂM 2023

*Nguyễn Hồng Minh¹, Nguyễn Tiến Thành¹, Nguyễn Hữu Đại¹,
Nguyễn Hữu Hải¹, Phạm Thị Khánh Linh², Bùi Văn Ngọc²,
Đỗ Thị Roan², Nguyễn Thị Khuê², Nguyễn Minh Anh¹, Đoàn Thị Thanh Hương^{2*}*

**Tác giả liên hệ email: doantthuong74@gmail.com*

TÓM TẮT

Hai chủng virus viêm gan vịt (duck hepatitis A virus – DHAV) phân lập năm 2023 tại tỉnh Đồng Nai (ký hiệu DVH1CNC05.1) và tỉnh Lâm Đồng (ký hiệu DVH3CNC01.1) đã được đánh giá về một số đặc tính sinh học và sinh học phân tử để lựa chọn chủng tiềm năng cho nghiên cứu phát triển vaccin. Kết quả đánh giá cho thấy hai chủng DHAV đều có khả năng thích ứng, ổn định và nhân lên tốt trên phôi gà 9-11 ngày tuổi, hiệu giá virus đạt $10^{7.5}$ EID₅₀/ml, thuần khiết không bị tạp nhiễm các loại virus. Toàn bộ gen kháng nguyên VP1 của hai chủng nghiên cứu đã được thu nhận gồm 714 nucleotide (với chủng DVH1CNC05.1) và 720 nucleotide (với chủng DVH3CNC01.1) mã hóa lần lượt 238 amino acid và 240 amino acid. Phân tích phả hệ nguồn gốc dựa trên trình tự nucleotide gen VP1 của 66 chủng DHAV cho thấy chủng DVH1CNC05.1 thuộc genotype DHAV1, có mối quan hệ gần gũi với các chủng của Việt Nam, Hàn Quốc và Trung Quốc; chủng DVH3CNC01.1 thuộc nhóm genotype DHAV-3, có mối quan hệ gần gũi với các chủng của Việt Nam và Trung Quốc. Các chủng DHAV trong cùng genotype có tỷ lệ đồng nhất về nucleotide và amino acid từ 95% - 100% và 98% -100%. Tuy nhiên giữa hai genotype thì tỷ lệ đồng nhất về nucleotide và amino acid thấp; tương ứng chỉ đạt từ 70,1%-71,1% và 76,4%-77,2%. Cho đến nay cả hai genotype DHAV-1 và DHAV-3 đang lưu hành đồng thời tại Việt Nam.

Từ khóa: DHAV, liều gây nhiễm 50% phôi (EID₅₀), gen VP1, genotype, phả hệ nguồn gốc.

Biological and molecular biology characteristics of duck hepatitis A virus isolated in Viet Nam in 2023

*Nguyen Hong Minh, Nguyen Tien Thanh, Nguyen Huu Dai,
Nguyen Huu Hai, Pham Thi Khanh Linh, Bui Van Ngoc,
Do Thi Roan, Nguyen Thi Khue, Nguyen Minh Anh, Doan Thi Thanh Huong*

SUMMARY

The duck hepatitis A virus strains - DVH1CNC05.1, which was isolated in Dong Nai province, and DVH3CNC01.1, which was isolated in Lam Dong province in 2023, they were evaluated on specific biological and molecular biology characteristics in order to select the potential strains for developing vaccine. The research results showed that both strains were adaptable, stable and multiplied in 9-11-day-old chicken embryos, the virus titer reached $10^{7.5}$ EID₅₀/ml, pure and without contamination with other viruses. The entire VP1 antigen genes of the two studied strains was collected, consisting of 714 nucleotides (with DVH1CNC05.1 strain) and 720 nucleotides (with DVH3CNC01.1 strain)

¹. Công ty Cổ phần sản xuất và thương mại thuốc thú y CNC

². Viện Công nghệ sinh học – Viện Hàn lâm khoa học và công nghệ Việt Nam

encoding 238 amino acids and 240 amino acids, respectively. Phylogenetic analysis based on the VP1 gene nucleotide sequence of 66 DHAV strains revealed that DVH1CNC05.1 strain belonged to the DHAV1 genotype having relationships with the strains of Viet Nam, Korea, and China. DVH3CNC01.1 strain belonged to the DHAV-3 genotype group having relationships with the strains of Viet Nam and China. The DHAV strains in the same genotype had nucleotide similarity and amino acid identity level ranging from 95% to 100% and 98% to 100%, respectively. However, the similarity and identity level of nucleotide and amino acid between the two genotypes was low, only 70.1% -71.1% and 76.4%-77.2%, respectively. Both DHAV-1 and DHAV-3 genotypes currently have been circulating in Viet Nam.

Keywords: Duck hepatitis A virus – DHAV, 50% embryo infective dose (EID_{50}), VP1 gene, genotype, phylogenetic analysis.