

NGHIÊN CỨU PHÂN LẬP VÀ XÁC ĐỊNH ĐẶC ĐIỂM PHÂN TỬ CỦA CHỦNG VIRUS DỊCH TẢ LỢN CỔ ĐIỂN TẠI VIỆT NAM NĂM 2023

Đoàn Thị Thanh Hương^{1,2*}, Nguyễn Thị Khuê¹, Đỗ Thị Roan^{1,2}, Nguyễn Thị Thu Hiền¹, Lê Thị Kim Xuyên^{1,2}, Lưu Minh Đức¹, Lê Thị Huệ¹, Đoàn Hải Ngân³

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

TÓM TẮT

Dịch tả lợn cổ điển (CSF) là một bệnh truyền nhiễm nguy hiểm do classical swine fever virus (CSFV) gây ra, với khả năng lây lan nhanh và gây thiệt hại nặng nề về kinh tế cho ngành chăn nuôi lợn trên toàn thế giới, đặc biệt là tại Việt Nam. Vacxin phòng bệnh này chủ yếu là vacxin chủng C thuộc genotype 1. Các nghiên cứu gần đây đã chỉ ra rằng các chủng CSFV lưu hành tại các tỉnh miền Nam, Việt Nam thuộc genotype 2.1c và 2.2. Tuy nhiên, dữ liệu về virus này ở các tỉnh miền Bắc vẫn còn hạn chế. Trong nghiên cứu này, bằng phương pháp phân lập virus trên tế bào PK-15, chúng tôi đã phân lập thành công ba chủng CSFV (DTLBV, CSF.DN6 và CSF.QN7) có hiệu giá virus cao, từ 10^6 đến $10^{7.2}$ TCID₅₀/ml và ổn định. Đây là các chủng CSFV phân lập từ lợn mắc bệnh tại Thành phố Hà Nội, thành phố Đà Nẵng và tỉnh Quảng Ninh trong năm 2023. Trình tự nucleotide toàn bộ gen kháng nguyên E2 của ba chủng đã được giải mã, với tổng chiều dài 1.119 nucleotide, mã hóa cho 373 amino acid. Phân tích phả hệ nguồn gốc cho thấy chủng DTLBV thuộc genotype 2.1, chủng CSF.DN6 thuộc genotype 2.2 và chủng CSF.QN7 thuộc genotype 1.1. Kết quả nghiên cứu đã phản ánh sự đa dạng của các chủng CSFV đang lưu hành tại miền Bắc Việt Nam, đồng thời cung cấp các chủng CSFV có hiệu giá virus cao cho công tác phát triển vacxin phòng chống bệnh dịch tả lợn cổ điển trong tương lai.

Từ khóa: CSFV, liều gây nhiễm 50% tế bào (TCID₅₀), gen E2, genotype, phả hệ nguồn gốc.

Isolation and molecular characterization of classical swine fever virus in Viet Nam in 2023

Doan Thi Thanh Huong, Nguyen Thi Khue, Do Thi Roan, Nguyen Thi Thu Hien, Le Thi Kim Xuyen, Luu Minh Duc, Le Thi Hue, Doan Hai Ngan

SUMMARY

Classical swine fever (CSF), a dangerous infection disease caused by the classical swine fever virus (CSFV), with the ability to spread rapidly and cause heavy economic damage to the pig farming industry worldwide, especially in Viet Nam. The main preventive vaccine is the C strain vaccine belonging to genotype 1. In Viet Nam, recent studies have shown that CSFV strains circulating in the southern provinces belonged to genotypes 2.1c and 2.2. However, data on the virus in the northern provinces are limited. In this study, using the virus isolation method on PK-15 cells, we successfully isolated three CSFV strains (DTLBV, CSF.DN6, and CSF.QN7) with high viral titers, ranging from 10^6 to $10^{7.2}$ TCID₅₀/ml, and stable. These were CSFV strains isolated from the diseased pigs in Ha Noi City, Da Nang city, and Quang Ninh province in 2023. The complete nucleotide sequences of the E2 antigen gene of the three strains were determined, with a total length of 1119 nucleotides, encoding 373 amino acids. Phylogenetic analysis revealed that DTLBV strain belonged to genotype 2.1, CSF.DN6 strain belonged to genotype 2.2, and CSF.QN7 strain belonged to genotype 1.1. These findings highlight the genetic diversity of CSFV strains circulating in northern Viet Nam and provide high-titer CSFV strains that can contribute to the development of future vaccines against the CSF disease.

Keywords: CSFV, 50% tissue culture infectious dose (TCID₅₀), E2 gene, genotype, phylogeny.

¹. Viện Công nghệ sinh học, Viện Hàn lâm khoa học và công nghệ Việt Nam

². Học viện Khoa học và công nghệ, Viện Hàn lâm khoa học và công nghệ Việt Nam

³. Trường Đại học Khoa học và công nghệ Hà Nội (USTH)