Vietnam J. Agri. Sci. 2020, Vol. 18, No. 2: 105-112 Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam 2020, 18(2): 105-112
www.vnua.edu.vn

SỰ LƯU HÀNH CỦA PORCINE CYTOMEGALOVIRUS GÂY VIÊM MŨI THỂ VÙI Ở CÁC TRẠI LỢN PHÍA BẮC VIỆT NAM

Nguyễn Thị Hoa*, Nguyễn Thị Lan, Hoàng Thị Phương, Nguyễn Thị Huyên, Nguyễn Thị Thu Hằng, Trương Quang Lâm

Khoa Thú y, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

**Tác giả liên hệ: hoanguyenty@vnua.edu.vn*

Ngày nhận bài: 07.03.2020 Ngày chấp nhận đăng: 13.04.2020

TÓM TẮT

Nghiên cứu được thực hiện nhằm phát hiện sự có mặt của Porcine Cytomegalovirus (PCMV) trên các trại lợn phía bắc Việt Nam. Tổng số 122 mẫu bệnh phẩm của lợn có các dấu hiệu bệnh lý đường hô hấp đã được tiến hành sàng lọc bằng kỹ thuật PCR và xác định được 59 mẫu dương tính với PCMV, chiếm tỉ lệ 48,36%. Kết quả phân tích trình tự nucleotide và axit amin gen DPOL của 3 chủng PCMV thu thập tại Thái Bình và Hà Nội cho thấy tương đồng về trình tự nucleotide và axit amin giữa các chủng này lần lượt đạt từ 99,22-100% và 99,17-100%. Kết quả phân tích cây phát sinh loài cho thấy các chủng PCMV nghiên cứu nằm trong 2 nhánh phát sinh khác nhau, chủng PCMV1.HN.2018 và PCMV3.HN.2019 nằm cùng nhánh phát sinh với chủng Hn0601 được phân lập ở Trung Quốc (mã số ngân hàng gen HQ686081), chủng 489 của Đức (AF268042), chủng OF-1 của Nhật Bản (AF268041) và chủng 55b của Tây Ban Nha (AF268040). Trong khi đó, chủng PCMV2.TB.2019 nằm cùng nhánh phát sinh với chủng FJ01 của Trung Quốc (MG696113). Như vậy, PCMV đã lưu hành trong đàn lợn nuôi ở các tỉnh phía bắc Việt Nam và có cùng nguồn gốc với các chủng PCMV từ Trung Quốc.

Từ khóa: Porcine cytomegalovirus, PCR, giải trình tự gen, gB.

Prevalence of Porcine Cytomegalovirus Causing Inclusion Body Rhinitis in the Pig Farms of Northern Vietnam

ABSTRACT

The study was conducted to detect the presence of Porcine Cytomegalovirus (PCMV) in northern Vietnam pig farms. Total 122 samples of pigs with respiratory pathological signs were screening by PCR and identified 59 positive samples with PCMV, accounting for 48.36%. Results of analyzing the nucleotide (nt) and amino acid (aa) of 3 PCMV virus strains collected in Thai Binh and Ha Noi showed that these strains were closely related to one other, sharing 99.22-100% at nt and 99.17-100% at aa, respectively. Phylogenetic tree analysis indicated that the PCMV strains belonged to two different branches, PCMV1.HN.2018 and PCMV3.HN.2019 strains were in the same branch as HN0601 strain isolated in China (accession number HQ686081), the 489 strain of Germany (AF268042), the OF-1 strain of Japan (AF268041) and the 55b strain of Spain (AF268040). Meanwhile, the PCMV2.TB.2019 strain was located in the same branch as the FJ01 strain isolated in China (MG696113). Thus, it can be concluded that PCMV had circulated among pigs raised in northern Vietnam and had the same origin as the PCMV strains from China.

Keywords: Porcine cytomegalovirus, PCR, sequencing, DPOL.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Porcine Cytomegalovirus (PCMV) gây bệnh viêm mũi trên lợn thuộc họ Herpesvirus và cùng họ với virus gây bệnh giả dại trên lợn (Pseudovirus - PRV). PCMV cũng là tác nhân gây bệnh truyền nhiễm trên lợn nhưng không gây ra các triệu chứng lâm sàng điển hình, không tạo thành ổ dịch lớn, do vậy ít được quan tâm. Tuy không phổ biến nhưng PCMV là một trong những mầm bệnh nguy hiểm trên lợn con sơ sinh với triệu chứng thần kinh rồi chết rất

nhanh, đặc biệt còn gây sảy thai trên nái mang virus và gây ra triệu chứng cận lâm sàng ở lợn trưởng thành khi gặp các yếu tố bất lợi (Mueller & cs., 2004, Narita & cs., 1987). PCMV thuộc phân họ Betaherpesvirus có vật chất di truyền là DNA sợi đôi, kích thước 128.367bp, chứa 79 khung đọc mở (Open reading frames - ORF) và đường kính hạt virus từ 150 đến 200nm (Gu & cs., 2014a). PCMV thường đồng nhiễm với các virus gây bệnh độc lực cao như Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome virus (PRRS), các virus gây bệnh đường hô hấp khác trên lợn gây hậu quả nghiêm trọng.

Kỹ thuật sinh học phân tử PCR với độ đặc hiệu, chính xác và tin cậy cao đã được sử dụng để xác định sự có mặt của PCMV. Báo cáo đầu tiên sử dụng kỹ thuật PCR chẩn đoán PCMV trên lợn ở Canada của nhóm tác giả Hamel & cs. (1999) đã xác định 59% mẫu dương tính với PCMV, 64% các trang trại được khảo sát cho kết quả dương tính. Bằng phương pháp này, PCMV cũng đã được ghi nhận ở nhiều quốc gia thuộc các châu lục trên khắp thế giới như Nhật Bản, châu Âu, Bắc Mỹ và Trung Quốc với tỷ lệ nhiễm trung bình 90% (Edington & cs., 1988; Gu & cs., 2014b). Phương pháp PCR sử dụng các cặp mồi đặc hiệu được phát triển dựa trên các gen kháng nguyên gây bệnh của virus như gen glycoprotein B (gB) và gen DNA polymerase (DPOL).

Các nghiên cứu về PCMV chủ yếu tập trung vào gen DNA polymerase (DPOL) và gen glycoprotein B (gB), chỉ có duy nhất một serotype PCMV được ghi nhận. Sự đa dạng di truyền được ghi nhận ở gen DPOL và gB với các chủng PCMV khác nhau dẫn đến sự thay đổi kháng nguyên. Trong đó, gB là một glycoprotein xuyên màng quan trọng, đóng vai trò chính trong phản ứng tổng hợp và bám dính của virus vào màng tế bào chủ khi virus xâm nhập vào tế bào hoặc chuyển giữa các tế bào, nó là mục tiêu của tế bào lympho T gây độc. Theo Liu & cs. (2013) nghiên cứu về các chủng PCMV tại Tứ Xuyên, Trung Quốc cho kết quả chủng có nguồn gốc Trung Quốc như chủng Ninh Ba (FJ870561), chủng Chiết Giang (FJ870563) tương đồng với chủng 55b (AF268040) phân lập được từ Tây Ban Nha, chủng Yamaguchi Nhật Bản (AB771706) và chủng Thụy Điển (AF394056).

Tại Việt Nam, cùng với sự phát triển của ngành chăn nuôi, kiểm soát dịch bệnh là yếu tố quan trọng. Nghiên cứu về PCMV ở Việt Nam hiện nay còn chưa có công bố nào. Trong khi đó, việc nhiễm chéo PCMV hay các virus khác thường xảy ra ở lợn có thể trạng miễn dịch kém, từ đó kế phát các bệnh nhiễm trùng do vi khuẩn (Widen & cs., 2001b). PCMV ức chế chức năng miễn dịch và cơ chế bảo vệ của vật chủ, đặc biệt là hoạt động của tế bào lympho T bằng cách điều chỉnh sự biểu hiện của nhiều cytokine. Giống như virus PRRS, PCMV sử dụng đại thực bào phế nang làm tế bào đích, trong một nghiên cứu của Yoon & cs. (1996) đã chỉ ra việc nhiễm PCMV có ý nghĩa thúc đẩy sự xuất hiện của PRRS. Do vậy, PCMV đã được công nhận là mối quan tâm cho ngành chăn nuôi lợn. Tác động suy giảm miễn dịch của PCMV ảnh hưởng không nhỏ đến hiệu quả kinh tế của người chăn nuôi. Do đó, nếu các vấn đề về hô hấp và sinh sản xảy ra trong đàn, PCMV sẽ cần phải được phân biệt với các bệnh sinh sản khác, đặc biệt là nhiễm Parvovirus gây bệnh khô thai, Pseudorabies gây bệnh giả dại và hội chứng rối loạn hô hấp và sinh sản ở lợn để có biện pháp kiểm soát thích hợp. Vì vậy, nghiên cứu này được thực hiện nhằm mục đích phát hiện sự lưu hành của PCMV ở các trại lợn phía bắc Việt Nam đồng thời cung cấp các dữ liệu khoa học ban đầu làm cơ sở cho việc chẩn đoán và đề ra các biện pháp phòng, trị bệnh hiệu quả.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Trong nghiên cứu này, mẫu bệnh phẩm được sử dụng bao gồm mẫu hạch, mẫu phổi trên lợn có bệnh lý lâm sàng về hô hấp như, ho, khó thở, viêm phổi. Nguồn mẫu thu thập từ các trang trại và hộ chăn nuôi thuộc các tỉnh khu vực phía bắc Việt Nam.

Hóa chất vật tư bao gồm: Kít tách chiết DNA Dneasy Blood & Tisue Kit-69506.250 của Qiagen, Mỹ; cồn tuyệt đối (Merk). Sinh phẩm, hóa chất dùng cho phản ứng PCR: Kít PCR Promega (Mỹ). Cặp mồi đặc hiệu dùng để phát

hiện và giải trình tự gen PCMV. Bộ kít giải trình tự gen của Beckman coulter, kít tinh sạch sản phẩm PCR của Qiagen…

Máy móc, dụng cụ phục vụ nghiên cứu bao gồm: máy PCR (Eppendorf), máy giải trình tự gen (Beckman Coulter), máy điện di, máy vortex (IKa), máy ly tâm (eppendorf), tủ -80°C (Sanyo), Pipet và đầu típ các loại, ống eppendorf 1,5mL, găng tay, khẩu trang...

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Tách chiết DNA

Kít Qiagen được sử dụng để tách chiết DNA của virus từ mẫu bệnh phẩm, các bước tiến hành theo hướng dẫn của nhà sản xuất. Cụ thể, lấy khoảng 100µg mẫu bệnh phẩm đã được đồng nhất cho vào ống eppendorf, bổ sung 180µL dung dịch ATL, 20µL Protein K sau đó trộn đều huyễn dịch bằng máy vortex và ủ ở 56°C cho đến khi mẫu tan hoàn toàn trong dung dịch ATL, bổ sung 200µL dung dịch AL, ủ ở 56°C trong 10 phút. Bổ sung 200µL dung dịch cồn 100°, vortex tất cả huyễn dịch trong 15 giây. Chuyển toàn bộ mẫu trong ống eppendorf sang cột lọc, ly tâm 13.000 vòng/phút trong 1 phút, rửa lần 1 với 500µL dung dịch rửa AW1, ly tâm 13.000 vòng/phút trong 1 phút, rửa lần 2 bằng 500µL dung dịch rửa AW2, ly tâm 14.000 vòng/phút trong 3 phút. Bước cuối cùng thu DNA bằng 100 µL dung dịch AE, ủ 1 phút ở nhiệt độ phòng và ly tâm 14.000 vòng/phút trong 1 phút. Mẫu DNA thu được ở đáy ống eppendorf bảo quản ở điều kiện -20°C.

2.2.2. Phản ứng PCR phát hiện PCMV

Phản ứng PCR dùng để chẩn đoán PCMV sử dụng cặp mồi PCMVF/PCMVR khuếch đại đoạn gen DPOL của PCMV (Hamel & cs., 1999) trình tự mồi và kích thước sản phẩm theo mô tả ở bảng 1. Thành phần phản ứng PCR bao gồm: 12,5µL 2X Go Taq green mastermix; 6,5µL nuclease-free water; 0,5µL mồi xuôi (PCMVF); 0,5µL mồi ngược (PCMVR); 5µL DNA mẫu đã tách chiết. Chu trình nhiệt 3 giai đoạn của phản ứng PCR bao gồm các bước: tiền biến tính ở 95°C/5 phút; lặp lại 35 chu kỳ gồm: 94°C/30 giây, 60°C/1 phút, 72°C/1 phút; kéo dài cuối cùng ở 72°C/5 phút. Sản phẩm PCR sẽ được kiểm tra bằng phương pháp điện di trên gel agarose 1,5% có bổ sung Red gel (Invitrogen, USA) và hiển thị hình ảnh sản phẩm dưới ánh sáng cực tím (UV) trên hệ thống máy chụp ảnh gel.

2.2.3. Giải trình tự và phân tích trình tự gen

Sản phẩm PCR được tinh sạch và giải trình tự theo hai chiều (xuôi và ngược) bằng phương pháp Sanger được thực hiện tại phòng Thí nghiệm trọng điểm Công nghệ sinh học Thú y. Trình tự nucleotide thu được sẽ được xử lý và BLAST trên ngân hàng gen theo địa chỉ http://ncmi.nlm.nih.gov. Trình tự thu được sau đó tiếp tục được phân tích bằng phần mềm tin sinh học BioEdit để xác định tương đồng nucleotide và axit amin. Xây dựng cây phát sinh loài trên cơ sở trình tự gen của chủng virus thu nhận bằng phần mềm MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) version 6.0. Sử dụng phương pháp test Maximum likehood với giá trị bootstrap là 1.000 đơn vị.

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả khảo sát sự lưu hành của PCMV tại một số tỉnh phía bắc Việt Nam

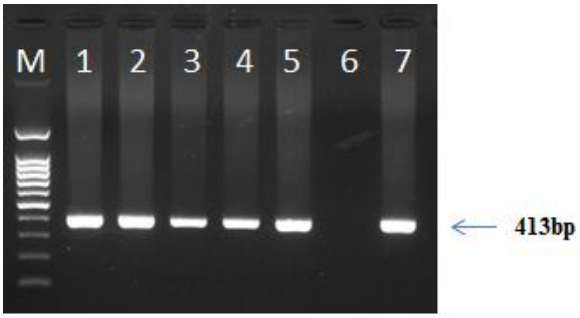
Trong nghiên cứu này, chúng tôi đã tiến hành kiểm tra phát hiện PCMV trên 122 mẫu bệnh phẩm lợn được thu thập từ một số tỉnh khu vực phía bắc Việt Nam trong 2 năm 2018 và 2019 bằng kỹ thuật PCR. Kết quả được tổng hợp và trình bày ở bảng 2 và hình 1.

Bảng 1. Trình tự nucleotide của cặp mồi sử dụng trong phát hiện PCMV

Primer	Sequence (5' - 3')	Size (bp)
PCMVF	CCCTGATCTTAAATGACGAGGACGTGAC	413
PCMVR	ACCGTCTGAGAGAGACTGAACTTCTCTGACAC	

Bảng 2. Kết quả phát hiện PCMV ở một số tỉnh phía bắc Việt Nam

Tỉnh/thành phố	Số mẫu kiểm tra	Số mẫu dương tính	Tỷ lệ (%)
Bắc Giang	14	02	14,29
Hà Nam	12	06	50,00
Hà Nội	18	10	55,56
Hải Dương	12	06	50,00
Hòa Bình	04	02	50,00
Hưng Yên	34	20	58,82
Thái Bình	10	03	30,00
Thái Nguyên	18	10	55,56
Tổng	122	59	48,36



Ghi chú: M là thang DNA chuẩn (100bp DNA ladder-Cleaver-Anh); Giếng 1 đến giếng 5 là sản phẩm PCR của các mẫu bệnh phẩm từ lợn nghi mắc PCMV ; Giếng 6: Đối chứng âm (nước tinh khiết). Giếng 7: Đối chứng dương (Chủng PCMV cung cấp bởi ATCC mã ATCC VR-1499).

Hình 1. Kết quả điện di sản phẩm PCR phát hiện PCMV

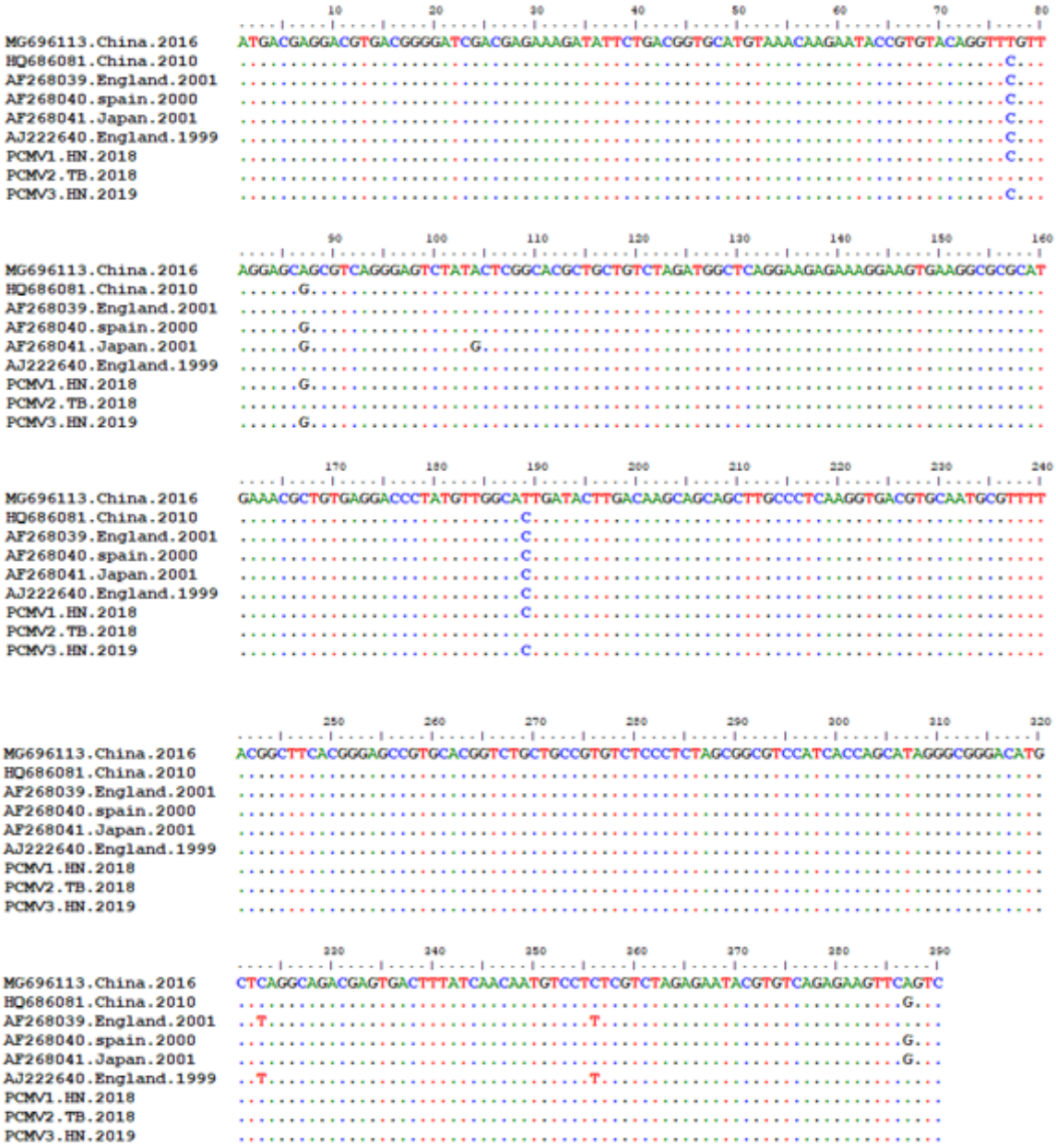
Kết quả xác định PCMV bằng kỹ thuật PCR được thể hiện trong bảng 2 cho thấy tỷ lệ dương tính với PCMV ở các mẫu bệnh phẩm thu thập chiếm trung bình 48,36%. Ở 8 tỉnh phía bắc Việt Nam đều phát hiện thấy sự lưu hành của PCMV, tỉ lệ dương tính trung bình ở các mẫu bệnh phẩm từ các tỉnh dao động từ 14,29% đến 58,82%, chỉ riêng tỉnh Bắc Giang, tỉ lệ dương tính thấp hơn các tỉnh còn lại (14,29%). Kết quả khảo sát cho thấy tỷ lệ mang trùng PCMV ở phía bắc Việt Nam tương đối cao, tuy nhiên vẫn chưa cao bằng tỉ lệ lưu hành đã được công bố ở một số quốc gia trên thế giới. Cũng bằng kỹ thuật PCR, Liu & cs. (2013) đã tiến hành điều tra tỷ lệ mắc PCMV trên 1025 mẫu thu thập từ khắp 14 huyện thuộc tỉnh Tứ Xuyên, Trung Quốc cho kết quả 84,4% mẫu dương tính với PCMV. Trong đó, tỷ lệ nhiễm PCMV trên lợn con cao nhất 91,6%, lợn con sơ sinh 88% và lợn nái 80,4%, tỷ lệ mắc trên lợn đực thấp nhất 46,7% (Liu & cs., 2013). Cũng trong nghiên cứu này, lần đầu tiên PCMV được tìm thấy trong tinh dịch của lợn đực giống. Theo Yoon & Edington (2006), 90% lợn ở Anh có huyết thanh dương tính với PCMV, các dấu hiệu lâm sàng được quan sát khi nái nhiễm virus trong giai đoạn cuối của thai kỳ với biểu hiện sốt. Trong nghiên cứu của Liu & cs. (2013) tỷ lệ nhiễm PCMV ở lợn nái từ cùng một trang trại là rất cao, vì vậy nguy cơ lây lan qua hoạt động sinh sản là rất lớn nên cần thực hiện tốt các biện pháp kiểm dịch. Nhóm tác giả cũng nhận định, lợn nhiễm PCMV có nguy cơ cao nhiễm PRRS, virus gây bệnh giả dại, ngoài ra có thể nhiễm trùng *Streptococcus* và *Haemophilus parasuis.*

Như vậy, kết quả này của chúng tôi mới chỉ là những khảo sát ban đầu về tỷ lệ mang trùng PCMV trên lợn ở một số tỉnh khu vực phía bắc Việt Nam, cần thiết phải thực hiện những khảo sát cụ thể hơn nữa về các tác nhân đồng nhiễm để

có nhận định đầy đủ về vai trò của các tác nhân gây bệnh trên đường hô hấp của lợn để có định hướng phù hợp trong công tác phòng, chống bệnh.

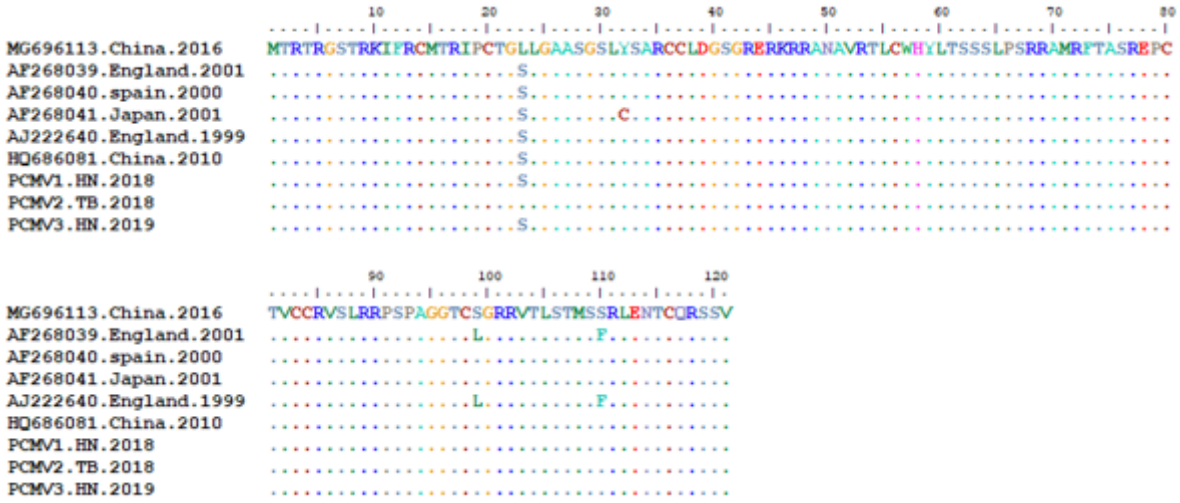
3.2. Kết quả phân tích trình tự gen DPOL của các chủng PCMV nghiên cứu

Từ kết quả phát hiện PCMV dương tính bằng PCR, chúng tôi lựa chọn 03 mẫu dương tính thu thập tại Hà Nội (01 mẫu năm 2018 và 01 mẫu năm 2019) và Thái Bình (01 mẫu năm 2018) để tiến hành giải trình tự. Chuỗi nucleotide thu được sau khi giải trình tự được xử lý bằng các phần mềm tin sinh học. Kết quả so sánh trình tự nucleotide và axit amin gen DPOL của các chủng PCMV nghiên cứu được trình bày ở hình 2, 3 và bảng 3.



Ghi chú: Các vị trí nucleotide giống nhau được biểu thị bằng dấu (.); các vị trí có sự sai khác được biểu thị bằng nucleotide tương ứng ở chủng virus đó.

Hình 2. So sánh trình tự nucleotide gen DPOL của các chủng PCMV nghiên cứu và các chủng tham chiếu khác



Ghi chú: Các vị trí axit amin giống nhau được biểu thị bằng dấu (.); các vị trí có sự sai khác được biểu thị bằng axit amin tương ứng ở chủng virus đó.

Hình 3. So sánh trình tự axit amin gen DPOL của các chủng PCMV nghiên cứu và các chủng tham chiếu khác

Bảng 3. So sánh tương đồng nucleotide và axit amin gen DPOL của các chủng PCMV nghiên cứu và các chủng tham chiếu khác

Chủng virus	1	2	3	4	5	6	7	8	9
PCMV1.HN.2018	100,00	99,17	100,00	98,33	100,00	99,17	98,33	100,00	99,17
PCMV2.TB.2018	99,22	100,00	99,17	97,49	99,17	98,33	97,49	99,17	100,00
PCMV3.HN.2019	100,00	99,22	100,00	98,33	100,00	99,17	98,33	100,00	99,17
AF268039.England.2001	99,22	98,97	99,22	100,00	98,33	97,49	100,00	98,33	97,49
AF268040.Spain.2000	99,74	98,96	99,74	98,96	100,00	99,17	98,33	100,00	99,17
AF268041.Japan.2001	99,48	98,70	99,48	98,70	99,74	100,00	97,49	99,17	98,33
AJ222640.England.1999	99,22	98,97	99,22	100,00	98,96	98,70	100,00	98,33	97,49
HQ686081.China.2010	99,74	98,96	99,74	98,96	100,00	99,74	98,96	100,00	99,17
MG696113.China.2016	99,22	100,00	99,22	98,97	98,96	98,70	98,97	98,96	100,00

Ghi chú: Tương đồng nucleotide được hiển thị phía dưới bên trái đường chéo 100. Tương đồng axit amin được hiển thị phía trên bên phải đường chéo 100.

Kết quả so sánh trình tự nucleotide gen DPOL của 03 chủng PCMV nghiên cứu cho thấy tỉ lệ tương đồng cao từ 99,22-100% giữa các chủng. Trong đó chủng PCMV1.HN.2018 tương đồng 100% với chủng PCMV.HN.2019. Chủng PCMV2.TB.2018 tương đồng 99,22% về trình tự nucleotide với 2 chủng còn lại. So sánh trình tự nucleotide gen DPOL với một số chủng PCMV tham chiếu khác trên thế giới thấy rằng mức độ tương đồng về nucleotide của các chủng PCMV tại Việt Nam so với các chủng trên thế giới từ 98,70-100%, đặc biệt chủng PCMV2.TB.2018 tương đồng 100% về nucleotide với chủng Hn0601 của Trung Quốc (mã số ngân hàng gen HQ686081).

Kết quả so sánh trình tự axit amin gen DPOL cho thấy chủng PCMV2.TB.2018 sai khác ở 01 vị trí axit amin thứ 24 (S↔L) so với 2 chủng PCMV1.HN.2018 và PCMV.HN.2019. Tỉ lệ tương đồng về axit amin của chủng này so với

2 chủng còn lại đạt 99,17% (Hình 3). So sánh trình tự axit amin của các chủng PCMV nghiên cứu với các chủng tham chiếu được thu thập trên ngân hàng gen thấy mức độ tương đồng axit amin từ 97,49-100% (Bảng 3). Trong đó, tương đồng cao với chủng Hn0601 và chủng FJ01 của Trung Quốc (mã số ngân hàng gen lần lượt HQ686081, MG696113) và chủng 55b của Tây Ban Nha (AF268040) tỉ lệ tương đồng từ 99,17-100%. Tỉ lệ tương đồng thấp hơn với chủng của B6 của Anh (AF268039) và chủng OF-1 của Nhật Bản (AF268041) tỉ lệ tương đồng từ 97,49-99,17%. Kết quả phân tích nguồn gốc phát sinh dựa trên cây phát sinh loài của các chủng PCMV nghiên cứu được thể hiện qua hình 4.

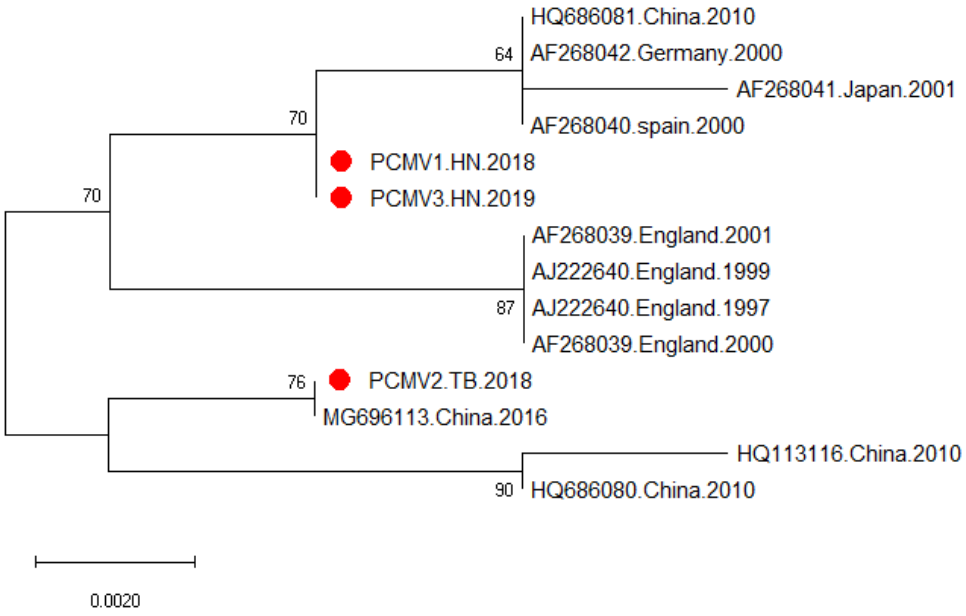
Từ kết quả phân tích nguồn gốc phát sinh loài dựa trên trình tự nuclecotide gene DPOL cho thấy: 03 chủng PCMV nghiên cứu nằm trong 2 nhánh phát sinh khác nhau. Chủng PCMV1.HN.2018 và PCMV3.HN.2019 nằm cùng nhánh phát sinh với chủng Hn0601được phân lập ở Trung Quốc (mã số ngân hàng gen HQ686081), chủng 489 của Đức (AF268042), chủng OF-1 của Nhật Bản (AF268041) và chủng 55b của Tây Ban Nha (AF268040). Trong khi đó, chủng PCMV2.TB.2019 nằm cùng nhánh phát sinh với chủng FJ01 của Trung Quốc (MG696113). Như vậy các chủng PCMV nghiên cứu đều có nguồn gốc phát sinh với các chủng PCMV của Trung Quốc.

4. KẾT LUẬN

Nghiên cứu đã xác định sự có mặt của PCMV trên lợn được nuôi tại 8 tỉnh phía bắc Việt Nam bằng kỹ thuật PCR với tỉ lệ nhiễm trung bình là 48,36%. Trình tự gen DPOL của 3 chủng virus PCMV thu thập được tại Hà Nội và Thái Bình có mức độ tương đồng cao về nucleotide và axit amin lần lượt đạt từ 99,22-100% và 99,17-100%. Kết quả dựng cây phát sinh loài cho thấy các chủng PCMV nghiên cứu nằm trong hai nhánh phát sinh khác nhau và có cùng nguồn gốc với các chủng PCMV từ Trung Quốc.

LỜI CẢM ƠN

Nhóm tác giả xin gửi lời cảm ơn tới Dự án Việt - Bỉ đã tài trợ kinh phí cho đề tài: "Nghiên cứu sự lưu hành của Porcine cytomegalovirus trên lợn tại một số tỉnh phía bắc Việt Nam" để chúng tôi có điều kiện thực hiện các nghiên cứu này.



Ghi chú: ●: Là các chủng PCMV nghiên cứu.

Hình 4. Cây phát sinh loài của các chủng PCMV nghiên cứu và các chủng tham chiếu

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Edington N., Wrathall A.E. & Done J.T. (1988). Porcine cytomegalovirus (PCMV) in early gestation. Veterinary microbiology. 17(2): 117-128.

Gu W., Zeng N., Zhou L., Ge X., Guo X. & Yang H. (2014a). Genomic organization and molecular characterization of porcine cytomegalovirus. Virology. 460: 165-172.

Gu W., Zeng N., Zhou L., Ge X., Guo X. & Yang H. (2014b). Genomic organization and molecular characterization of porcine cytomegalovirus. Virology. 460-461: 165-172.

Hamel A.L., Lin L., Sachvie C., Grudeski E. & Nayar G.P. (1999). PCR assay for detecting porcine cytomegalovirus. Journal of clinical microbiology. 37(11): 3767-3768.

Narita M., Kawamura H., Shirai J. & Haritani M. (1987). Morphologic study of inclusions in tissues from pigs inoculated with cytomegalovirus. American journal of veterinary research. 48(9): 1398-1402

Mueller N.J., Livingston C., Knosalla C., Barth R.N., Yamamoto S., Gollackner B., Dor F. J., Buhler L., Sachs D.H. & Yamada K. (2004). Activation of porcine cytomegalovirus, but not porcine lymphotropic herpesvirus, in pig-to-baboon xenotransplantation. The Journal of infectious diseases. 189: 1628-1633.

Liu X., Liao S., Zhu L., Xu Z. & Zhou Y. (2013). Molecular epidemiology of porcine cytomegalovirus (PCMV) in Sichuan Province, China: 2010-2012. PloS one. 8(6).

Widen F., Goltz M., Wittenbrink N., Ehlers B., Banks M. & Belak S. (2001b). Identification and sequence analysis of the glycoprotein B gene of porcine cytomegalovirus. Virus genes. 23: 339-346.

Yoon K.J. & Edington N.W. (2006). Cytomegalovirus. In Straw BE, Allaire SD, Mengeling WL, editors. Diseases of swine. Oxford: Blackwell Publishing. pp. 323-329

Yoon K.J., Henry S.C., Zimmerman J.J. & Platt K.B. (1996). Isolation of porcine cytomegalovirus from a swine herd with PRRS. Veterinary medicine (1985) (USA).