

ĐẶC ĐIỂM DI TRUYỀN CỦA CIRCOVIRUS TRÊN ĐÀN VỊT TẠI THÀNH PHỐ CẦN THƠ

**Nguyễn Thị Cẩm Nhung¹, Trần Ngọc Bích^{2*}, Nguyễn Trần Phước Chiến²,
Huỳnh Trường Giang², Lê Khải Minh³, Cao Thanh Hoàn⁴**

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

TÓM TẮT

Nghiên cứu được thực hiện nhằm xác định chủng lưu hành và đặc điểm di truyền của circovirus trên vịt tại thành phố Cần Thơ. Chúng tôi tiến hành khảo sát 90 đàn vịt tại sáu quận, huyện (Ô Môn, Thốt Nốt, Vĩnh Thạnh, Cờ Đỏ, Thới Lai và Phong Điền) và đã xác định được tỷ lệ vịt bị nhiễm DuCV là 23,33% (21/90). Giải trình tự bốn chủng DuCV đã xác định trong nghiên cứu cho thấy sự phân bố của bốn chủng thuộc về hai genotype: DuCV-1 và DuCV-2. Trong đó, DuCV-1 lưu hành với ba subtype là DuCV-1a, DuCV-1b và DuCV-1c. Phân tích trình tự nucleotide ORF2 của các chủng DuCV nghiên cứu so với các chủng tham chiếu (từ Thái Lan và Trung Quốc) trên Ngân hàng Gen cho thấy mức tương đồng là >98%. Phân tích trình tự amino acid ghi nhận 34 vị trí khác biệt giữa hai serotype DuCV-1 và DuCV-2, trong đó 21 vị trí đầu NNITALVRSFISYRKSLPTL(V)P(Q) đặc trưng cho DuCV-1a so với các subtype DuCV-1b và DuCV-1c. Ngoài ra, 13 vị trí amino acid khác biệt giữa các subtype DuCV-1 gồm 24-25, 33, 36, 44, 52, 63, 68, 76-77, 85, 103, 125, 127-128, 130, 139, 145, 164, 173, 180, 198, 204, 208, 214-218, 226, 234, 253, 256-259, ảnh hưởng đến cấu trúc và chức năng của protein capsid. Phân tích cây phả hệ di truyền đã xác định được mối quan hệ gần gũi giữa các chủng DuCV tại thành phố Cần Thơ với các chủng DuCV từ Thái Lan và Trung Quốc.

Từ khóa: Circovirus, genotype, thành phố Cần Thơ, vịt.

Genetic characteristics of circovirus in duck flocks in Can Tho city

**Nguyen Thi Cam Nhung, Tran Ngoc Bich, Nguyen Tran Phuoc Chien,
Huynh Truong Giang, Le Khai Minh, Cao Thanh Hoan**

SUMMARY

This study was conducted to identify the circulating strains and genetic characteristics of circovirus in ducks in Can Tho city. We surveyed 90 duck flocks across six districts (O Mon, Thot Not, Vinh Thanh, Co Do, Thoi Lai, and Phong Dien) and infection rate of ducks with circovirus was determined to be 23.33% (21/90). Sequence analysis of four DuCV strains identified in this study revealed that the four DuCV belonged to two genotypes: DuCV-1 and DuCV-2. Among them, DuCV-1 was found to be circulating with three subtypes: DuCV-1a, DuCV-1b, and DuCV-1c. Comparison of the ORF2 nucleotide sequences of the DuCV strains from this study with reference sequences of DuCV from Thailand and China in the GenBank showed that their similarity level was >98%. The result of amino acid sequence analysis showed that there were 34 variable positions between the two serotypes, DuCV-1 and DuCV-2. Of which, the first 21 amino acid residues (NNITALVRSFISYRKSLPTL(V)P(Q)) were unique to DuCV-1a compared to DuCV-1b and DuCV-1c. Additionally, 13 amino acid variations distinguishing DuCV-1 subtypes were recorded at positions, such as: 24-25, 33, 36, 44, 52, 63, 68, 76-77, 85, 103, 125, 127-128, 130, 139, 145, 164, 173, 180, 198, 204, 208, 214-218, 226, 234, 253, and 256-259, potentially influencing the structure and function of the capsid protein. Phylogenetic analysis demonstrated a close genetic relationship between the DuCV strains circulating in Can Tho city and those from Thailand and China.

Keywords: Circovirus, genotype, Can Tho city, duck.

¹ Bộ môn Chăn nuôi Thú y, Khoa Kinh tế, Nông nghiệp và Công nghệ chế biến, Trường Cao đẳng Vĩnh Long

² Khoa Thú y, Trường Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ

³ Sinh viên ngành Thú y khóa 46, Trường Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ

⁴ Trường Cao đẳng cộng đồng Đồng Tháp