

# PHÂN LẬP VÀ XÁC ĐỊNH ĐẶC TÍNH DI TRUYỀN CỦA VIRUS GÂY BỆNH CA-RÊ TRÊN CHÓ NUÔI TẠI THÀNH PHỐ HỒ CHÍ MINH

*Nguyễn Văn Dũng, Vũ Kim Chiến, Phan Xuân Thảo*

*Chi cục Chăn nuôi và Thú y Tp. Hồ Chí Minh*

## TÓM TẮT

Virus gây bệnh Ca-rê (CDV) là một trong những tác nhân gây bệnh nghiêm trọng trên nhiều loài thú ăn thịt, bao gồm cả chó nuôi. Trong nghiên cứu này, gen H của CDV được phát hiện trên 5 con chó nuôi bị bệnh tiêu chảy thuộc giống chó Việt Nam và hai trong số các chủng CDV phát hiện được phân lập thành công. Toàn bộ bộ gen của một chủng phân lập, CDV/dog/HCM/33/140816, đã được phân tích. Kết quả phân tích cây phát sinh dòng cho thấy các chủng CDV Việt Nam đều thuộc genotyp Asia-1. Hơn nữa, kết quả phân tích cho thấy mức tương đồng protein H của các chủng phân lập và của các chủng CDV từ Trung Quốc là khá cao (98,4% đến 99,3%). Kết quả của nghiên cứu này cũng cho thấy genotyp Asia-1 là genotyp chính đang lưu hành trên chó nuôi tại Thành phố Hồ Chí Minh và sự truyền lây của CDV qua biên giới giữa Việt Nam và Trung Quốc có thể đã xảy ra.

*Từ khóa:* chó, virus Ca-rê, phân lập, phân tích di truyền, Thành phố Hồ Chí Minh

## Isolation and genetic analysis of Canine distemper virus (CDV) in domestic dogs in Ho Chi Minh City, Viet Nam

*Nguyen Van Dung, Vu Kim Chien, Phan Xuan Thao*

## SUMMARY

CDV is one of the most serious pathogens found in many carnivorous animal species, including domestic dogs. In this study, H gene of CDV were detected in five domestic dogs, Viet Nameese breed, suffering with diarrhea. There were two, out of the identified CDVs from the positive dogs with H genes successfully isolated. The complete genome of one isolated virus, CDV/dog/HCM/33/140816, was determined. The result of phylogenetic analysis showed that all the Viet Nameese CDVs belonged to the Asia-1 genotype. In addition, the result of analyzing the isolated CDVs indicated the H proteins of Viet Nameese CDV strains were highly similar in comparison with those of the Chinese CDVs (98.4% to 99.3% identity). These results indicated that the Asia-1 genotype of CDV was the predominant genotype circulating among the domestic dog population in Ho Chi Minh City. It is indicated that transboundary transmission of CDVs may be occurred between Viet Nam and China.

*Keywords:* dogs, Canine distemper virus, isolation, genetic analysis, Ho Chi Minh City.

## I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Virus Ca-rê (CDV- Canine Distemper Virus) là một tác nhân truyền nhiễm gây bệnh Ca-rê (hay còn gọi là bệnh sài sốt chó non), CDV có thể gây bệnh trên nhiều loài động vật ăn thịt (Apple và ctv., 1994; Appel và ctv., 1995; Harder và ctv., 1996; Beineke và ctv., 2009). Trong thời gian gần đây, CDV đã được báo cáo gây nên những ổ dịch nghiêm trọng trên loài linh trưởng (khỉ) tại Trung Quốc và Nhật

Bản (Sakai và ctv., 2008; Qiu và ctv., 2011). CDV là một RNA virus, chuỗi đơn âm, thuộc họ *Paramyxoviridae*, chi *Morbillivirus*. Bộ gen của CDV mã hóa 6 protein cấu trúc (gồm: N, M, F, H, P và L) và 2 protein không cấu trúc (gồm: C và V). Gen H (mã hóa protein H) là một trong những gen biến đổi nhất được dùng để xác định mối liên hệ di truyền giữa các chủng (Gámiz và ctv., 2011). Hiện nay, có ít nhất 14 genotyp khác nhau đã được phát hiện gồm:

Asia-1, Asia-2, Asia-3, Asia-4, Europe, Europe wildlife, Arctic like, Rockborn like, America-1, America-2, Africa, South America-1, South America-2, South America-3. Mặc dù đã có báo cáo về phân lập được chủng virus Ca-rê thuộc genotyp America -1 tại Hà Nội (Lan và ctv., 2009), tuy nhiên, thông tin về CDV rất hạn chế tại Việt Nam, đặc biệt là tại Thành phố Hồ Chí Minh. Trong nghiên cứu này, CDV phát hiện, phân lập từ chó tiêu chảy được phân tích đặc tính di truyền.

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

### 2.1. Nội dung nghiên cứu

- Xác định genotyp của CDV gây bệnh trên chó nuôi dựa vào việc phân tích toàn bộ gen H

- Nuôi cấy phân lập và phân tích trình tự nucleotid bộ gen của chủng CDV phân lập được.

### 2.2. Nguyên liệu

**Mẫu dịch ngoáy (swab) trực tràng:** tổng cộng 43 mẫu swab trực tràng được thu thập từ chó bệnh tiêu chảy tại Thành phố Hồ Chí Minh. Tuổi của chó từ 2 tháng tuổi đến 3 năm tuổi. Mẫu swab được hòa tan trong 2ml dung dịch đệm PBS và được lọc qua màng lọc 0,22µm (Millipore, Ireland), bảo quản -80°C đến khi thí nghiệm.

### 2.3. Phương pháp nghiên cứu

- **Phân lập virus trên môi trường tế bào:** Virus được phân lập trên môi trường tế bào A72 có gắn thụ thể cSLAM (canine signaling lymphocyte activation molecule) - A72/cSLAM (Nakano và ctv., 2009). Tế bào được nuôi cấy trên môi trường DMEM (Dulbecco's minimum essential medium, Life Technologies, USA) chứa 10% FBS (Sigma-Aldrich, USA), 100 đơn vị/ml penicillin và 100 µg/ml streptomycin (Life Technologies, USA). Tế bào A72/cSLAM một lớp trong đĩa nuôi cấy 6 giếng được thêm vào dung dịch mẫu swab (sau khi đã lọc qua màng lọc) và được ủ 37°C với 5% CO<sub>2</sub>. Tế bào gây nhiễm được theo dõi, kiểm tra bệnh tích tế

bào (CPE- cytopathic effect) hàng ngày. Nếu không phát hiện bệnh tích tế bào, tiếp tục cấy truyền trong 5 lần. Virus phân lập được tinh sạch 3 lần trên tế bào CRFK (Crandell-Rees feline kidney) có gắn thụ thể cSLAM - CRFK/ cSLAM (Nakano và ctv., 2009).

### - Ly trích RNA virus và RT-PCR khuếch đại gen H

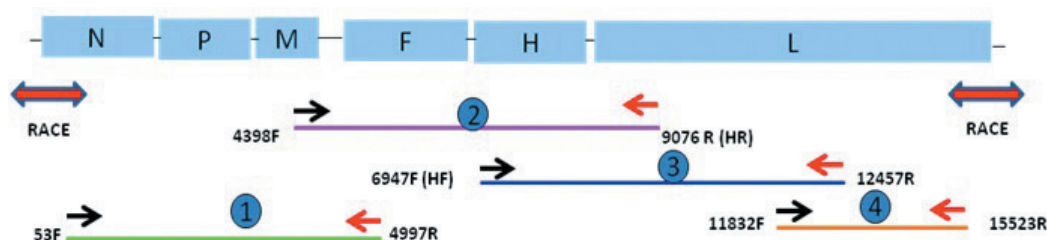
RNA virus được ly trích từ tế bào nhiễm CDV sử dụng RNeasy Mini Kit (Qiagen, Germany) và từ mẫu swab sử dụng Viral RNA Mini Kit (Qiagen). Để phát hiện toàn bộ gen H, phản ứng RT-PCR được thực hiện dựa trên bộ kit One step RT-PCR (Qiagen) với cặp mồi HF: 5'-AAC TTA GGG CTC AGG TAG TC-3' và HR :5'-AGA TGG ACC TCA GGG TAT AG-3' (Demeter và ctv., 2007). Chu kỳ nhiệt cho phản ứng RT-PCR gồm giai đoạn RT: 50°C trong 30 phút, 95°C trong 15 phút, tiếp theo là phản ứng PCR với 40 chu kỳ (94°C trong 30 giây, 55°C trong 30 giây, 72°C trong 1 phút) và giai đoạn kéo dài ở 72°C trong 10 phút, sau đó giữ ở 4°C. Sản phẩm khuếch đại có kích thước 2023bp được xác định dựa vào kỹ thuật điện di trên thạch agarose 0,8%.

### - Giải trình tự toàn bộ chiều dài gen H và toàn bộ hệ gen CDV

Để phân tích trình tự nucleotid toàn bộ chiều dài gen H, sản phẩm khuếch đại từ phản ứng RT-PCR được tinh sạch bằng bộ kit QIAquick PCR Purification Kit (Qiagen) và được giải trình tự trên máy tự động ABI PRISM 310 Genetic Analyzer auto sequencer (Applied Biosystems, USA) theo phương pháp đã được mô tả trước đây bởi Kamaeo và ctv. (2012). Để phân tích trình tự toàn bộ hệ gen CDV, chọn một chủng đại diện phân lập được sử dụng cho phân tích (CDV/dog/HCM/33/140816). Phản ứng PCR được thực hiện qua việc sử dụng bộ kit TaKaRa RNA LA PCRTM Kit (AMV) Ver. 1.1 (Takara, Nhật Bản) để khuếch đại toàn bộ hệ gen CDV với các cặp mồi : 53F, 5'-CTT AGG GTC AAT GAT CCT ACC-3' và 4977R, 5'-TGG AGG GGA TCT TGT AGG GT-3' (4,925 bp); 4398F,

5'-GTT ATC ATC AGC GAT GA TCAG -3' và 9076R, 5'-AGA TGG ACC TCAGGG TATAG-3' (4,679 bp); 6947F, 5'-AAC TTA GGG CTC AGG TAG TC-3' và 12457R, 5'-GGT TCC TTA ATG CTC TCG C-3' (5,511 bp); 11832F, 5'-GCA CCC ATA GGT GGT CTT AAT-3' và 15523R, 5'-GTC TCA AGT TGA AAG AGC CAA TTC-3' (3,692 bp). Sản phẩm PCR được

giải trình tự bằng việc sử dụng các cặp mồi đặc hiệu được thiết kế theo chiến lược lồng ghép (overlapping strategy). Vùng không phiên mã ở đầu 5' và 3' được giải trình tự bằng việc sử dụng 5' RACE System for Rapid Amplification of cDNA Ends, Version 2.0 (Invitrogen, USA) (hình 1).



**Hình 1.** Sơ đồ vị trí các cặp mồi sử dụng trong PCR khuếch đại toàn bộ hệ gen CDV

Trình tự nucleotid được lắp ráp và phân tích dựa vào phần mềm GENETYX® ver. 8 (Software Development Co., Nhật Bản).

- **Phân tích dữ liệu:** Xây dựng cây phát sinh dòng sử dụng phương pháp Neighbor-Joining với phần mềm MEGA 6.0 (Tamura và ctv., 2013). Giá trị Bootstrap được tính toán với 1.000 lặp lại. Trình tự amino acid được suy diễn từ trình tự nucleotid dựa vào phần mềm MEGA 6.

### III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

#### 3.1. Phát hiện và xác định genotype của CDV trên chó nuôi

Tổng cộng có 5 chủng CDV được khuếch đại toàn bộ chiều dài của gen H (1.824bp). Tất cả chó phát hiện nhiễm CDV ở lứa tuổi dưới một năm tuổi (bảng 1).

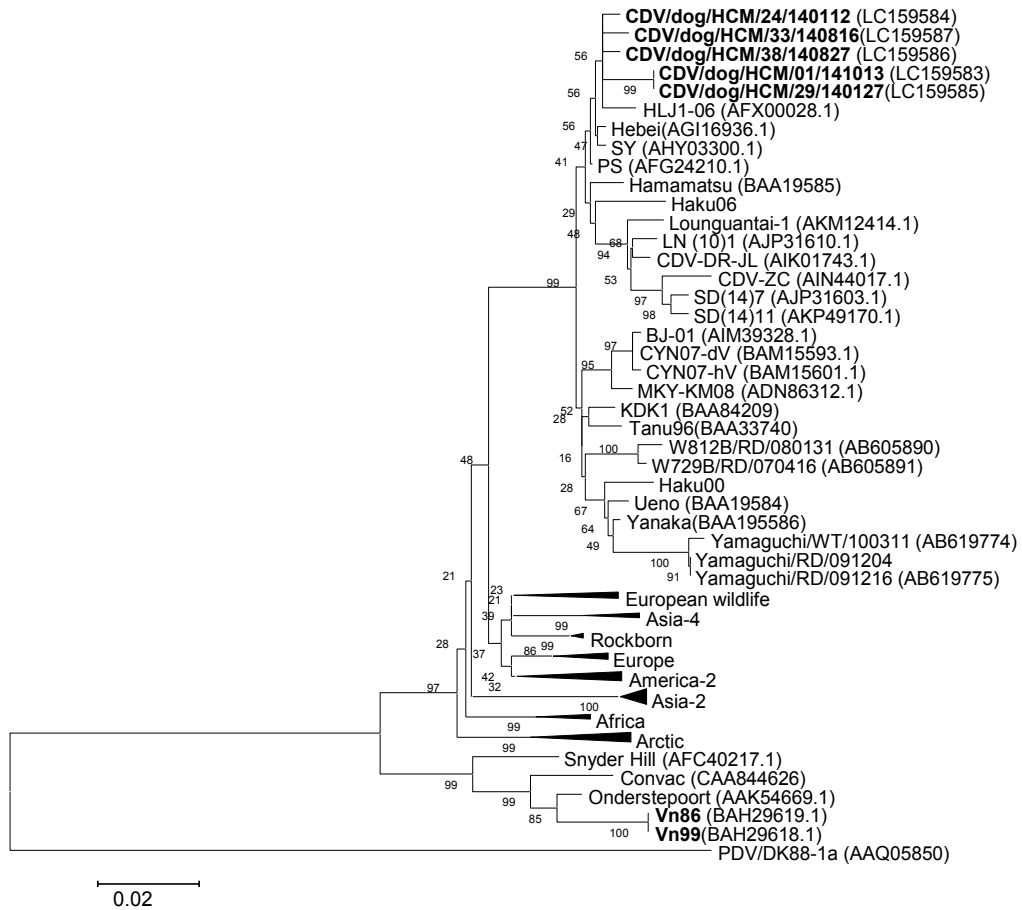
**Bảng 1.** Thông tin dịch tễ liên quan chó nuôi nhiễm CDV được phát hiện bằng RT-PCR (gen H)

| Chủng virus được phát hiện | Giống chó | Quận/huyện | Tuổi (tháng) | Giới tính | Triệu chứng bệnh             |
|----------------------------|-----------|------------|--------------|-----------|------------------------------|
| CDV/dog/HCM/01/141013      | Việt Nam  | Thủ Đức    | 8            | Đực       | Tiêu chảy, ho, tiết dịch mũi |
| CDV/dog/HCM/24/140112      | Việt Nam  | Quận 6     | 4            | Cái       | Tiêu chảy                    |
| CDV/dog/HCM/29/140127      | Việt Nam  | Quận 10    | 4            | Đực       | Tiêu chảy                    |
| CDV/dog/HCM/33/140816      | Việt Nam  | Bình Chánh | 5            | Cái       | Tiêu chảy                    |
| CDV/dog/HCM/38/140827      | Việt Nam  | Bình Tân   | 2            | Cái       | Tiêu chảy, ho                |

Các chủng phát hiện được đặt tên là CDV/dog/HCM/01/131018, CDV/dog/HCM/24/140112, CDV/dog/HCM/29/140127, CDV/dog/HCM/33/140816 và CDV/dog/HCM/38/140827. Qua phân tích cây phát sinh dòng cho thấy tất cả 5 chủng phát hiện trên chó

nuôi tại Thành phố Hồ Chí Minh thuộc genotyp Asia-1 (hình 2).

Mặc dù, bệnh Ca-rê đã được nhận biết từ những thập niên 1950 và vaccin phòng chống CDV cũng đã được nghiên cứu sản xuất để



**Hình 2. Xây dựng cây phát sinh dòng dựa vào trình tự nucleotid gen H của CDV phát hiện được**

phòng chống bệnh, tuy nhiên, CDV vẫn là một trong những mối đe dọa với nhiều loài động vật thuộc bộ ăn thịt. Nhiều ổ dịch Ca-rê đã xảy ra trên cả động vật nuôi và động vật hoang dã ở nhiều quốc gia (An và ctv., 2008; Liang và ctv., 2008; Chulakasian và ctv., 2010; Zhao và ctv., 2010; Qiu và ctv., 2011; Nagao và ctv., 2012; Guo và ctv., 2013; Yi và ctv., 2013; Espinal và ctv., 2014; Li và ctv., 2014; Cheng và ctv., 2015). Việc xác định genotyp của CDV dựa vào protein H và sự phân bố vùng địa lý của virus (Mochizuki và ctv., 1999; Martella và ctv., 2006). Tại Việt Nam, chỉ có genotyp America-1 đã được phát hiện trên chó nuôi (Lan và ctv., 2009). Trong nghiên cứu này, tất cả các chủng CDV phát hiện (5 chủng) đều được xác định thuộc genotyp Asia-1, điều này cho thấy

genotyp này là genotyp chính lưu hành trên chó nuôi tại Thành phố Hồ Chí Minh. Genotyp Asia-1 lần đầu được báo cáo trên chó nuôi ở Nhật Bản vào năm 1991 (Mochizuki và ctv., 1999). Sau đó, genotyp này lan rộng sang nhiều nước châu Á bao gồm Đài Loan năm 2003, Hàn Quốc năm 2001, Thái Lan năm 2013, Trung Quốc từ 2004- 2015. Gần đây, một số ổ dịch Ca-rê do genotyp Asia-1 gây chết cạp và khỉ ở Nhật Bản, Trung Quốc (Sakai và ctv., 2008; Nagao và ctv., 2012). Do đó, CDV vẫn còn là mối nguy cơ lớn đối với chó nuôi và các động vật mẫn cảm khác tại Việt Nam.

### 3.2. So sánh trình tự nucleotid của gen H phát hiện được với các chủng khác

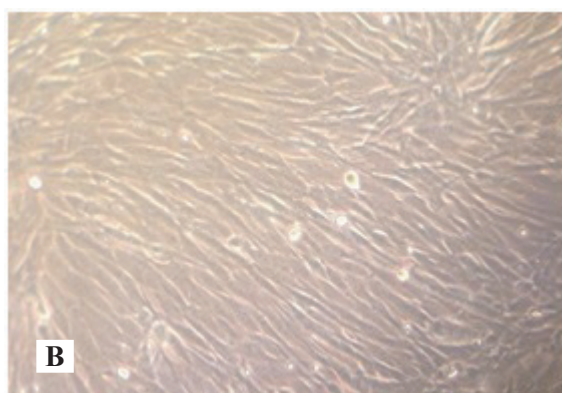
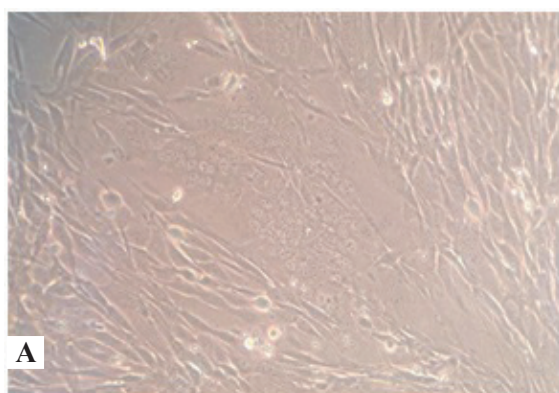
Trình tự nucleotid của gen H (1,824 nt,

607aa) đã được giải trình tự và đăng ký trên DNA database of Japan (DDBJ) (Accession numbers: LC159583, LC159584, LC159585, LC159586 and LC159587). Tất cả các chủng Việt Nam sở hữu Glycin (G) ở vị trí 530 (530G) và Tyrosine (Y) ở vị trí 549 (549Y) trong gen H. Đây là những vị trí nằm trong vùng kết hợp với thụ thể của tế bào (SLAM). Khi có sự thay đổi vị trí acid amin 530 trên gen H có thể dẫn đến thay đổi loài vật chủ nhiễm. Kết quả nghiên cứu cho thấy các chủng CDV phát hiện chưa có sự đột biến ở vị trí này. Các CDV sở hữu 549Y trên gen H được xác định thường nhiễm trên chó nuôi và 549H thường phát hiện nhiễm trên loài động vật hoang dã (Techangamsuwan và ctv., 2015). Kết quả nghiên cứu cho thấy, các chủng CDV phát hiện được trên chó có nguồn gốc không phải từ động vật hoang dã lây sang chó nuôi (chưa phát hiện sự lây nhiễm CDV từ động vật hoang dã sang chó nuôi). Tổng cộng có 9 vị trí glycosyl hóa trên gen H được bảo tồn tương tự như các chủng thuộc genotyp Asia-1. Mức độ tương đồng về acid amin trên gen H giữa các chủng phát hiện là 99%-100%, và giữa các chủng virus phát hiện được so với các chủng CDV thuộc genotyp Asia-1 khác là 96,5%-99,5%; với Asia-2 là 92,9% - 93,6%; với Asia-3 là 86,2% - 86,7%; với Asia-4 là 93,7%

- 94,8%; với America-1 là 89,6% - 91,4%; với America-2 là 93,9% - 96,2%; với Europe là 93,4% - 95,7%; với European wildlife là 94,1% - 95,4%; với Artic là 92,3% - 94,1%; Rockborn-like là 94,6% - 95,9%; với South America là 93,2% - 94,9%; với Africa là 93,9% - 94,7%. Hiện tại, các chủng CDV sử dụng trong vaccin phòng bệnh Ca-rê ở Việt Nam thuộc genotyp America-1 (Onderstepoort hoặc Lederle), trong khi đó các chủng đang lưu hành thuộc genotyp Asia-1 có mức độ tương đồng không cao (89,6% - 91,4%). Điều này có thể dẫn đến khả năng bảo vệ không thật sự hoàn hảo của vaccin hiện nay. Tuy nhiên, cần có nghiên cứu thí nghiệm *in vivo* để xác định hiệu quả của các vaccin sử dụng chủng thuộc genotyp America-1. Chủng phân lập được có thể là chủng tiềm năng trong việc nghiên cứu phát triển vaccin phòng bệnh CDV-genotyp Asia-1 đang lưu hành tại Việt Nam.

### 3.3. Phân lập và giải trình tự bộ gen virus phân lập được

Tổng cộng có 2 chủng CDV (CDV/dog/HCM/33/140816 và CDV/dog/HCM/38/140827) được phân lập thành công từ 5 chủng được phát hiện toàn bộ gen H với các bệnh tích điển hình là tế bào nhiễm tạo thể hợp bào (hình 3).



**Hình 3. Bệnh tích tế bào (CPE) do CDV tạo ra trên tế bào A72/cSLAM (A) với nhiều thể hợp bào (mũi tên) và tế bào đối chứng âm (B)**

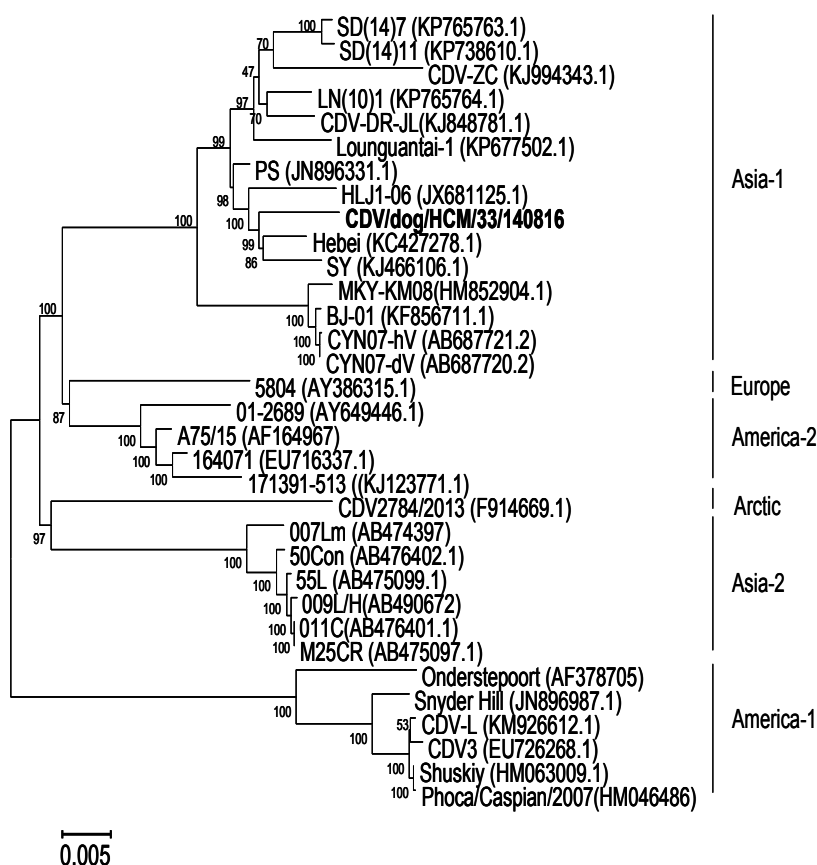
Để xác định toàn bộ bộ gen của CDV, chủng CDV/dog/HCM/33/140816 được lựa chọn

để phân tích sau khi thực hiện 3 lần tinh sạch virus. Kết quả phân tích cho thấy bộ gen CDV

chủng CDV/dog/HCM/33/140816 có chiều dài 15.690 nucleotid, chứa 6 gen cấu trúc lần lượt gồm : 3'-N-P-M-F-H-L-5'. Vị trí các khung đọc mở (ORF) của gen N, P, M, F, H và L tại các vị trí nucleotid 108 đến 1,679, 1,081 đến 3,324, 3,432 đến 4,439, 4,935 đến 4,623, 7,079 đến 8,902 và 9,030 đến 15,584. So sánh mức độ tương đồng toàn bộ gen giữa chủng CDV/

dog/HCM/33/140816 và các chủng khác trên Genbank từ 92,4% đến 98,7%, tương đồng cao với chủng Hebei được phát hiện tại Trung Quốc (bảng 2).

Kết quả phân tích cây phát sinh dòng cho thấy chủng CDV/dog/HCM/33/140816 có quan hệ gần gũi với các chủng CDV từ Trung Quốc như Hebei, SY, PS và HLJ1-06 (hình 4).



**Hình 4. Xây dựng cây phát sinh dòng dựa vào trình tự nucleotid của toàn bộ gen CDV của virus phân lập được (CDV/dog/HCM33/140816)**

Kết quả cho thấy có thể có sự truyền lây qua biên giới giữa Trung Quốc và Việt Nam. Do đó, ngoài công tác kiểm soát các bệnh nguy hiểm khác trên chó như bệnh dại, thì bệnh Ca-rê cũng cần được lưu ý trong kiểm soát qua biên giới và đây cũng là bệnh bắt buộc phải kiểm dịch động vật theo qui định hiện nay.

#### IV. KẾT LUẬN

- Các chủng CDV (5 chủng) phát hiện được phân tích toàn bộ gen H, cho thấy đều thuộc genotyp Asia-1, như vậy genotyp Asia-1 là genotyp chính đang lưu hành trên chó nuôi tại Thành phố Hồ Chí Minh.

**Bảng 2. So sánh mức độ tương đồng nucleotid của chủng CDV/dog/HCM/140816 với các chủng CDV khác**

| Chủng/genotype     | Accession No | Quốc gia   | Loại/Năm         | Mức độ tương đồng (%) |         |      |      |      |      |      |      |         |  |
|--------------------|--------------|------------|------------------|-----------------------|---------|------|------|------|------|------|------|---------|--|
|                    |              |            |                  | Bộ gen                | 5'-NCR* | N    | P    | M    | F    | H    | L    | 3'-NCR* |  |
| Asia-1             |              |            |                  |                       |         |      |      |      |      |      |      |         |  |
| Hebei              | KC427278.1   | Trung Quốc | Mink/2008        | 98.7                  | 98.1    | 99.1 | 98.4 | 98.9 | 98.5 | 98.9 | 98.7 | 99.1    |  |
| HLJ1-06            | JX681125.1   | Trung Quốc | Fox/2006         | 98.2                  | 97.2    | 98.9 | 99.1 | 99.1 | 98.3 | 98.8 | 97.6 | 99.1    |  |
| PS                 | JN896331.1   | Trung Quốc | Cho/2010         | 98.6                  | 94.4    | 99.4 | 99.1 | 99.1 | 98.2 | 98.7 | 98.6 | 92.5    |  |
| CYN07-4V           | AB687721.2   | Nhật Bản   | Khi/2008         | 97.3                  | 99.1    | 98.0 | 97.7 | 98.3 | 96.6 | 97.2 | 97.5 | 94.3    |  |
| SD1(47)            | KP765763.1   | Trung Quốc | Fox/2014         | 97.7                  | 98.1    | 98.3 | 98.3 | 99.0 | 96.8 | 97.2 | 98.1 | 94.3    |  |
| SY                 | KJ466106.1   | Trung Quốc | Raccoon dog      | 98.5                  | 99.1    | 99.0 | 98.8 | 98.6 | 97.8 | 98.7 | 98.7 | 99.1    |  |
| Loungquantai-1     | KP677502.1   | Trung Quốc | Gấu trúc/2015    | 97.8                  | 98.1    | 97.8 | 98.1 | 98.4 | 97.4 | 97.4 | 98.1 | 94.3    |  |
| SD1(411)           | KP738610.1   | Trung Quốc | Raccoon dog/2014 | 97.7                  | 98.1    | 98.3 | 98.1 | 99.0 | 97.0 | 97.1 | 98.0 | 94.3    |  |
| BJ-01              | KF3856711.1  | Trung Quốc | Khi/2006         | 97.3                  | 97.2    | 98.0 | 97.6 | 98.3 | 96.6 | 97.1 | 97.4 | 94.3    |  |
| MKY-KM08           | HM852904.1   | Trung Quốc | Raccoon dog/2008 | 97.2                  | 97.2    | 97.6 | 97.8 | 98.2 | 96.3 | 97.1 | 97.4 | 92.5    |  |
| LN(101)            | KP765764.1   | Trung Quốc | Fox/2010         | 98.0                  | 98.1    | 98.5 | 98.2 | 98.9 | 97.3 | 97.7 | 98.2 | 96.2    |  |
| CYN07-4V           | AB687720.2   | Nhật Bản   | Khi/2008         | 97.3                  | 99.1    | 98.0 | 97.7 | 98.3 | 96.6 | 97.2 | 97.5 | 94.3    |  |
| CDV-ZC             | KJ994343.1   | Trung Quốc | Raccoon dog/2013 | 96.8                  | 94.4    | 97.6 | 98.1 | 98.4 | 94.8 | 97.0 | 97.1 | 95.3    |  |
| CDV-DR-JL          | KJ848781.1   | Trung Quốc | Raccoon dog/2014 | 98.0                  | 97.2    | 98.6 | 98.4 | 98.6 | 97.2 | 97.9 | 98.2 | 94.3    |  |
| Asia-2             |              |            |                  |                       |         |      |      |      |      |      |      |         |  |
| 50Con              | AB476402.1   | Nhật Bản   | Cho/2009         | 94.3                  | 94.4    | 95.7 | 95.1 | 96.1 | 92.6 | 92.5 | 95.0 | 90.6    |  |
| 007Lm              | AB490680.1   | Nhật Bản   | Cho/2009         | 94.2                  | 94.4    | 96.1 | 94.9 | 96.1 | 92.2 | 92.5 | 95.0 | 93.4    |  |
| 011C               | AB476401.1   | Nhật Bản   | Cho/2009         | 94.1                  | 94.4    | 95.7 | 95.0 | 96.1 | 92.2 | 92.5 | 94.9 | 90.6    |  |
| 55L                | AB475099.1   | Nhật Bản   | Cho/2009         | 94.2                  | 94.4    | 95.7 | 94.9 | 96.1 | 92.2 | 92.4 | 95.0 | 90.6    |  |
| M25CR              | AB475097.1   | Nhật Bản   | Cho/2009         | 94.1                  | 94.4    | 95.7 | 95.0 | 96.0 | 92.2 | 92.5 | 94.9 | 90.6    |  |
| 0091/H             | AB490672     | Nhật Bản   | Cho/2010         | 94.1                  | 94.4    | 95.7 | 94.9 | 96.1 | 92.1 | 92.4 | 95.0 | 90.6    |  |
| Europe             |              |            |                  |                       |         |      |      |      |      |      |      |         |  |
| 5804               | AY386315.1   | Đức        | Cho/2003         | 95.2                  | 93.5    | 97.1 | 96.3 | 96.1 | 93.9 | 95.0 | 95.5 | 88.7    |  |
| Arctic             |              |            |                  |                       |         |      |      |      |      |      |      |         |  |
| CDV2784/2013       | KF914669.1   | Ý          | Cho/2013         | 93.8                  | 89.7    | 95.8 | 95.3 | 95.4 | 92.2 | 92.8 | 94.6 | 86.8    |  |
| America-1          |              |            |                  |                       |         |      |      |      |      |      |      |         |  |
| Onderstepoort      | AF378705     | Mỹ         | Cho/2001         | 92.4                  | 93.5    | 94.0 | 93.6 | 94.2 | 90.8 | 91.4 | 93.5 | 88.7    |  |
| Snyder_Hill        | JN896987.1   | Mỹ         | Cho/2012         | 92.5                  | 96.3    | 93.7 | 93.8 | 94.6 | 90.7 | 91.1 | 93.5 | 86.8    |  |
| CDV-L              | KM025612.1   | Trung Quốc | fitchew/1992     | 92.4                  | 96.3    | 93.4 | 93.8 | 94.1 | 90.9 | 91.2 | 93.5 | 86.8    |  |
| CDV3               | EU726268.1   | Trung Quốc | Mink             | 92.4                  | 95.3    | 93.4 | 93.7 | 93.8 | 90.9 | 91.2 | 93.4 | 86.8    |  |
| Shusky             | HM063009.1   | Kazakhstan | Mink/2007        | 92.4                  | 96.3    | 93.5 | 93.8 | 94.2 | 91.0 | 91.1 | 93.5 | 86.8    |  |
| Phoca/Caspian/2007 | HM046486     | Kazakhstan | Hải cẩu/2007     | 92.4                  | 96.3    | 93.4 | 93.7 | 94.1 | 90.9 | 91.1 | 93.5 | 86.8    |  |
| America-2          |              |            |                  |                       |         |      |      |      |      |      |      |         |  |
| A7515              | AF164867     | Thụy Điển  | Ferret/1999      | 95.9                  | 94.4    | 97.8 | 96.6 | 97.4 | 94.2 | 95.2 | 96.3 | 93.4    |  |
| 01-2689            | AY649446.1   | Mỹ         | Raccoon/2004     | 95.2                  | 94.4    | 97.9 | 96.3 | 97.3 | 93.6 | 93.4 | 95.8 | 92.5    |  |
| 164071             | EU716337.1   | Mỹ         | Cho/2004         | 95.7                  | 94.4    | 98.0 | 96.1 | 97.3 | 93.8 | 94.7 | 96.3 | 93.4    |  |
| 171391+513         | KJ123771.1   | Mỹ         | Cho/2004         | 95.2                  | 94.4    | 97.1 | 96.1 | 97.3 | 93.6 | 94.4 | 95.6 | 93.4    |  |

\* NCR: non-coding region

- Hai chủng CDV trên chó nuôi tại Thành phố Hồ Chí Minh được phân lập thành công, một chủng được giải trình tự toàn bộ bộ gen. Các chủng này có thể là chủng tiềm năng cho nghiên cứu sản xuất vaccin.

- Phân tích đặc tính di truyền các chủng phát hiện (dựa trên gen H) và chủng phân lập (toàn bộ bộ gen) cho thấy có sự tương đồng cao với các chủng phân lập từ Trung Quốc, như vậy có thể có sự truyền lây virus qua lại giữa chó ở Việt Nam và Trung Quốc.

## TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Appel, M. J., Yates, R. A., Foley, G. L., Bernstein, J. J., Santinelli, S., Spelman, L. H., Miller, L. D., Arp, L. H., Anderson, M., Barr, M., Susan, K. P. and Brian, S. A. 1994. Canine distemper epizootic in lions, tigers, and leopards in North America. *J. Vet. Diagn. Invest.* 6: 277-288.
2. Demeter, Z., Lakatos, B., Palade, A. E., Kozma, T., Forgách, P. and Rusvai, M. 2007. Genetic diversity of Hungarian canine distemper virus strains. *Vet. Microbiol.* 122: 258-269.
3. Gámiz, C., Martella, V., Ulloa, R., Fajardo, R., Hernández, I. Q. and Martínez, S. 2011. Identification of a new genotype of canine distemper virus circulating in America. *Vet. Res. Commun.* 35: 381-390.
4. Kameo, Y., Nagao, Y., Nishio, Y., Shimoda, H., Nakano, H., Suzuki, K., Une, Y., Sato, H., Shimojia, M. and Maeda, K. 2012. Epizootic canine distemper virus infection among wild mammals. *Vet. Microbiol.* 154: 222-229.
5. Lan, N. T., Yamaguchi, R., Kien, T. T., Hirai, T., Hidaka, Y. and Nam, N. H. 2009. First isolation and characterization of canine distemper virus in Viet Nam with the immunohistochemical examination of the dog. *J. Vet. Med. Sci.* 71: 155-162.
6. Mochizuki, M., Hashimoto, M., Hagiwara, S., Yoshida, Y. and Ishiguro, S. S. 1999. Genotypes of canine distemper virus determined by analysis of the hemagglutinin genes of recent isolates from dogs in Japan. *J. Clin. Microbiol.* 37: 2936-2942.
7. Nakano, H., Kameo, Y., Andoh, K., Ohno, Y., Mochizuki, M. and Maeda, K. 2009. Establishment of canine and feline cells expressing canine signaling lymphocyte activation molecule for canine distemper virus study. *Vet. Microbiol.* 133: 179-183.
8. Qiu, W., Zheng, Y., Zhang, S., Fan, Q., Liu, H., Zhang, F., Wang, W., Liao, G. and Hu, R. 2011. Canine distemper outbreak in Rhesus Monkeys, China. *Emerg. Infect. Dis.* 17: 1541-1543.

Ngày nhận 15-1-2018

Ngày phản biện 20-2-2018

Ngày đăng 1-6-2018