

Nghiên cứu khoa học

ĐẶC ĐIỂM PHÂN TỬ CỦA GEN *MEQ* CỦA VIRUS GÂY BỆNH MAREK TRÊN GÀ THẢ VƯỜN TẠI TỈNH KIÊN GIANG

Phạm Công Uẩn^{1*}, Nguyễn Thanh Thuý¹, Huỳnh Ngọc Trang²

*Tác giả liên hệ email: pcuan@vnkgu.edu.vn

TÓM TẮT

Nghiên cứu đặc điểm phân tử gen *Meq* của 4 chủng virus gây bệnh Marek trên gà thả vườn ở tỉnh Kiên Giang đã được tiến hành bằng phương pháp giải trình tự gen *Meq*, phân tích trình tự, cây phát sinh loài và đặc điểm của protein *Meq*. Kết quả nghiên cứu cho thấy trình tự gen *Meq* của 4 chủng virus gây bệnh trên gà thả vườn tại tỉnh Kiên Giang có độ dài 1.020 nucleotide, mã hoá 339 amino acid. Bốn chủng GaHV-2 ở Kiên Giang có tỷ lệ tương đồng 99,2-100% nucleotide và 98,8-100% amino acid; tương đồng 97,5-99,3% nucleotide và 94,5-99,1% amino acid so với các chủng độc lực v, vv, vv⁺ có nguồn gốc từ một số quốc gia khác trong dữ liệu GenBank; tương đồng 98,5-99,3% nucleotide và 96,7-97,9% amino acid so với chủng CVI988 (Intervet) (GenBank: DQ534538) giảm độc (att). Kết quả phân tích phả hệ cho thấy 4 chủng GaHV-2 ở Kiên Giang có sự tiến hoá riêng và nằm trong một phân nhánh cùng nhóm với chủng độc lực cao vv có nguồn gốc từ Việt Nam và có sự tương đồng khá cao với chủng GaHV-2/Italy/Ck/855/17 (MK139678) có nguồn gốc từ Ý, chủng 571 (AY362710) có nguồn gốc từ Mỹ và các chủng độc lực cao (vv) có nguồn gốc từ Trung Quốc và Thái Lan. Đặc điểm phân tử của gen *Meq* cho thấy bốn chủng lây nhiễm cho gà ở Kiên Giang đều thuộc nhóm độc lực cao, có tỷ lệ proline thấp trong gen *Meq* dao động từ 21,01-21,18%; các chủng GAHV2-KG4-Viet Nam, GAHV2-KG6-Viet Nam, GAHV2-KG7-Viet Nam có 4 motif PPPP và 5 motif ngắt quãng chứa các đột biến thứ 2 của vùng giàu proline (PRR): PPPP>P(Q/A/R)PP, chủng GAHV2-KG8-Viet Nam có 3 motif PPPP và 6 motif ngắt quãng chứa các đột biến thứ 2 của vùng giàu proline (PRR): PPPP>P(Q/A/R)PP. Nghiên cứu này cung cấp thông tin có giá trị về đặc điểm phân tử gen *Meq* của các chủng GaHV-2 lưu hành ở tỉnh Kiên Giang.

Từ khoá: Gen *Meq*, gà thả vườn, Kiên Giang, bệnh Marek.

Molecular characterization of the *Meq* gene of Marek's disease virus in free-range chickens in Kien Giang province

Pham Cong Uan, Nguyen Thanh Thuy, Huynh Ngoc Trang

SUMMARY

The study on the molecular characteristics of the *Meq* gene from 4 Marek's disease virus strains infecting free-range chickens in Kien Giang province was conducted through *Meq* gene sequencing, sequence analysis, phylogenetic inference, and examination of *Meq* protein features. The studied result showed that the *Meq* gene sequence length of the 4 viral strains from Kien Giang

¹. Khoa Nông nghiệp và phát triển nông thôn, Trường Đại học Kiên Giang

². Khoa Thú y, Trường Đại học Cần Thơ

included 1,020 nucleotides, encoding 339 amino acids. The 4 GaHV-2 strains from Kien Giang shared 99.2–100% nucleotide similarity and 98.8–100% amino acid identity among themselves, and showed 97.5–99.3% nucleotide similarity and 94.5–99.1% amino acid identity with virulent strains (v, vv, vv+) from other countries in the GenBank database. Additionally, they exhibited 98.5–99.3% nucleotide similarity and 96.7–97.9% amino acid identity with the attenuated vaccine strain CVI988 (Intervet) (GenBank: DQ534538). The result of phylogenetic analysis revealed that the 4 viral strains from Kien Giang have evolved independently and cluster in the same clade as the highly virulent (vv) Vietnamese strain. They also shared high similarity with GaHV-2/Italy/Ck/855/17 (MK139678) from Italy, strain 571 (AY362710) from the United States, and other vv strains from China and Thailand. Molecular characteristics of the *Meq* gene indicated that all 4 strains infecting chickens in Kien Giang belonged to the highly virulent group, characterized by low proline content in the *Meq* gene ranging from 21.01% to 21.18%. Strains GAHV2-KG4-Viet Nam, GAHV2-KG6-Viet Nam, and GAHV2-KG7-Viet Nam possessed 4 PPPP motifs and 5 interrupted motifs with second-site mutations in the proline-rich region (PRR): PPPP > P(Q/A/R)PP. Strain GAHV2-KG8-Viet Nam had 3 PPPP motifs and 6 interrupted motifs containing second-site mutations in the PRR: PPPP > P(Q/A/R)PP. This study provides valuable insights on the molecular characteristics of the *Meq* gene of GaHV-2 strains that is circulating in Kien Giang province.

Keywords: *Meq* gene, free-range chickens, Kien Giang, Marek's disease.