

XÁC ĐỊNH VÀ ĐÁNH GIÁ ĐỘ TƯƠNG ĐỒNG VỀ ĐẶC ĐIỂM DI TRUYỀN HỌC PHÂN TỬ CỦA GENOTYPE CỦA CPV-2 GÂY BỆNH VIÊM RUỘT TRÊN CHÓ TẠI TỈNH TIỀN GIANG

Nguyễn Thị Yến Mai^{1,2}, Trần Ngọc Bích²,
Trần Văn Thanh¹, Huỳnh Thị Hồng Phương³

TÓM TẮT

Canine Parvovirus type 2 (CPV-2) là một tác nhân gây bệnh quan trọng của chó nhà và chó hoang dã và đã lan rộng trên toàn thế giới kể từ khi nó xuất hiện vào những năm 1970, là một trong những mầm bệnh chủ yếu gây bệnh viêm ruột trên chó nuôi. Mặc dù gần đây có một vài nghiên cứu về sự lưu hành của CPV-2 tại Việt Nam, nhưng thông tin về đặc điểm di truyền học phân tử của các genotype của CPV-2 hiện nay vẫn còn rất hạn chế. Để kiểm tra và đánh giá mức tương đồng về đặc điểm di truyền học phân tử của các genotype của CPV-2 lưu hành trên đàn chó, gen VP2 của 40 mẫu bệnh phẩm *Canine Parvovirus* tại tỉnh Tiền Giang được thu nhận và giải trình tự bằng phương pháp Sanger trên hệ thống ABI 3130 (Mỹ) và kiểm tra trình tự thu nhận được bằng phần mềm BioEdit.

Kết quả đối chiếu 40 genotype của CPV-2 nghiên cứu với genotype của CPV-2 ban đầu cho thấy có 39 genotype của CPV-2 có sự đột biến đồng nhất tại 4 vị trí nucleotide trên bộ gen của CPV-2 ở các vị trí 2773T, 2816C, 3790G và 3792A, được xác định là genotype CPV-2c; chỉ có 1 genotype của CPV-2 trong nghiên cứu này có sự đột biến tại 3 vị trí nucleotide trên bộ gen của CPV-2 ở các vị trí số 2773T, 2816C và 2817C, được xác định là genotype CPV-2a. Chọn lựa 8 genotype CPV-2c và CPV-2a trong nghiên cứu có kết quả rõ, đẹp và đối chiếu với genotype CPV-2c và CPV-2a trên mẫu tham chiếu thấy có sự tương đồng về thành phần nucleotide và amino acid; đồng thời có sự tương đồng cao về đặc điểm di truyền học phân tử giữa các genotype của CPV-2 nghiên cứu tại tỉnh Tiền Giang với nhau; với các genotype trên Ngân hàng gen (GenBank, NCBI), với các genotype trong các vaccine trên Ngân hàng gen.

Từ khóa: Chó, *Parvovirus*, VP2, CPV-2, đột biến, Tỉnh Tiền Giang.

Determination and evaluation on the homogeneity of molecular genetic characteristics of CPV-2 genotypes caused acute gastroenteritis in dogs in Tien Giang province

Nguyễn Thị Yến Mai, Trần Ngọc Bích,
Trần Văn Thanh, Huỳnh Thị Hồng Phương

SUMMARY

Canine Parvovirus, type 2 (CPV-2) is an important causative agent of the domestic and wild dogs and has been spreading in the worldwide since its appearance in the 1970s and it is one of the main pathogens causing acute gastroenteritis in dogs. Although there were a few recent studies on the circulation of CPV-2 conducted in Viet Nam, but the information on molecular genetic characteristics of CPV-2 genotypes was very limited. To determine and evaluate the

¹ Trường Cao đẳng Nông nghiệp Nam Bộ

² Trường Đại học Cần Thơ

³ Công ty TNHH MTV BIOCHEM

homogeneity of molecular genetic characteristics of CPV-2 genotypes circulating in dogs, VP2 gene of 40 samples of *Canine Parvovirus* in Tien Giang province was collected and sequenced by Sanger method on ABI 3130 system (USA) and checked the receiving sequence by BioEdit software.

The result of comparing 40 studied CPV-2 genotypes with the initial CPV-2 genotypes showed that there were 39 CPV-2 genotypes having homogeneous mutation in 4 nucleotide positions on the gene of CPV-2 at the sites (2773T, 2816C, 3790G and 3792A) determined as CPV-2c genotype. There was only one genotype of CPV-2 in this study having mutation in 3 nucleotide locations on the gene of CPV-2 at the sites (2773T, 2816C and 2817C) determined as CPV-2a genotype. The result of comparing 8 selected CPV-2c and CPV-2a genotypes in this study with the reference CPV-2c and CPV-2a genotypes showed that there was the high similarity level on nucleotide and amino acid composition as well as the high similarity level on the molecular genetic characteristics among the studied CPV-2 genotypes in Tien Giang province; with the CPV-2 genotypes on the GenBank, with CPV-2 genotypes in vaccines on the GenBank of NCBI.

Keywords: *Parvovirus*, VP2, CPV-2, mutation, Tien Giang province.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Canine parvovirus (CPV) lần đầu tiên được ghi nhận vào những năm 1970 và kể từ đó nó đã được biết là một tác nhân gây bệnh đường ruột của chó trên toàn thế giới (Appel *et al.*, 1979). Kể từ khi xuất hiện, CPV-2 đã gây ra đại dịch, bệnh có dấu hiệu viêm ruột nặng, sự lây nhiễm đặc biệt là ở chó con. CPV-2 phát triển nhanh chóng, có nhiều biến dị di truyền và kháng nguyên đã được báo cáo lưu hành trên toàn thế giới (Miranda *et al.*, 2016). Con đường lây nhiễm chính là qua đường miệng, thông qua tiếp xúc với phân của những con chó bị nhiễm bệnh. Các dấu hiệu lâm sàng bao gồm thiếu máu, buồn nôn, nôn mửa và tiêu chảy phân có lẫn máu (Decaro và Buonavoglia, 2012).

Trong nghiên cứu này, bằng phương pháp sinh học phân tử giải mã và phân tích trình tự gen VP2, chúng tôi đã xác định có sự lưu hành của genotype CPV-2c và CPV-2a tại tỉnh Tiền Giang, Việt Nam.

Qua ghi nhận thực tế cho đến nay (năm 2019), các genotype CPV-2c và CPV-2a đã được khẳng định là có lưu hành ở Việt Nam (Nguyễn Văn Dũng và cs., 2018, Keovongphet Phuthavong và cs., 2018) nhưng những thông tin về đặc điểm di truyền học phân tử của các genotype của CPV-2 gây bệnh viêm ruột trên

chó còn nhiều hạn chế, đặc biệt là ở tỉnh Tiền Giang. Do đó mục tiêu của nghiên cứu này là phân tích kết quả giải trình tự và đánh giá độ tương đồng về đặc điểm di truyền học phân tử của các genotype của CPV-2 gây bệnh viêm ruột trên chó tại tỉnh Tiền Giang với các genotype của CPV-2 trên Ngân hàng gen (NCBI).

II. NỘI DUNG, NGUYÊN LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Nội dung

- Xác định genotype của CPV-2 lưu hành trên chó nuôi tại tỉnh Tiền Giang;
- Đánh giá độ tương đồng về đặc điểm di truyền học phân tử các genotype CPV-2 gây bệnh viêm ruột trên chó tại tỉnh Tiền Giang với các genotype CPV-2 trên Ngân hàng gen (NCBI).

2.2 Vật liệu

- Mẫu phân của 40 con chó có triệu chứng ói, tiêu chảy, phân lẫn máu;
- 40 kit *Canine Parvovirus* Ag Test của công ty Bionote (Mỹ);
- Môi dùng trong phản ứng PCR khuếch đại vùng gen VP2 có kích thước 1710 bp (Gurpreet Kaur, 2015)

GMCOMF(5'-GGTCAACCTGCTGTCA-GAAA-3')

GMCOMR (5'-AGGTGCTAGTTGAGA-TTTTTCAT-3')

- Kít ly trích, hóa chất, bộ tách chiết DNA (GeneAll của Hàn Quốc), thang chuẩn DL.2000

(Bulldog, USA), Phusa loading dye (6X), Master mix (Phù Sa, Việt Nam);

- Trình tự gen của các genotype CPV-2 trong đề tài;

- Trình tự các genotype của CPV-2 tham khảo từ Ngân hàng gen (NCBI).

Bảng 1. Trình tự các genotype của CPV-2 tham khảo từ Ngân hàng gen được sử dụng

TT	Ký hiệu mẫu	Quốc gia	Năm phân lập	Genotype	Số đăng ký trên Ngân hàng gen
1	T37	Đài Loan	1996	CPV-2a	U72698
2	LCP VT1	Đài Loan	2001	CPV-2a	AB504214
3	Taiwan 9	Đài Loan	2001	CPV-2a	AB504213
4	DH42	Hàn Quốc	2008	CPV-2a	EF599096
5	UY243	Uruguay	2014	CPV new 2a	KM457102
6	UY364	Uruguay	2014	CPV new 2a	KM457143
7	CPV-SD-14-12	Trung Quốc	2015	CPV-2c	KR611522
8	YANJI-1	Trung Quốc	2015	CPV-2c	KP749854
9	CPV/CN/HB3/2013	Trung Quốc	2016	CPV-2a	KR002794
10	CPV/CN/JL1/2013	Trung Quốc	2016	CPV-2a	KR002795
11	CPV-GX1581	Trung Quốc	2015	CPV-2c	MF467242
12	CPV/dog/HCM//8/2013	Việt Nam	2017	CPV-2c	LC216907
13	CPV/dog/HCM//7/2013	Việt Nam	2017	CPV-2c	LC214969
14	VAC_P Vanguard	Thái Lan	2010	CPV-2	GU212791
15	Intervet vaccine	Đài Loan	2009	CPV-2	FJ011098
16	Merial vaccine	Đài Loan	2009	CPV-2	FJ011097

Nguồn: GenBank database (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

2.3. Phương pháp nghiên cứu

- **Thu thập mẫu:** Chọn 40 mẫu phân từ 40 cá thể chó có kết quả dương tính rõ với CPV-2.

- **Ly trích DNA virus và PCR:** DNA virus được ly trích theo quy trình của bộ kit Gene All (theo hướng dẫn của nhà sản xuất). Sau đó khuếch đại vùng gen VP2 bằng phương pháp PCR với cặp mồi đã nêu như trên. Chu kỳ nhiệt của PCR như sau: 95°C trong 5 phút; 35 chu kỳ với 95°C trong 30 giây, 58°C trong 30 giây và 72°C trong 2 phút; kết thúc với bước kéo dài ở 72°C trong 10 phút. Sản phẩm của phản ứng PCR (1710bp) được kiểm tra bằng phương pháp

điện di trên agarose 2%. Tinh sạch sản phẩm PCR dùng cho việc phân tích trình tự nucleotide bằng kit GeneAll (Hàn Quốc).

- Giải trình tự gen VP2:

Thực hiện phản ứng PCR giải trình tự 8 mẫu sản phẩm DNA (sản phẩm của PCR đã tinh sạch) với thành phần gồm: 0,5µl BigDye Terminator kit, 1,75 µl Sequencing Buffer 5X, 1 µl mồi VP2 GMCOMF hoặc VP2 GMCOMR (5 pmol/µl), thêm nước cất 2 lần đủ 10 µl. Đặt eppendorf 0,2 ml chứa mẫu vào máy luân nhiệt PCR T100 (Biorad, Mỹ) và thiết lập chu kỳ nhiệt như sau: 95°C trong 5 phút; 35 chu kỳ với 95°C trong 10

giây, 52°C trong 15 giây và 60°C trong 4 phút; kết thúc với bước kéo dài ở 4°C trong vô hạn. Giải mã trình tự gen VP2 bằng phương pháp Sanger trên hệ thống ABI 3130 (Mỹ).

Sau khi giải trình tự các mẫu nghiên cứu, các trình tự hoàn chỉnh sẽ được đọc và xử lý trong phần mềm BioEdit 7.0.5.3, file này chứa ít nhất 1 trình tự đại diện cho mỗi type và gồm tất cả các genotype của CPV-2 (CPV-2a, CPV-2b, CPV-2c), các genotype CPV-2 gốc và các genotype CPV-2 gần đây được thu thập từ Ngân hàng gen (NCBI).

- **Chỉ tiêu theo dõi:** Xác định và đánh giá độ tương đồng về đặc điểm di truyền học phân

tử các genotype CPV-2 gây bệnh viêm ruột trên chó tại tỉnh Tiền Giang với các genotype của CPV-2 trên Ngân hàng gen (NCBI), với các genotype của CPV-2 trong các vacxin trên Ngân hàng gen (NCBI).

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả giải trình tự

Trình tự các genotype của CPV-2 của nghiên cứu này được đối chiếu với trình tự nucleotide của các genotype của CPV-2 tham chiếu trên Ngân hàng gen (NCBI). Kết quả được trình bày ở bảng 2.

Bảng 2. Kết quả giải trình tự genotype của CPV-2 gây bệnh trên chó

TT	Mã trình tự tham chiếu	Vị trí nucleotide					Type CPV-2
		2773	2816	2817	3790	3792	
1	EU659116.1	A	T	T	A	T	CPV-2
2	EU310373.2	T	C	C	A	T	CPV-2a
3	JF414822.1	T	C	T	G	A	CPV-2c
4	JQ743893.1	T	C	C	G	T	CPV-2b
5	AB054216.1	T	C	T	A	T	CPV-new 2a
6	AB120722.	T	C	T	G	T	CPV-new 2b
TT	Genotype nghiên cứu						
1	TG01	T	C	T	G	A	CPV-2c
2	TG02	T	C	T	G	A	CPV-2c
3	TG03	T	C	T	G	A	CPV-2c
4	TG04	T	C	T	G	A	CPV-2c
5	TG05	T	C	T	G	A	CPV-2c
6	TG10	T	C	T	G	A	CPV-2c
7	TG32	T	C	T	G	A	CPV-2c
8	TG37	T	C	T	G	A	CPV-2c
9	TG39	T	C	T	G	A	CPV-2c
10	TG40	T	C	T	G	A	CPV-2a
11	TG45	T	C	T	G	A	CPV-2c
12	TG59	T	C	T	G	A	CPV-2c
13	TG62	T	C	T	G	A	CPV-2c
14	TG64	T	C	T	G	A	CPV-2c
15	TG161	T	C	T	G	A	CPV-2c

16	TG162	T	C	T	G	A	CPV-2c
17	TG164	T	C	T	G	A	CPV-2c
18	TG166	T	C	T	G	A	CPV-2c
19	TG172	T	C	T	G	A	CPV-2c
20	TG179	T	C	T	G	A	CPV-2c
21	T3-143	T	C	T	G	A	CPV-2c
22	T2-244	T	C	T	G	A	CPV-2c
23	T1-332	T	C	T	G	A	CPV-2c
24	TG167	T	C	T	G	A	CPV-2c
25	TG169	T	C	T	G	A	CPV-2c
26	TG170	T	C	T	G	A	CPV-2c
27	TG216	T	C	T	G	A	CPV-2c
28	TG327	T	C	T	G	A	CPV-2c
29	TG379	T	C	T	G	A	CPV-2c
30	TGT02	T	C	T	G	A	CPV-2c
31	TG4-12	T	C	T	G	A	CPV-2c
32	TG4-17	T	C	T	G	A	CPV-2c
33	TG3-147	T	C	T	G	A	CPV-2c
34	TG3-107	T	C	T	G	A	CPV-2c
35	TG1-338	T	C	T	G	A	CPV-2c
36	TG1-336	T	C	T	G	A	CPV-2c
37	TG1-334	T	C	T	G	A	CPV-2c
38	TG1-331	T	C	T	G	A	CPV-2c
39	TG2-223	T	C	T	G	A	CPV-2c
40	TG2-264	T	C	T	G	A	CPV-2c

Kết quả đối chiếu 40 genotype nghiên cứu so với genotype của CPV-2 tham chiếu cho thấy có 39 genotype có sự đồng nhất tại 4 vị trí nucleotide trên bộ gen của CPV-2 là tại vị trí số 2773, 2816, 3790 và 3792. Cụ thể như sau: tại vị trí nucleotide 2773 của bộ gen CPV-2 là Adenine (A), nhưng tại vị trí này trên bộ gen của genotype nghiên cứu đột biến là Thymine (T). Tại vị trí nucleotide 2816 của bộ gen CPV-2 là T, nhưng tại vị trí này trên bộ gen của genotype nghiên cứu đột biến là Cytosine (C). Tại vị trí nucleotide 3790 của bộ gen CPV-2 là A, nhưng tại vị trí này trên bộ gen của genotype nghiên cứu đột biến là Guanine (G). Tại vị trí nucleotide

3792 của bộ gen CPV-2 là T, nhưng tại vị trí này trên bộ gen của genotype nghiên cứu đột biến là A. Với kết quả đối chiếu như trên, 39 genotype này được xác định là genotype CPV-2c. Đối chiếu genotype CPV-2c nghiên cứu với genotype CPV-2c mẫu tham chiếu có sự đồng nhất về trình tự và số lượng các nucleotide.

Duy nhất chỉ có 1 genotype nghiên cứu có sự đột biến tại 3 vị trí nucleotide trên bộ gen của CPV-2 tham chiếu là tại vị trí nucleotide số 2773, 2816 và 2817. Cụ thể như sau: tại vị trí nucleotide 2773 của bộ gen CPV-2 là Adenine (A), nhưng tại vị trí này trên bộ gen

của genotype nghiên cứu đột biến là Thymine (T). Tại vị trí nucleotide 2816 của bộ gen CPV-2 là T, nhưng tại vị trí này trên bộ gen của genotype nghiên cứu đột biến là Cytosine (C). Và tại vị trí nucleotide 2817 của bộ gen CPV-2 là T, nhưng tại vị trí này trên bộ gen của genotype nghiên cứu đột biến là Cytosine

(C). Genotype nghiên cứu đột biến với 3 vị trí nucleotide trên được xác định là genotype CPV-2a. Đối chiếu genotype CPV-2a nghiên cứu với genotype CPV-2a mẫu tham chiếu có sự đồng nhất về trình tự và số lượng các nucleotide. Tỷ lệ các genotype của CPV-2 được trình bày qua bảng 3.

Bảng 3. Kết quả xác định genotype của CPV-2 gây bệnh trên chó

Genotype CPV-2	Số mẫu xét nghiệm	Số mẫu dương tính	Tỷ lệ (%)
CPV -2a	40	1	2,
CPV -2b	40	0	0
CPV -2c	40	39	97,5
New CPV-2a	40	0	0
New CPV-2b	40	0	0
(P<0,001)			

Bảng 3 cho thấy genotype CPV-2c chiếm tỷ lệ 97,5%, CPV-2a chiếm 2,5% và chưa phát hiện genotype CPV-2b, new CPV-2a và new CPV-2b. Sự khác biệt này có ý nghĩa thống kê ($P<0,001$). Kết quả cho thấy genotype chính đang lưu hành và gây bệnh viêm ruột trên chó trong địa bàn nghiên cứu tại tỉnh Tiền Giang là genotype CPV-2c.

Kết quả xác định và đánh giá độ tương đồng về đặc điểm di truyền học phân tử các genotype của CPV-2 gây bệnh viêm ruột trên chó với các genotype của CPV-2 trên Ngân hàng gen (NCBI), với các genotype của CPV-2 trong các vaccin trên Ngân hàng gen (NCBI) thể hiện ở bảng 4, 5, 6 và 7.

Kết quả ở các bảng này cho thấy sự tương đồng cao về nucleotide giữa 8 genotype của CPV-2 trong nghiên cứu với nhau (tỷ lệ tương

đồng là 98,7 - 100%), với các genotype của CPV-2 trên Ngân hàng gen (98,4 - 100%) và các genotype của CPV-2 trong vaccin thực địa (97,1 - 98%). Sự tương đồng về thành phần amino acid của 8 genotype này cũng rất cao (98,1-100%) và với genotype của CPV-2 trong vaccin thực địa (tỷ lệ tương đồng là 96,3-97,7%). Bên cạnh đó, khi xem xét thành phần amino acid của genotype CPV-2a (TG40) với các genotype CPV-2a và CPV-2c trên Ngân hàng gen cũng thấy sự khác biệt không đáng kể, lần lượt là 99,2 - 99,8% và 98,1 - 99,8%. Giữa các genotype CPV-2a và CPV-2c có những điểm khác biệt nhất định về thành phần nucleotide, tuy vậy, chúng không ảnh hưởng nhiều đến sự biến đổi về amino acid, điều này phù hợp với nghiên cứu của Hoang *et al.* (2019).

Bảng 4. Tỷ lệ tương đồng (%) về nucleotide của gen VP2 của 8 genotype phân lập từ Tiên Giang với các genotype trên thế giới

Genotype khảo sát	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
TG32		100.0	99.8	99.1	99.7	99.6	99.3	99.6	99.0	99.0	99.7	99.7	99.8	99.1	99.0	99.1	99.1	99.1	99.1	99.0	98.9
TG37			99.8	99.1	99.7	99.6	99.3	99.6	99.0	99.0	99.7	99.7	99.8	99.1	99.0	99.1	99.1	99.1	99.1	99.0	98.9
TG39				99.2	99.8	99.6	99.5	99.8	99.2	99.2	99.9	99.9		99.1	99.1	99.2	99.3	99.1	99.1	99.1	98.9
TG40					99.1	98.9	98.7	99.2	98.4	98.4	99.2	99.2	99.2	99.5	99.4	99.9	99.9	99.5	99.5	99.4	99.3
TG45						99.7	99.3	99.6	99.0	99.0	99.7	99.7	99.8	98.9	98.9	99.1	99.1	98.9	98.9	98.9	98.7
TG62							99.1	99.4	98.9	98.9	99.6	99.6	99.6	98.7	98.7	98.9	98.9	98.7	98.7	98.7	98.5
TG172								99.3	98.7	98.7	99.4	99.4	99.5	98.6	98.5	98.7	98.8	98.6	98.6	98.5	98.4
TG179									99.0	99.0	99.7	99.7	99.8	99.1	99.0	99.2	99.2	99.1	99.1	99.0	98.9

Ghi chú: Các genotype CPV dùng trong so sánh: 1-TG32, 2-TG37, 3-TG39, 4-TG40, 5-TG45, 6-TG62, 7-TG172, 8-TG179, 9-CPV-SD-14-12 (Korea), 10-YANJIL-1 (China), 11-CPV/dog/HCM/8/2013 (Việt Nam), 12-CPV/dog/HCM/7/2013 (Việt Nam), 13-CPV-GX1581 (China), 14-CPV/CN/HB3/2013 (China), 15-CPV/CN/JL1/2013 (China), 16- UY364 (Uruguay), 17-UY243 (Uruguay), 18-DH426 (Korea), 19- T37 (Taiwan), 20-LCPV_T1 (Taiwan), 21- Taiwan_9 (Taiwan).

Bảng 5. Tỷ lệ tương đồng (%) về nucleotide của gen VP2 của 8 genotype phân lập từ Tiên Giang với các loại vacxin V1, V2 và V3

Genotype khảo sát	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
TG32		100.0	99.8	99.1	99.7	99.5	99.3	99.6	97.6	97.6	97.6
TG37			99.8	99.1	99.7	99.5	99.3	99.6	97.6	97.6	97.6
TG39				99.2	99.8	99.6	99.5	99.8	97.7	97.6	97.7
TG40					99.1	98.8	98.7	99.2	98.0	97.9	98.0
TG45						99.6	99.3	99.6	97.5	97.4	97.5
TG62							99.1	99.4	97.4	97.4	97.4
TG172								99.3	97.2	97.1	97.2
TG179									97.6	97.6	97.6

Ghi chú: 1-TG32, 2-TG37, 3-TG39, 4-TG40, 5-TG45, 6-TG62, 7-TG172, 8-TG179, 9-Intervet Vaccine, 10-Merial Vaccine, 11-VAC P Vanguard Vaccine

Bảng 6. Tỷ lệ tương đồng về amino acid (%) của 8 genotype phân lập từ Tiền Giang với các genotype trên thế giới

Genotype khảo sát	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
TG32		100.0		98.9	99.8	99.6	98.3	99.6	98.9	98.9	98.9	98.9	99.0	99.0	99.0	99.0	99.0	98.9	99.6	99.6	99.0
TG37			99.6	98.9	99.8	99.6	98.3	99.6	98.9	98.9	98.9	98.9	99.0	99.0	99.0	99.0	99.0	98.9	99.6	99.6	99.0
TG39				99.2	99.8	99.6	98.7	100.0	99.2	99.2	99.2	99.2	99.4	99.4	99.4	99.4	99.4	99.2	100.0	100.0	99.4
TG40					99.0	98.9	98.1	99.2	99.2	99.2	99.2	99.2	99.8	99.8	98.7	98.7	99.4	99.2	99.2	99.2	99.8
TG45						99.8	98.5	99.8	99.0	99.0	99.0	99.0	99.2	99.2	99.2	99.2	99.2	99.0	99.8	99.8	99.2
TG62							98.3	99.6	98.9	98.9	98.9	98.9	99.0	99.0	99.0	99.0	99.0	98.9	99.6	99.6	99.0
TG172								98.7	97.9	97.9	97.9	97.9	98.1	98.1	98.1	98.1	98.1	97.9	98.7	98.7	98.1
TG179									99.2	99.2	99.2	99.2	99.4	99.4	99.4	99.4	99.4	99.2	100.0	100.0	99.4

Ghi chú: Các genotype CPV dùng trong so sánh: 1-TG32, 2-TG37, 3-TG39, 4-TG40, 5-TG45, 6-TG62, 7-TG172, 8-TG179, 9-CPV-SD-14-12 (Korea), 10-YANJH-1 (China), 11-CPV/dog/HCM8/2013 (Việt_Nam), 12-CPV/dog/HCM7/2013 (Việt_Nam), 13-CPV-GX1581 (China), 14-CPV/CN/HB3/2013 (China), 15-CPV/CN/JL1/2013 (China), 16- UY364 (Uruguay), 17-UY243 (Uruguay), 18-DH426 (Korea), 19- T37 (Taiwan), 20-LCPV_T1 (Taiwan), 21- Taiwan_9 (Taiwan).

Bảng 7. Tỷ lệ tương đồng về amino acid (%) của 8 genotype phân lập từ Tiền Giang với các loại vaccin V1, V2 và V3

Genotype khảo sát	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
TG32		100.0	99.6	98.9	99.8	99.4	98.3	99.6	97.3	97.1	97.3
TG37			99.6	98.9	99.8	99.4	98.3	99.6	97.3	97.1	97.3
TG39				99.2	99.8	99.4	98.7	100.0	97.7	97.5	97.7
TG40					99.1	98.7	98.1	99.2	97.7	97.5	97.7
TG45						99.6	98.5	99.8	97.5	97.3	97.5
TG62							98.1	99.4	97.1	96.9	97.1
TG172								98.7	96.3	96.2	96.3
TG179									97.7	97.5	97.7

Ghi chú: 1-TG32, 2-TG37, 3-TG39, 4-TG40, 5-TG45, 6-TG62, 7-TG172, 8-TG179, 9-Intervet Vaccine, 10-Merial Vaccine, 11-VAC P Vanguard Vaccine.

IV. KẾT LUẬN

Kết quả xác định 40 genotype CPV-2 ở Tiền Giang cho thấy genotype chính lưu hành là genotype CPV-2c.

Có 39 genotype nghiên cứu có sự đột biến tại 4 vị trí nucleotide, được xác định là CPV-2c (chiếm tỷ lệ 97,5%), và 1 genotype có sự đột biến tại 3 vị trí nucleotide, được xác định là CPV-2a (chiếm tỷ lệ 2,5%), chưa phát hiện genotype CPV-2b, new CPV-2a, new CPV-2b.

Có sự tương đồng cao về đặc điểm di truyền học phân tử giữa 8 genotype của CPV-2 nghiên cứu với nhau, với các genotype trên Ngân hàng gen (NCBI), với các genotype trong các vacxin trên Ngân hàng gen (NCBI).

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Nguyễn Văn Dũng, Phạm Xuân Thảo, Vũ Kim Chiến, Ken Maeda, 2018. Dịch tễ học phân tử *Parvovirus* trên chó nuôi tại thành phố Hồ Chí Minh. *Tạp chí Khoa học kỹ thuật Thú y, tập XXV, số 4*: 12 – 16
2. Keovongphet Phuthavong, 2018. *Khảo sát tình hình bệnh do Parvovirus trên chó và xác định type virus gây bệnh tại Phòng thí nghiệm Bệnh xá Thú y thực hành tại trường đại học Cần Thơ*. Luận văn tốt nghiệp thạc sĩ thú y, Trường ĐH Cần Thơ.
3. Appel M J G, Scott F W and Carmichael L E, 1979. Isolation and immunization studies of canine parvo-like virus from dogs with haemorrhagic enteritis. *Veterinary Record* 105: 156-59.
4. Decaro, N. and Buonavoglia, C., 2012. *Canine parvovirus: a review of epidemiological and diagnostic aspects, with emphasis on type 2c*. *Vet. Microbiol.* 155: 1-12.
5. Gurpreet Kaur, 2015. Antigenic typing of canine Parvovirus using differential PCR. *Original article*, pp 481- 487.
6. Minh Hoang, Wei-Hao Lin, Van Phan Le, Bui Thi To Nga, Ming-Tang Chiou and Chao-Nan Lin, 2019. Molecular epidemiology of *Canine Parvovirus* type 2 in Vietnam from November 2016 to February 2018. *Virology Journal*. 2019. <https://doi.org/10.1186/s12985-019-1159-z>
7. Miranda, C., Parrish, C. R. and Thompson, G., 2016. Epidemiological evolution of *Canine parvovirus* in the Portuguese domestic dog population. *Vet. Microbiol.* 183: 37-42.
8. Nandi, S., Kumar, M., Mohapatra, T.K., Ravishankar, C., 2013. Emergence of *Canine Parvovirus-2* variants and its impact on vaccination. *World App. Sci. J.* 23 (10), 1366–1376.
9. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>.

Ngày nhận 7-1-2020

Ngày phản biện 30-1-2020

Ngày đăng 1-6-2020