

Nghiên cứu khoa học

PHÁT HIỆN CÁC BIẾN CHỨNG CỦA VIRUS CÚM A/H5N1 THEO THỜI GIAN

*Đàm Thị Vui, Tô Long Thành, Nguyễn Đăng Thọ,
Đỗ Thị Hoa, Nguyễn Hoàng Đăng, Mai Thùy Dương,
Âu Xuân Khoa, Lương Văn Hào, Trần Thị Hồng Nhung
Trung tâm Chẩn đoán Thú y Trung ương*

TÓM TẮT

Bệnh cúm gia cầm, xảy ra lần đầu tiên tại Việt Nam vào cuối 2003 đầu 2004, đã được ghi nhận là do virus cúm A/H5N1 thể độc lực cao gây nên. Các chương trình giám sát virus hàng năm đã phát hiện các biến chủng mới tại Việt Nam. Từ tháng 7/2015 tới tháng 6/2016, các mẫu swab hầu họng của gà, vịt lấy tại 6 tỉnh (Huế, Quảng Nam, Quảng Ngãi, Kon Tum, Vĩnh Long và Đồng Tháp) đã được xét nghiệm để phát hiện virus cúm A/H5N1 bằng phương pháp rRT-PCR. 27 chủng trong số các mẫu dương tính với gen M, H5 và N1 từ 5 tỉnh Quảng Nam, Quảng Ngãi, Kon Tum, Vĩnh Long và Đồng Tháp đã được giải trình tự gen H5. Kết quả phân tích cây phả hệ của gen H5 cho thấy các chủng này thuộc subclade 2.3.4.4a và 2.3.2.1c. 15 chủng virus cúm A/H5N1 phát hiện tại Quảng Ngãi, Quảng Nam và Kon Tum đều thuộc subclade 2.3.4.4a, cùng phân loại với các chủng phát hiện ở Việt Nam trong năm 2014-2015. 12 chủng virus cúm phát hiện tại 2 tỉnh Vĩnh Long và Đồng Tháp thuộc subclade 2.3.2.1c, cùng phân loại với chủng tham chiếu A/Hongkong/6841/2010 (H5N1) và các chủng phân lập tại Việt Nam từ 2012 tới 2016. Tại thời điểm nghiên cứu, virus cúm gia cầm phát hiện ở Việt Nam thuộc 2 subclade: Subclade 2.3.4.4 phân bố chủ yếu ở miền Bắc và miền Trung và subclade 2.3.2.1c chủ yếu ở miền Nam, chưa phát hiện được virus cúm A/H5N6 tại các tỉnh miền Nam.

Từ khóa: giám sát, phân bố địa lý, virus cúm gia cầm, H5N1, các biến chủng

Identification of Avian influenza A/H5N1 virus clades by time

*Dam Thi Vui, To Long Thanh, Nguyen Dang Tho,
Do Thi Hoa, Nguyen Hoang Dang, Mai Thuy Duong,
Au Xuan Khoa, Luong Van Hao, Tran Thi Hong Nhung*

SUMMARY

Avian influenza, first occurrence in Viet Nam in late 2003 and early 2004 was determined due to highly pathogenic avian influenza A (H5N1) virus. The new avian influenza A (H5N1) virus clades were identified by the yearly surveillance programmes in Viet Nam. From July 2015 to June 2016, the chicken and duck oropharyngeal swab samples collecting in 6 provinces (Hue, Quang Nam, Quang Ngai, Kon Tum, Vinh Long, and Dong Thap) were tested to detect avian influenza A(H5N1) virus by rRT-PCR method. 27 virus strains in the positive samples with M, H5 and N1 genes from five provinces of Quang Nam, Quang Ngai, Kon Tum, Vinh Long and Dong Thap were decoded and analysed. The result of analyzing the H5 gene pedigree revealed that these strains belonged to subclade 2.3.4.4a and 2.3.2.1c. 15 strains of avian influenza A(H5N1) virus were detected in Quang Ngai, Quang Nam and Kon Tum belonging to subclades 2.3.4.4a, they were categorized together with the virus strains identifying in Viet

Nam in 2014-2015. 12 avian influenza virus strains were detected in Vinh Long and Dong Thap provinces belonging to subclade 2.3.2.1c, they were classified together with the A/Hong Kong/6841/2010 (H5N1) virus strain and the isolates in Viet Nam from 2012 to present. At the time of this study, avian influenza viruses detecting in Viet Nam were mainly belonged to two subclades: Subclade 2.3.4.4a distributed mainly in the Northern and Central provinces and Subclade 2.3.2.1c distributed mainly in the Southern provinces. At the time of this study, avian influenza A(H5N6) virus was not detected in the Southern provinces.

Keywords: surveillance, geographic distribution, avian influenza virus, H5N1, clades.