

ỨNG DỤNG PAN-GENOME TRONG SÀNG LỌC CÁC MARKER DÙNG PHÁT TRIỂN VACCIN ĐẢO NGƯỢC PHÒNG BỆNH EDWARDSIELLOSIS TRÊN CÁC LOÀI THỦY HẢI SẢN

Nguyễn Thành Luân

Viện Khoa học ứng dụng HUTECH, Đại học Công Nghệ Tp. Hồ Chí Minh

Sự gia tăng và biến đổi đa dạng kiểu hình của các chủng vi khuẩn gây bệnh thủy sản bao gồm chi *Edwardsiella* đang đặt ra những thách thức lớn cho việc thay đổi liên tục chiến lược sản xuất vaccin phòng dịch bệnh trong nuôi trồng thủy sản. Phương pháp giải trình tự bộ gen và so sánh các bộ gen của vi khuẩn bằng các công cụ pan-genome đang được xem là một công cụ hiệu quả hỗ trợ mở rộng để phân tích các vi sinh vật gây bệnh thủy sinh và cách thức các đặc điểm linh động và sự thích nghi với nhiều loài vật chủ cũng như các hệ sinh thái vi môi trường (niches).

Mục đích chính của việc phân tích pan-genome là so sánh bộ gen của các chủng vi khuẩn khác nhau trong một loài (intra-species) hoặc chi/giống (inter-species) (Snipen và ctv., 2009). Nhìn chung, phân tích pan-genome cho phép hiểu về sự tiến hóa của loài gây bệnh đa kháng thuốc. Phương pháp này cũng cho phép hiểu rõ hơn về yếu tố di truyền mang khả năng gây bệnh ở nhiều loại vi khuẩn bằng cách so sánh với các chủng độc lực và không độc lực khi chỉ sử dụng kết quả phân tích các gen trung tâm. Đặc biệt, sự phân tích các gen/cụm gen (core, dispensable, singleton) kết hợp hệ thống phân tích chức năng như RAST (Rapid Annotation using Subsystem Technology), KEGG, WebMGA (một máy chủ web tùy biến để phân tích các chuỗi trình tự) có thể giúp xác định các yếu tố quan trọng xuất hiện trong khả năng gây độc của chủng độc lực. Ngoài ra, khả năng chuyển hóa đường phức tạp có thể được hiển thị bằng các so sánh sự phân bố của các enzyme sử dụng đường (cấu hình Cazy, carbohydrate-active enzymes) giữa các phân lập. Thông tin Cazy đặc trưng là một lợi thế của quá trình chọn lọc cho phép vi sinh vật thích

nghi với hệ sinh thái của chúng.

Kết quả phân tích pan-genome trước đây của chúng tôi (Nguyen và Kim 2018; Nguyen và ctv., 2018) đã chỉ ra rằng chủng WFLU12 phân lập từ cá biển biểu hiện các đặc tính đặc thù cho việc sản xuất, chuyển đổi năng lượng, sự vận chuyển và chuyển hóa đường bằng cách phân tách các gen đặc trưng cho từng chủng. Bên cạnh đó, dựa vào các gen phân tách từ pan-genome, các gen được chọn hoàn toàn có thể được kiểm tra lại chức năng trên cơ sở dữ liệu các gen độc lực (VFDB), các nhóm gen chức năng (COG), từ điển bách khoa về gen và gen của Kyoto (KEGG) và cơ sở dữ liệu gen kháng kháng sinh (ARGB). Do đó, dữ liệu bộ gen của vi sinh vật mang lại những hiểu biết đáng kể về sự hiểu biết về sự tiến hóa của vi khuẩn, sự thích nghi thích hợp, cấu trúc quần thể và tương tác vật chủ. Những nghiên cứu này cũng có thể được áp dụng cho các vấn đề như xác định gen độc lực, thiết kế vaccin và thuốc (Chaplin và ctv., 2015).