

## **XÁC ĐỊNH TOPOTYPE VIRUS GÂY BỆNH LỞ MỒM LONG MÓNG Ở BÒ TẠI TỈNH SÓC TRĂNG**

*Trần Duy Khang<sup>1</sup>, Phạm Minh Tú<sup>2</sup>, Nguyễn Phúc Khánh<sup>1\*</sup>*

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

### **TÓM TẮT**

Nghiên cứu xác định topotype virus gây bệnh lở mồm long móng (LMLM) ở bò tại tỉnh Sóc Trăng đã được thực hiện bằng kỹ thuật RT-PCR kết hợp giải trình tự gen VP1. Kết quả nghiên cứu cho thấy đoạn gen VP1 của 3 chủng virus LMLM gồm O/VN/CTU/ST01, O/VN/CTU/ST02 và O/VN/CTU/ST03 có độ dài 633 nucleotide. Kết quả phân tích di truyền phả hệ và so sánh độ tương đồng chứng tỏ 2 chủng O/VN/CTU/ST01 và O/VN/CTU/ST02 thuộc dòng Ind2001e, topotype ME-SA, type O và chủng O/VN/CTU/ST03 thuộc dòng PanAsia, topotype ME-SA, type O. Kết quả so sánh trình tự nucleotide và amino acid giữa các chủng virus LMLM phát hiện được với các chủng virus LMLM tham chiếu cho thấy nhiều vị trí đột biến thay thế nucleotide và amino acid, đặc biệt là đoạn amino acid 140-160 có vai trò quan trọng trong tính kháng nguyên của virus LMLM.

*Từ khóa:* Bò, kiểu gen, virus lở mồm long móng, tỉnh Sóc Trăng.

### **Determining topotype of virus causing foot-and-mouth disease in cattle in Soc Trang province**

*Tran Duy Khang, Pham Minh Tu, Nguyen Phuc Khanh*

### **SUMMARY**

The study aimed to determine the topotype of foot-and-mouth disease virus (FMDV) in cattle in Soc Trang province by using RT-PCR technique associated with VP1 gene sequencing. The research results showed that the VP1 gene segment of three FMD virus strains including O/VN/CTU/ST01, O/VN/CTU/ST02, and O/VN/CTU/ST03 had a length of 633 nucleotides. The phylogenetic analysis and pairwise comparison showed that the two strains O/VN/CTU/ST01 and O/VN/CTU/ST02 belonged to the Ind2001e lineage, topotype ME-SA, type O and strain O/VN/CTU/ST03 belonged to the PanAsia lineage, topotype ME-SA, type O. The results of comparing the nucleotide and amino acid sequences between the detected FMD virus strains and the reference FMD virus strains showed many nucleotide and amino acid substitution mutation sites, especially the 140-160 amino acid segment which played an important role in the antigenicity of FMDV.

*Keywords:* Cattle, genotype, foot-and-mouth disease virus, Soc Trang province.

---

<sup>1</sup> Khoa Thú y, Trường Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ

<sup>2</sup> Trạm Chăn nuôi và Thú y huyện Mỹ Tú, tỉnh Sóc Trăng