

PHÂN TÍCH TOÀN BỘ HỆ GEN VÀ ĐÁNH GIÁ ĐẶC TÍNH GÂY BỆNH CỦA HAI CHỦNG VIRUS DUCK CIRCRO (DUCV) THU THẬP TẠI THÀNH PHỐ HÀ NỘI VÀ TỈNH HƯNG YÊN

Nguyễn Minh Chiên, Nguyễn Thị Bích, Đinh Văn Lâm,
Trần Thị Thanh, Nguyễn Thanh Ba, Trần Văn Khánh*

Công ty Hanvet

**Tác giả liên hệ email: Chienk60cnsh@gmail.com*

TÓM TẮT

Mục tiêu của nghiên cứu này nhằm giải mã toàn bộ genome của hai chủng duck circovirus (DuCV) thu thập từ vịt bệnh tại Thành phố Hà Nội (2023) và tỉnh Hưng Yên (2024), ký hiệu là HV-V2356 và HV-V2413. Trình tự genome virus được thu nhận bằng phương pháp Sanger, sau đó phân tích di truyền và xây dựng cây phát sinh loài. Kết quả nghiên cứu cho thấy cả hai chủng đều thuộc genotype 1, subgroup 1b; HV-V2356 có quan hệ gần với các chủng DuCV từ Hoa Kỳ, Trung Quốc và Hàn Quốc, trong khi đó HV-V2413 tương đồng cao với các chủng DuCV ở Việt Nam. Chủng HV-V2413 được sử dụng để gây nhiễm thực nghiệm trên vịt super ở các độ tuổi khác nhau, nhằm xác định được độ tuổi và liều gây nhiễm phù hợp, đồng thời ghi nhận các tổn thương đặc trưng ở vịt được gây nhiễm. Đây là nghiên cứu đầu tiên tại Việt Nam thực hiện đồng thời giải mã toàn bộ genome và đánh giá khả năng gây bệnh của DuCV type 1, cung cấp dữ liệu quan trọng cho phân loại virus và kiểm soát dịch bệnh.

Từ khóa: DuCV, giải trình tự genome, phát sinh loài, khả năng gây bệnh, vịt.

Analysing completely genome sequence and evaluating pathogenicity of two duck circovirus (DuCV) strains isolated in Ha Noi city and Hung Yen province

*Nguyen Minh Chien, Nguyen Thi Bích, Dinh Van Lam,
Tran Thi Thanh, Nguyen Thanh Ba, Tran Van Khanh*

SUMMARY

The objective of this study aimed at decoding completely genome sequence and molecular characterization of two duck circovirus (DuCV) strains: HV-V2356 and HV-V2413 collected from the diseased ducks in Ha Noi City (2023) and Hung Yen province (2024). Genomic sequences were determined by Sanger method, then analysed genetics and phylogenetic tree. The studied result showed that both strains belonged to genotype 1, subgroup 1b. HV-V2356 strain closely related to DuCV strains from the US, China, and South Korea, while HV-V2413 showed high similarity to DuCV strains in Viet Nam. The HV-V2413 strain was used to experimentally infect the super ducks with different ages, in order to determine the appropriate age and infection dose, and record the characteristic lesions in the infected ducks. This is the first study in Viet Nam to simultaneously decode the entire genome and evaluate the pathogenicity of DuCV type 1, providing important data for virus classification and disease controls.

Keywords: Duck circovirus, full-genome sequencing, phylogenetics, pathogenicity, duck.