

ĐA DẠNG GEN 18S rRNA CỦA TRÙNG LÔNG *BALANTIDIUM COLI* GÂY TIÊU CHẢY TRÊN HEO SAU CAI SỮA Ở MỘT SỐ TỈNH PHÍA NAM

Đỗ Tiến Duy¹, Nguyễn Lê Đình Phương^{1,2}, Lê Võ Trường Duy^{1,2},
Nguyễn Phạm Huỳnh, Nguyễn Tất Toàn

TÓM TẮT

Mục tiêu của nghiên cứu này nhằm xác định sự đa dạng kiểu gen 18S rRNA của trùng lông *Balantidium coli* gây tiêu chảy trên heo sau cai sữa ở các trại heo của một số tỉnh phía Nam. Hai mươi chủng *B. coli* được phân lập từ 20 con heo sau cai sữa từ 30 đến 45 ngày tuổi có triệu chứng tiêu chảy đặc trưng. Giải trình tự gen của những chủng vi khuẩn này đã được phân tích và so sánh. Kết quả nghiên cứu cho thấy mức tương đồng chuỗi nucleotide của các chủng *B. coli* trong nghiên cứu này là từ 97,4% đến 99,6%. Sự đột biến trên đoạn gen gồm các kiểu thay thế, mất đi hay chèn thêm một hay nhiều nucleotide so với các chủng tham chiếu (SP08 - Tây Ban Nha). Trên cây phát sinh loài, các chủng *B. coli* trong nghiên cứu này được chia thành 2 nhóm (nhóm A gồm các chủng nằm cùng nhánh với các trình tự từ Nhật Bản, Trung Quốc và nhóm B gồm các chủng nằm cùng nhánh với các trình tự từ Tây Ban Nha và Philippines). Đặc biệt, chủng *B. coli* thu thập ở tỉnh Đồng Nai và Bến Tre gồm các trình tự nằm ở cả hai nhóm trên cây phát sinh loài.

Từ khóa: *Balantidium coli*, đa dạng gen 18S rRNA, heo cai sữa, tiêu chảy

Diversification of 18S rRNA gene of *Balatidium coli* caused diarrhea in post-weaning piglets in some Southern provinces

Do Tien Duy, Nguyen Le Dinh Phuong, Le Vo Truong Duy,
Nguyen Pham Huynh, Nguyen Tat Toan

SUMMARY

The objective of this study aimed at determining the diversification of 18S rRNA gene of *Balantidium coli* caused diarrhea in the post-weaning piglets in the pig breeding farms of some southern provinces. There were 20 *B.coli* strains isolated from 20 post-weaning piglets at 30-45 days old having typical diarrhea. Gene sequences of these bacteria strains were analysed and compared. The studied result showed that similarity level of nucleotide sequences of the *B.coli* strains in this study was 97.4 – 99.6%. The mutation in the gene segment included the replace types, loss and inserting one or more than one nucleotides in comparison with the referent bacteria strains (SP08-Spain). The result of analyzing phylogenetic tree indicated that the *B.coli* strains in this study were divided into 2 groups (group A including the strains located in the same branch with the Chinese, Japanese strains and group B consisting of the strains located in the same branch with the Philippines and Spain strains). Especially, the *B.coli* strains collecting from Dong Nai and Ben Tre province located in both group A and B.

Keywords: *Balantidium coli*, diversification of gen 18S rRNA, weaning piglets, diarrhea.

¹ Khoa Chăn nuôi Thú y – Đại học Nông Lâm Tp. HCM

² Sinh viên chương trình thú y tiên tiến