

PHÂN TÍCH ĐẶC ĐIỂM DI TRUYỀN ORF2 CỦA PORCINE CIRCOVIRUS TYPE 2 (PCV2) THU THẬP Ở MỘT SỐ TỈNH/THÀNH VIỆT NAM TRONG GIAI ĐOẠN TỪ 2007 ĐẾN 2016

Lê Thị Thu Phương¹, Nguyễn Ngọc Hải², Nguyễn Thị Thu Hồng¹, Quách Võ Ngôn¹, Nguyễn Ngọc Hồng Phúc¹, Trần Xuân Hạnh¹, Nguyễn Văn Dung¹

TÓM TẮT

Porcine circovirus type 2 (PCV2) là tác nhân liên quan đến nhiều bệnh, gây thiệt hại nghiêm trọng trong chăn nuôi heo. PCV2 có tốc độ thay thế nucleotide nhanh tạo điều kiện để virus tiến hóa và xuất hiện các genotype mới. Sự lưu hành và biến đổi của các genotype PCV2 ở Việt Nam được đánh giá qua việc giải trình tự nucleotide toàn bộ ORF2 của 48 chủng PCV2 phân lập thực địa từ 13 tỉnh/thành, Việt Nam trong giai đoạn từ năm 2007 đến năm 2016, phân tích cây di truyền và so sánh mức tương đồng với các chủng PCV2 tham khảo ở Việt Nam và trên thế giới. Kết quả phân tích cho thấy, có sự lưu hành đồng thời của các genotype PCV2b, PCV2d và nhóm tái tổ hợp, trong đó phổ biến nhất là PCV2b (24/48), cùng với sự xuất hiện và ngày càng phổ biến của PCV2d (16/48), đặc biệt là PCV2d2 (15/16). Các phân lập PCV2 xếp trong cùng genotype có mức độ tương đồng về nucleotide là khá cao, từ 98,7% - 100% đối với PCV2b, từ 98,5 - 100% đối với PCV2d2 và từ 98,7% đến 100% đối với nhóm PCV2 tái tổ hợp. Khoảng cách di truyền giữa các genotype là khá cao, biến động từ $0,0595 \pm 0,0096$ đến $0,0663 \pm 0,0102$. Ngoài ra, có sự biến đổi genotype theo thời gian xảy ra ở mức độ trung trại. Kết quả này góp phần làm rõ hơn về dịch tễ học của PCV2 ở Việt Nam.

Từ khóa: PCV2, ORF2, genotype, cây di truyền, Việt Nam.

Genetic characteristic analysis of ORF2 of Porcine circovirus type 2 (PCV2) in some provinces, Viet Nam, in the period 2007 - 2016

Le Thi Thu Phuong, Nguyen Ngoc Hai, Nguyen Thi Thu Hong, Quach Vo Ngon, Nguyen Ngoc Hong Phuc, Tran Xuan Hanh, Nguyen Van Dung

SUMMARY

Porcine circovirus type 2 (PCV2) is a causative agent relating to several porcine circovirus diseases - PCVDs, causing heavy economic losses in the swine industry. With a high nucleotide substitution rate, PCV2 continues to evolve and shift to novel genotypes. To determine the prevalence of PCV2 genotypes in Viet Nam, full-length of ORF2 of 48 PCV2 isolates collecting from 13 provinces in Viet Nam in the period from 2007 to 2016 was analysed to determine nucleotide sequence, build phylogenetic tree and compare to PCV2 strains that reported in Viet Nam and other countries. The analysed results showed that genotypes of PCV2b, PCV2d and recombinant cluster were co-existed and prevalent. Of which, the most common was PCV2b (24/48) and the emergence of PCV2d, especially PCV2d2 (15/16). The nucleotide similarity level of the PCV2 isolates classifying in the same genotype was relatively high, such as: 98.7% - 100% for PCV2b, 98.5 - 100% for PCV2d2 and 98.7 - 100% for recombinant cluster. Genetic divergence among the genotypes was also quite high ranging from 0.0595 ± 0.0096 to 0.0663 ± 0.0102 . Besides, genotype change by time had occurred at the farm level. These studied results contribute to further clarification of PCV2 epidemiology in Viet Nam.

Keywords: PCV2, ORF2, genotype, phylogenetic tree, Viet Nam.

¹ Công ty CP Thuốc Thú y Trung ương NAVETCO

² Đại học Nông Lâm Tp. Hồ Chí Minh