

ói trong lúc phẫu thuật chiếm tỷ lệ tương đối cao (56,52%). Do chứng đề khó luôn là trường hợp khẩn cấp, chó lại không được sự chuẩn bị kỹ lưỡng trước khi gây mê (nhịn ăn, uống); nên khi gây mê thức ăn, nước uống trong dạ dày trào ngược lên gây nôn, ói. Tai biến về mất máu chiếm tỷ lệ 10,14%; thường gặp trên những chó đề non, sự bong tróc nhau mạnh gây ra mất máu hoặc khi cắt vào thành bụng phạm phải những mạch máu lớn gây chảy máu (do trong quá trình mang thai các mạch máu ở thành bụng rất phát triển). Trục trặc đường hô hấp chiếm 5,79%; thường gặp ở trên những chó già, thể trạng yếu và suy nhược, những con chó có tiền sử viêm phổi mạn tính.

Tỷ lệ này tương đương với nghiên cứu của Huỳnh Thị Bích Ngọc (2008); xuất huyết chiếm tỷ lệ 8,82% và trục trặc đường hô hấp là 5,88%.

3.2.2. Những tai biến sau thời gian phẫu thuật

Kết quả ghi nhận những tai biến sau thời gian phẫu thuật được ghi nhận trong bảng 3.

Bảng 3. Tỷ lệ chó bị tai biến gặp phải sau thời gian phẫu thuật (n= 69)

Tai biến	Số con (n)	Tỷ lệ (%)
Nhiễm trùng vết mổ	6	8,
Đứt chỉ đường may da	9	13,04
Đứt cơ và phúc mạc ổ bụng	4	5,79

Qua bảng 3, chúng tôi ghi nhận tỷ lệ nhiễm trùng vết mổ sau phẫu thuật chiếm 8,69%; tai biến này thường gặp ở những chó không được chăm sóc hậu phẫu tốt, cũng có thể là do chó mẹ hay liếm vào vết thương, chạy nhảy hoặc động tác bú của chó con. Cũng có trường hợp sau khi mổ, chủ ít quan tâm tới vết thương, không thay băng hằng ngày cho chó hoặc chủ không mang chó đến bệnh xá hậu phẫu (thay băng, rửa vết thương, chích thuốc) mỗi ngày.

Tai biến đứt chỉ đường may da hậu phẫu chiếm tỷ lệ 13,04%. Nguyên nhân chủ yếu là do chó hay cào liếm vào vết thương. Còn trường hợp đứt cơ và phúc mạc ổ bụng chiếm tỷ lệ 5,79%; có thể do vận động quá nhiều khiến vết may bị bung ra do đường may bằng chỉ tiêu hoặc chó bị tiểu đường khiến vết may lâu lành.

Tỷ lệ này có sự khác biệt so với nghiên cứu của Huỳnh Thị Bích Ngọc (2008), nhiễm trùng vết mổ chiếm tỷ lệ 11,76% và đứt chỉ đường may da chiếm tỷ lệ 5,88%. Những trường hợp xảy ra có thể do những hiểu biết về kỹ thuật vệ sinh, chăm sóc hậu phẫu cho chó của chủ nuôi vẫn còn hạn chế.

3.3. Kết quả theo dõi thời gian lành vết mổ

Kết quả theo dõi thời gian lành vết mổ theo ngày của chó được phẫu thuật can thiệp đề khó tại Bệnh xá Thú y, trường Đại học Cần Thơ được trình bày trong bảng 4.

Thời gian lành vết thương được chúng tôi tính kể từ sau khi phẫu thuật xong cho đến lúc vết thương đã khô, cắt chỉ may da và không cần rửa vết thương hàng ngày nữa.

Bảng 4. Tỷ lệ chó lành vết thương sau thời gian phẫu thuật (n=69)

Thời gian lành vết mổ	Năm tuổi của chó					
	≤ 2 năm		2 – 4 năm		> 4 năm	
	Số con	Tỷ lệ (%)	Số con	Tỷ lệ (%)	Số con	Tỷ lệ (%)
5-7 ngày	31	44,93	16	23,1		
8-10 ngày	12	17,39	5	7,24	2	2,90
≥ 11 ngày	0	0,00	2	2,90	1	1,45
Tổng	43	62,32	23	33,33	3	4,35

Từ kết quả ở bảng 4 cho thấy:

Đối với chó ≤ 2 năm tuổi: có 31 ca lành vết thương ở ngày thứ 5-7; chiếm tỷ lệ 44,93%. Có 12 ca lành vết thương ở ngày thứ 8-10; chiếm tỷ lệ 17,39% và không có ca nào ở ngày thứ 11 trở lên.

Đối với chó 2-4 năm tuổi: có 16 ca lành vết thương ở ngày thứ 5-7; chiếm tỷ lệ 23,19%. Có 5 ca lành vết thương ở ngày thứ 8-10; chiếm tỷ lệ 7,24% và ca 2 ở ngày thứ 11 trở lên; chiếm 2,90%.

Đối với chó > 4 năm tuổi: ở ngày thứ 5-7 không có ca nào lành; đến ngày 8-10 có 2 ca (chiếm tỷ lệ 2,90%) và ngày thứ 11 trở lên có 1 ca (chiếm 1,45%).

Chúng tôi nhận thấy phần lớn chó mẹ có thời gian lành vết thương ở ngày thứ 5-7 đều rơi vào độ tuổi ≤ 2 năm, còn những chó > 4 năm thì sự lành vết thương diễn ra chậm hơn. Ở mỗi độ tuổi, thời gian lành vết thương có sự khác biệt rõ rệt.

IV. KẾT LUẬN

Tỷ lệ chó mắc chứng đẻ khó tại Bệnh xá Thú y, Đại học Cần Thơ là 9,85%. Biện pháp can thiệp bằng phẫu thuật khi chó đẻ khó được sử dụng nhiều nhất, chiếm tỷ lệ 93,24% và tỷ lệ thành công của can thiệp là 100%. Tất cả chó mẹ sau phẫu thuật đều sống, tai biến trong quá trình phẫu thuật thường gặp nhất là nôn ói, kể đến là mất máu và trục trặc đường hô hấp. Tai biến gặp

phải sau khi phẫu thuật chủ yếu là nhiễm trùng vết mổ, đứt chỉ đường may da, đứt cơ và phúc mạc ổ bụng. Thời gian lành vết thương sau phẫu thuật phụ thuộc vào độ tuổi của con vật, thường từ 5-7 ngày.

Lời cảm ơn: Đề tài này được tài trợ bởi Dự án nâng cấp Trường Đại học Cần Thơ VN14-P6 bằng nguồn vốn vay ODA từ chính phủ Nhật Bản.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Aiello, S.E., 1998. The Merck Veterinary Manual. 8th edition. Merck & Co, USA.
2. Huỳnh Thị Bích Ngọc, 2008. *Khảo sát các nguyên nhân đẻ khó trên chó và theo dõi kết quả mổ lấy thai tại bệnh viện thú y Petcare*. Khóa luận tốt nghiệp Bác sĩ Thú y, Trường Đại học Nông Lâm thành phố Hồ Chí Minh, thành phố Hồ Chí Minh.
3. Lê Văn Thọ, 2008. Ứng dụng phương pháp siêu âm trong chẩn đoán bệnh viêm tử cung trên chó và điều trị. *Tạp chí khoa học và kỹ thuật Thú y*. 11(2): 23-30.
4. Nguyễn Thùy Thanh Thanh, Trần Thị Dân và Nguyễn Văn Nghĩa, 2012. Đẻ khó trên chó và điều trị. *Tạp chí Khoa học kỹ thuật Thú y*. 19(4): 44-48.

Ngày nhận 20-7-2020

Ngày phản biện 18-8-2020

Ngày đăng 1-12-2020

ĐẶC ĐIỂM DI TRUYỀN CỦA VIRUS CA-RÊ ĐƯỢC PHÂN LẬP TRÊN CHÓ TẠI BỆNH XÁ THÚ Y, ĐẠI HỌC CẦN THƠ

Trần Thị Thảo, Nguyễn Khánh Thuận,
Văn Mỹ Tiên, Lê Quang Trung, Trần Ngọc Bích
Khoa Nông nghiệp, Đại học Cần Thơ

TÓM TẮT

Nghiên cứu đặc điểm di truyền của 7 chủng virus Ca-rê được phân lập trên chó tại Bệnh xá Thú y, Đại học Cần Thơ được tiến hành bằng cách giải trình tự gen H của virus, và so sánh trình tự nucleotide, amino acid giữa các chủng khảo sát với các chủng thực địa/vaccine được công bố trên GenBank. Kết quả nghiên cứu cho thấy, các chủng virus Ca-rê gây bệnh trên chó được phân lập có thể cùng chung một nguồn gốc và lưu hành phổ biến trong khu vực nghiên cứu với mức độ tương đồng cao (99,82–99,96%). Ngoài ra, sự tương đồng về nucleotide giữa các chủng nghiên cứu với các chủng khác trên GenBank là 93,26–99,56% và với các chủng vaccine trên GenBank là 96,72–97,08%. Các chủng virus Ca-rê được phân lập trên chó trong nghiên cứu này thuộc genotype Asia 1, lưu hành phổ biến tại Việt Nam và các nước châu Á. Kết quả nghiên cứu này góp phần làm cơ sở trong việc điều chỉnh, lựa chọn vaccine phù hợp trong phòng bệnh Ca-rê tại Việt Nam.

Từ khóa: Chó, virus Ca-rê, gen H, genotype Asia 1, thành phố Cần Thơ.

The genetic characteristics of *Canine distemper virus* isolated from infected dogs at the Veterinary Clinic, Can Tho University

Tran Thi Thao, Nguyen Khanh Thuan,
Van My Tien, Le Quang Trung, Tran Ngoc Bich

SUMMARY

The study on genetic characteristics of 7 strains of *Canine distemper virus* isolated from the infection dogs at the Veterinary Clinic, Can Tho University was conducted via sequencing the H gene, and comparing the sequence of nucleotides, amino acids between the surveyed strains and the field/vaccine strains published on the GenBank. The studied results showed that these virus strains could be the same origin, and circulated frequently in the study area with a high similarity levels (99.82–99.96%). Moreover, the similarity levels on nucleotides of the isolated strains with the other strains on the GenBank were 93.26–99.56%, and with the vaccine strains on the GenBank were 96.72–97.08%. The *Canine distemper virus* strains isolated from the infected dogs in this study belonged to the genotype Asia 1, circulating commonly in Viet Nam and Asian countries. The results of this study contribute the basis information for adjusting and selecting the appropriate vaccines against *Canine distemper virus* in Viet Nam.

Keywords: Dogs, *Canine distemper virus*, H gene, genotype Asia 1, Can Tho city.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bệnh Ca-rê hay còn gọi là bệnh sài sốt trên chó, là bệnh truyền nhiễm cấp tính do *Canine*

distemper virus (CDV), giống *Morbillivirus*, thuộc họ *Paramixoviridae* gây ra. Virus có cấu trúc nucleocapside chứa một sợi đơn RNA không

phân đoạn gồm khoảng 1.600 nucleotide mã hoá thành 6 protein cấu trúc và 1 protein không cấu trúc (Diallo, 1990; Murphy *et al.*, 1999). Mặc dù được xem là chỉ có một serotype, tuy nhiên có những sự khác biệt về cấu trúc kháng nguyên giữa các chủng CDV. Các đột biến được ghi nhận xảy ra ở các protein cấu trúc của virus như H, F và N. Trong đó, protein H và F được xem là kháng nguyên chính của virus, kích thích đáp ứng miễn dịch trên vật chủ, và có sự đa dạng về cấu trúc gen/kháng nguyên của virus Ca-rê. Dựa trên trình tự nucleotide của đoạn gen mã hóa cho protein H đã chia ra thành 7 type virus lớn được phân lập từ những vùng địa lý khác nhau: America-1 (bao gồm phần lớn các chủng vaccin), America-2 (lưu hành ở Bắc Mỹ), Asia-1 và Asia-2 (lưu hành ở châu Á), Europe (nguồn gốc từ châu Âu), Arctic (lưu hành tại Bắc Cực và châu Âu) và Africa (lưu hành ở châu Phi) (Bolt *et al.*, 1997; Iwatsuki *et al.*, 1997; Pardo *et al.*, 2005; Martella *et al.*, 2007; Gallo *et al.*, 2007; Woma *et al.*, 2010; Zhao *et al.*, 2010; Gamiz *et al.*, 2011).

Tại Việt Nam, một số nghiên cứu về đặc điểm di truyền của các chủng virus Ca-rê lưu hành trên chó bệnh thực địa đã cho thấy có sự tương đồng rất cao giữa các chủng này và các chủng được ghi nhận trên thế giới (Võ Tấn Đại và Dương Tấn Đạt, 2016). Ngoài ra, Trần Văn Nền và ctv. (2017) đã xác định một số đặc điểm di truyền của virus Ca-rê phân lập được tại một số tỉnh phía Bắc Việt Nam

thuộc 3 genotype Asia 1, Asia 2 và Classic. Tuy nhiên, tại đồng bằng sông Cửu Long, các nghiên cứu về đặc điểm di truyền của virus Ca-rê trên chó vẫn còn nhiều hạn chế. Do đó, nghiên cứu này được thực hiện nhằm xác định và so sánh đặc điểm di truyền của các chủng virus Ca-rê phân lập được trên chó bệnh tại Bệnh xá Thú y, Đại học Cần Thơ; cũng như là cơ sở cho các nghiên cứu về vaccin phòng bệnh tại khu vực.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Tổng số 7 chủng CDV được phân lập từ chó nhiễm bệnh Ca-rê được đem đến điều trị tại Bệnh xá Thú y, trường Đại học Cần Thơ, được ký hiệu lần lượt: CT01, CT03, CT04, CT06, CT07, CT08, CT09. Các chủng virus này đại diện cho cho các chủng được phân lập trên các chó giống nội (CT01, CT06, CT08) và giống ngoại (CT03, CT04, CT07, CT09) từ ba tháng đến sáu năm tuổi.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Virus được tách chiết RNA dựa theo hướng dẫn sử dụng của bộ kit QIAamp Viral RNA Mini kit (Qiagen, Đức); mẫu RNA được tách chiết bảo quản ở -70°C. Khuếch đại toàn bộ vùng gen H của CDV bằng phản ứng RT – PCR, trình tự đoạn mỗi được trình bày ở bảng 1.

Bảng 1. Trình tự nucleotide của đoạn mã khuếch đại gen H (Gamiz *et al.*, 2011)

Tên mẫu	Trình tự mẫu (5'-3')	Vị trí	Kích thước sản phẩm
DHI-F	TGGTTCACAAGATGGTATTC	8.005	613 bp
DHI-R	CAACACCACTAAATTGGACT	8.617	

Chu trình nhiệt cho phản ứng RT-PCR như sau: phiên mã ngược: 45°C trong 45 phút; giai đoạn tiền biến tính: 94°C trong 5 phút; 30 chu kỳ: 94°C trong 30 giây, 51°C trong 30 giây, 72°C trong 30 giây; và 72°C trong 10 phút (Gamiz *et*

al., 2011). Thành phần cho một phản ứng RT – PCR: 10 µL Go taq® green master mix 2X (Promega, Mỹ); 1 µL MgCl₂ (25 mM); 0,5 µL M – MLV (Moloney Murine Leukemia Virus); 0,5 µL mỗi xuôi; 0,5 µL mỗi ngược; 4 µL mẫu

RNA chiết tách và 8,5 μ L nước tinh khiết.

Sản phẩm RT – PCR được gửi tới phòng xét nghiệm công ty TNHH MTV Sinh hoá Phù Sa (Cần Thơ) để giải trình tự gen H. Truy cập GenBank thu thập và xác định sự tương đồng nucleotide của các chuỗi gen CDV được công bố với đoạn gen thu được trong nghiên cứu thông qua chương trình Blast trên GenBank. Nguồn gốc phả hệ phát sinh chủng loại trên cơ sở trình tự gen H từ các chủng virus thu nhận bằng phần mềm MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) version 7.0. Sử dụng phương pháp test Maximum likelihood với giá trị bootstrap là 1.000 lần lặp lại.

Các gen H tham chiếu sử dụng để xây dựng cây phả hệ được thu thập từ dữ liệu của 14 chủng virus Ca-rê đã được công bố trên GenBank bao gồm: 11 chủng thực địa (CDV/AB472690/Vietnam/2016, CDV/Z54166/TheNetherland/1996, CDV/AB040767/Japan/2002; CDV/DQ226087/Italy/2006; CDV/

FJ461715/SouthAfrica/2010, CDV/HM063009/Kazakhstan/2010, CDV/AF378705/USA/2012, CDV/FJ416339/Germany/2016, CDV/DQ228166/Italy/2006, CDV/JX681125/China/2013, CDV/LC159587/Vietnam/2019), và 3 chủng vaccin (CDV/FJ461702/SouthAfrica/2010, CDV/EF095750/Hungary/2016, CDV/FJ705238/Taiwan/2010).

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả so sánh mức độ tương đồng về trình tự nucleotide và amino acid giữa những chủng CDV gây bệnh trên chó tại Bệnh xá Thú y và các chủng đã được công bố

Các chuỗi trình tự đoạn gen H của 7 chủng CDV được giải trình tự có độ dài 1.839 nucleotide. Kết quả so sánh trình tự gen H giữa các chủng CDV gây bệnh trên chó tại Cần Thơ với các chủng virus của GenBank cho thấy có tỷ lệ tương đồng rất cao (từ 93,17% đến 99,96%) (bảng 2).

Bảng 2. Sự tương đồng về trình tự nucleotide giữa các chủng CDV phân lập được tại Bệnh xá Thú y, Đại học Cần Thơ và các chủng tham chiếu trên GenBank

Chủng	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1																				
2	99,96																			
3	99,96	99,96																		
4	99,96	99,96	99,96																	
5	99,82	99,86	99,86	99,86																
6	99,89	99,86	99,86	99,86	99,71															
7	99,89	99,86	99,86	99,86	99,71	99,71														
8	93,26	93,31	93,31	93,31	93,48	93,17	93,17													
9	96,03	96,07	96,07	96,07	96,24	95,91	95,91	94,35												
10	96,84	96,88	96,88	96,88	97,04	96,72	96,72	94,74	98,25											
11	96,88	96,92	96,92	96,92	97,08	96,76	96,76	94,79	98,29	99,82										
12	96,84	96,88	96,88	96,88	97,04	96,72	96,72	94,75	98,25	99,78	99,96									
13	94,65	94,69	94,69	94,69	94,86	94,52	94,52	93,32	95,70	96,55	96,52	96,48								
14	95,36	95,40	95,40	95,40	95,57	95,23	95,23	94,06	96,34	97,27	97,31	97,27	95,82							
15	95,45	95,49	95,49	95,49	95,65	95,36	95,36	93,99	96,27	97,08	97,12	97,08	95,54	96,39						
16	93,47	93,51	93,51	93,51	93,69	93,46	93,46	97,55	94,42	94,94	94,98	94,94	93,61	94,43	94,18					
17	93,67	93,71	93,71	93,71	93,88	93,58	93,58	99,30	94,79	95,17	95,22	95,17	93,76	94,50	94,43	98,02				
18	95,68	95,72	95,72	95,72	95,88	95,55	95,55	93,68	96,96	97,64	97,67	97,64	95,33	95,91	95,75	93,92	94,08			
19	95,56	95,60	95,60	95,60	95,76	95,51	95,51	93,93	96,92	97,68	97,72	97,68	95,42	95,99	95,84	94,17	94,37	96,50		
20	99,31	99,34	99,34	99,34	99,49	99,20	99,20	93,36	96,19	97,08	97,12	97,08	95,03	95,69	95,78	93,65	93,76	95,92	95,88	
21	99,38	99,42	99,42	99,42	99,56	99,27	99,27	93,35	96,07	96,80	96,84	96,80	94,65	95,40	95,41	93,51	93,75	95,63	95,51	99,27

(1) CT01; (2) CT03; (3) CT04; (4) CT06; (5) CT07; (6) CT08; (7) CT09; (8) CDV/AB472690/Vietnam/2016; (9) CDV/Z54166/The Netherland/1996; (10) CDV/FJ461702/South Africa/2010; (11) CDV/EF095750/Hungary/2016; (12) CDV/FJ705238/Taiwan/2010; (13) CDV/AB040767/Japan/2002; (14) CDV/DQ226087/Italy/2006; (15) CDV/FJ461715/South Africa/2010; (16) CDV/HM063009/Kazakhstan/2010; (17) CDV/AF378705/USA/2012; (18) CDV/FJ416339/Germany/2016; (19) CDV/DQ228166/Italy/2006; (20) CDV/JX681125/China/2013; (21) CDV/LC159587/Vietnam/2019

Các chủng CDV phân lập được gần như tương đồng hoàn toàn với nhau, với tỷ lệ từ 99,82–99,96%. Điều này cho thấy, các chủng virus Ca-rê gây bệnh trên chó được phân lập có thể cùng chung một nguồn gốc và lưu hành phổ biến trong khu vực nghiên cứu. Ngoài ra, sự tương đồng về nucleotide giữa các chủng nghiên cứu với các chủng khác trên GenBank là 93,26–99,56% và các chủng vaccin trên GenBank là 96,72–97,08%. Kết quả này cho thấy, virus phân lập được cũng tương đồng rất cao với các chủng được sử dụng bào chế vaccin; vì vậy, nếu được tiêm ngừa vaccin được sản xuất từ các chủng virus này (CDV/FJ461702/SouthAfrica/2010, CDV/EF095750/Hungary/2016, CDV/FJ705238/Taiwan/2010)

thì sẽ tăng hiệu quả bảo hộ cho chó tại khu vực nghiên cứu. Kết quả nghiên cứu của Trần Văn Nền và ctv. (2017) cũng ghi nhận mức độ tương đồng cao giữa những chủng CDV phân lập được (90,05 – 99,61%), và tương đồng với các chủng virus trong vaccin đã công bố (89,99 – 99,34%). Kết quả phân tích của Võ Tấn Đại và Dương Tấn Đạt (2016) cũng cho thấy mức độ tương đồng nucleotide của các mẫu CDV trên thực địa là rất cao (99,30 – 100%), và tương đồng với chủng virus trong các vaccin (96,10 – 96,60%). Guo *et al.* (2013) cũng đã ghi nhận trình tự nucleotide ở gen H giữa chủng CDV tại Trung Quốc so với các chủng khác trên thế giới có tỷ lệ tương đồng dao động từ 85,40 – 99,80%.

Bảng 3. Sự tương đồng về trình tự amino acid giữa các chủng CDV phân lập được tại Bệnh xá Thú y, Đại học Cần Thơ và các chủng tham chiếu trên GenBank

Chủng	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1																				
2	99,96																			
3	99,96	100																		
4	99,96	99,96	100																	
5	99,82	99,86	99,86	99,86																
6	99,89	99,86	99,86	99,86	99,71															
7	99,89	99,86	99,86	99,86	99,71	100														
8	93,26	93,31	93,31	93,31	93,48	93,17	93,17													
9	96,03	96,07	96,07	96,07	96,24	95,91	95,91	94,35												
10	96,84	96,88	96,88	96,88	97,04	96,72	96,72	94,74	98,25											
11	96,88	96,92	96,92	96,92	97,08	96,76	96,76	94,79	98,29	99,82										
12	96,84	96,88	96,88	96,88	97,04	96,72	96,72	94,75	98,25	99,78	99,96									
13	94,65	94,69	94,69	94,69	94,86	94,52	94,52	93,32	95,70	96,55	96,52	96,48								
14	95,36	95,40	95,40	95,40	95,57	95,23	95,23	94,06	96,34	97,27	97,31	97,27	95,82							
15	95,45	95,49	95,49	95,49	95,65	95,36	95,36	93,99	96,27	97,08	97,12	97,08	95,54	96,39						
16	93,47	93,51	93,51	93,51	93,69	93,46	93,46	97,55	94,42	94,94	94,98	94,94	93,61	94,43	94,18					
17	93,67	93,71	93,71	93,71	93,88	93,58	93,58	99,30	94,79	95,17	95,22	95,17	93,76	94,50	94,43	98,02				
18	95,68	95,72	95,72	95,72	95,88	95,55	95,55	93,68	96,96	97,64	97,67	97,64	95,33	95,91	95,75	93,92	94,08			
19	95,56	95,60	95,60	95,60	95,76	95,51	95,51	93,93	96,92	97,68	97,72	97,68	95,42	95,99	95,84	94,17	94,37	96,50		
20	99,31	99,34	99,34	99,34	99,49	99,20	99,20	93,36	96,19	97,08	97,12	97,08	95,03	95,69	95,78	93,65	93,76	95,92	95,88	
21	99,38	99,42	99,42	99,42	99,56	99,27	99,27	93,35	96,07	96,80	96,84	96,80	94,65	95,40	95,41	93,51	93,75	95,63	95,51	99,27

(1) CT01; (2) CT03; (3) CT04; (4) CT06; (5) CT07; (6) CT08; (7) CT09; (8) CDV/AB472690/Vietnam/2016; (9) CDV/Z54166/The Netherland/1996; (10) CDV/FJ461702/South Africa/2010; (11) CDV/EF095750/Hungary/2016; (12) CDV/FJ705238/Taiwan/2010; (13) CDV/AB040767/Japan/2002; (14) CDV/DQ226087/Italy/2006; (15) CDV/FJ461715/South Africa/2010; (16) CDV/HM063009/Kazakhstan/2010; (17) CDV/AF378705/USA/2012; (18) CDV/FJ416339/Germany/2016; (19) CDV/DQ228166/Italy/2006; (20) CDV/JX681125/China/2013; (21) CDV/LC159587/Vietnam/2019

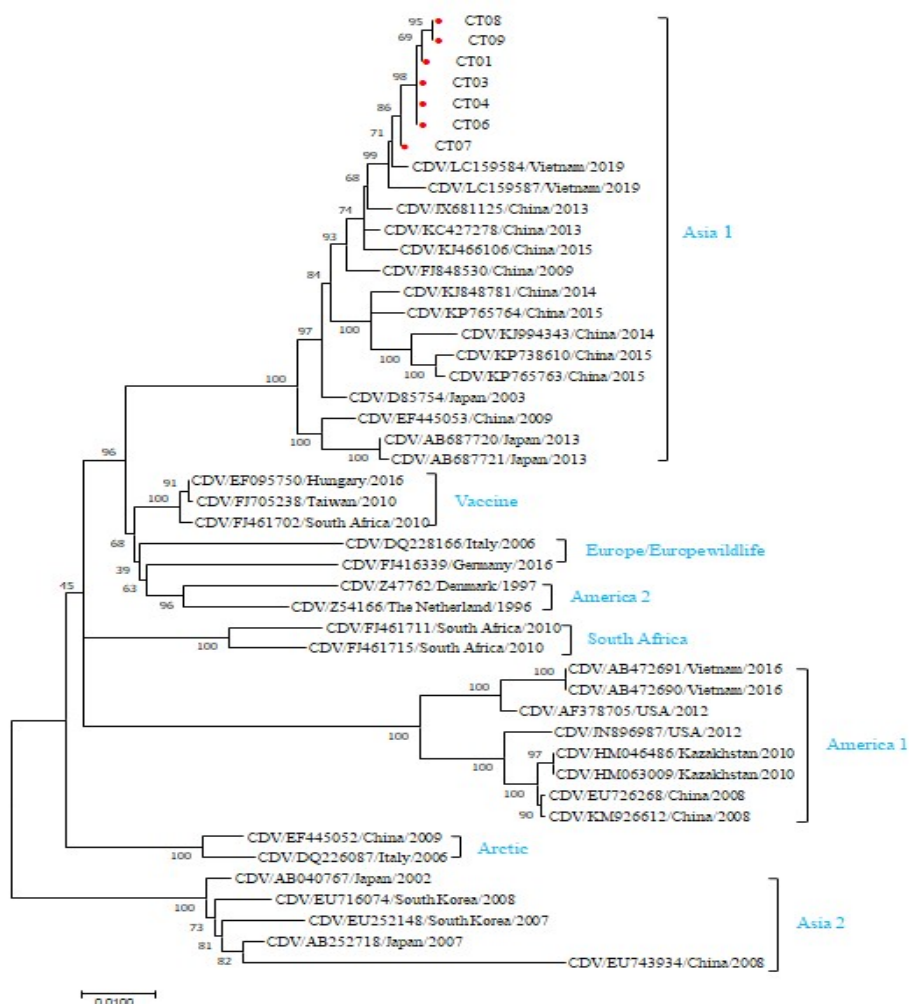
Do sự tương đồng cao về trình tự nucleotide trên gen H giữa các chủng CDV phân lập được và các chủng tham chiếu, nên các chủng virus này cũng có mức độ tương đồng cao về trình tự amino acid trên gene H từ 93,17–100% (bảng 3). Sự tương đồng về amino acid giữa các chủng

nghiên cứu với các chủng khác trên GenBank là 99,03–99,56% và các chủng vaccin trên GenBank là 96,72–97,08%. Theo nghiên cứu của Trần Văn Nền và ctv. (2017) thì các chủng CDV được phân tích có mức độ tương đồng về amino acid ở gen H đạt tỷ lệ là 89,38 – 99,50%,

sự tương đồng về amino acid ở gen H giữa chủng virus nghiên cứu với chủng virus vaccin đạt tỷ lệ là 89,39 – 99,17%. Kết quả nghiên cứu của Swati *et al.* (2015) cũng cho thấy mức độ tương đồng về trình tự amino acid ở gen H của chủng CDV tại Ấn Độ đạt tỷ lệ cao là 96,30 – 97,00%; đồng thời mức độ tương đồng về amino acid

giữa những chủng nghiên cứu này với chủng vaccin Convac, Onderstepoort và CDV3 lần lượt là 92,10%; 92,90% và 94,80%.

3.2. Mối quan hệ di truyền giữa các chủng CDV nghiên cứu và các chủng virus lưu hành ở Việt Nam và thế giới



Hình 1. Mối quan hệ di truyền giữa các chủng virus Ca-rê phân lập được trên chó tại Bệnh xá Thú y, Đại học Cần Thơ (CT01, CT03, CT04, CT06, CT07, CT08, CT09) và các chủng được công bố trên GenBank

Kết quả phân tích các chủng virus nghiên cứu đều nằm trong cùng một phân nhánh thuộc genotype Asia 1 và tương đồng khá cao với các chủng có nguồn gốc từ Trung Quốc và Nhật Bản. Đồng thời, kết quả phân tích nguồn gốc dựa theo sự sai khác nucleotide ở đoạn gen H

của 7 chủng CDV nghiên cứu, tất cả 7 chủng virus nghiên cứu khác với nhánh phát sinh của các chủng tham chiếu trên thế giới thuộc các genotype khác như: Europe, America 1, America 2, Africa, Arctic và Asia 2. Trong cùng một nhóm, các chủng virus lại phân chia thành