

Nghiên cứu khoa học

ĐẶC ĐIỂM LÂY NHIỄM CỦA VIRUS DỊCH TẢ HEO CHÂU PHI GENOTYPE II Ở CÁC Ổ DỊCH

*Lai Công Danh¹, Đỗ Tiến Duy¹, Nguyễn Minh Nam², Nguyễn Chế Thanh¹,
Trần Hoàng Vũ³, Lê Thị Hồng Nhỏ¹, Nguyễn Thị Mỹ Duyên¹, Nguyễn Tất Toàn¹*

TÓM TẮT

Mục tiêu của nghiên cứu này là bước đầu khảo sát đặc điểm nhiễm virus dịch tả lợn châu Phi (ASFV) trên heo nái theo một số yếu tố tiếp xúc, loại hình chăn nuôi và thời gian phát bệnh tại trại. Kết quả nghiên cứu cho thấy tỷ lệ nhiễm bệnh của heo ở trại hở cao hơn ở trại kín ($p < 0,05$) và ở trại tái nhiễm cao hơn ở trại nhiễm lần đầu ($p < 0,05$). Tỷ lệ này cũng ghi nhận ở trại có thời gian phát bệnh > 1 tuần cao hơn so với ở trại có thời gian phát bệnh < 1 tuần ($p < 0,001$) và ở heo tiếp xúc trực tiếp với heo F0 cao hơn so với ở heo tiếp xúc gián tiếp gần và tiếp xúc gián tiếp xa với heo F0 ($p < 0,001$). Tỷ lệ dương tính với ASFV của mẫu máu là 35,56% (16/45); trong khi đó tỷ lệ dương tính của mẫu dịch ngoáy miệng là 22,22% (10/45). Hàm lượng ASFV trong mẫu máu cũng ghi nhận cao hơn so với mẫu dịch ngoáy miệng ($p < 0,01$). Kết quả phân tích trình tự gen cho thấy 6 chủng ASFV thu thập đều thuộc genotype II và tương đồng với các chủng đã được xác định tại Việt Nam và các nước lân cận.

Từ khóa: Dịch tả heo châu Phi, genotype II, đặc điểm lây nhiễm, heo.

Infection characteristics of African swine fever virus genotype II in the field outbreaks

*Lai Cong Danh, Do Tien Duy, Nguyen Minh Nam, Nguyen Che Thanh,
Tran Hoang Vu, Le Thi Hong Nho, Nguyen Thi My Duyen, Nguyen Tat Toan*

SUMMARY

The objective of this study was to initially investigate the prevalence of African swine fever virus (ASFV) in the sows in some infected farms considering a number of epidemiological factors, such as: contact characteristics, farm model and disease outbreak time at the farm. The studied result showed that the infection rate of pigs in the opened farm system was higher than in the closed farm system ($p < 0.05$) and in the re-infection farm was higher than in the first infection farm ($p < 0.05$). This rate in the farm with outbreak time > 1 week was higher than in the farm with outbreak time < 1 week ($p < 0.001$) and in the pigs directly contacted with F0 pigs was higher than in the pigs indirectly contacted with F0 pigs ($p < 0.001$). The positive rate of blood samples was 35.56% (16/45), while the positive rate of the oral swab samples was 22.22% (10/45). The concentration of ASFV in the blood sample was also higher than that of the swab sample ($p < 0.01$). The results of gene sequence analysis showed that all the six ASFV collected strains belonged to genotype II and was similar compared to the strains already identified in Viet Nam and in the neighboring countries.

Keywords: African swine fever, genotype II, transmission characteristics, swine.

¹. Khoa Chăn nuôi Thú y, Trường Đại học Nông Lâm, Tp. HCM

². Trung tâm Nghiên cứu di truyền và sức khỏe sinh sản, Khoa Y, Đại học Quốc gia, Tp. HCM

³. Công ty TNHH Boehringer Ingelheim, Việt Nam

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Dịch tả heo châu Phi (ASF) là một bệnh truyền nhiễm cấp tính do virus African swine fever (ASFV), giống *Asfivirus*, họ *Asfarividae* gây ra trên heo với tỷ lệ chết cao (lên đến 100%) và gây xuất huyết nghiêm trọng (Salguero, 2020). Bệnh được mô tả lần đầu tiên ở Kenya vào thế kỷ XX và sau đó được ghi nhận ở nhiều khu vực trên thế giới. Năm 2018, ổ dịch ASF đầu tiên xuất hiện ở Trung Quốc gây chết 47 heo trong đàn 383 con tại một trang trại ở Thẩm Dương. Các bác sĩ thú y địa phương đã mô tả bệnh tích đặc trưng của các ca bệnh ASF với lách sưng to và hoại tử nghiêm trọng (Ge và ctv., 2018). Vào tháng 2 năm 2019, ASF đã được xét nghiệm ở một trại heo gia đình tại tỉnh Hưng Yên, Việt Nam (Le và ctv., 2019). Trong hai năm, nước ta ghi nhận hơn 6 triệu heo mắc bệnh và bị tiêu hủy, ước tính thiệt hại kinh tế lên đến 28 ngàn tỷ đồng. Hiện nay, nhiều nghiên cứu cho thấy ASFV có thể lây nhiễm cho heo khỏe qua nhiều con đường khác nhau như tiếp xúc với heo bệnh, qua thức ăn bị vấy nhiễm, hoạt động của con người hay những vật chủ khác gồm heo rừng và ve (Bellini và ctv., 2016). Tiếp xúc trực tiếp với heo nhiễm ASFV là con đường truyền bệnh chủ yếu (Guinat và ctv., 2014), trong khi lây truyền gián tiếp qua vấy nhiễm ở các vật thể môi trường rất khó lường.

Trong giai đoạn đầu bệnh mới xuất hiện, Việt Nam và Trung Quốc đều áp dụng chiến lược tiêu hủy toàn bộ trại heo khi phát hiện heo trong trại dương tính. Tuy nhiên, kinh phí dành cho thực hiện chiến lược này là rất lớn khi dịch bệnh đã lây lan rộng, hoặc có thể dẫn đến lãng phí lớn, sụt giảm số lượng đàn nhanh chóng, tác động đến ngành công nghiệp cung ứng thịt heo. Trên thực tế, tốc độ lây lan của ASF không nhanh và có đặc điểm khá khác biệt so với các bệnh truyền nhiễm khác. Nghiên cứu của Guinat và ctv. (2016) cho thấy thời gian nhiễm sau khi tiếp xúc trực tiếp heo bệnh từ 1 đến 9 ngày trong khi heo ở các ô chuồng bên cạnh tiếp xúc gián tiếp ghi nhận sự lây truyền xảy ra sau 6 đến 15 ngày. Tỷ lệ bệnh và tỷ lệ chết cao với thời gian mắc bệnh tích lũy có sự khác

nhau giữa trại heo thịt và heo nái; và giữa kiểu chuồng lạnh, máng ăn cá thể và chuồng hở, máng ăn dùng chung (Nguyễn Chế Thanh và ctv., 2021). Một nghiên cứu thực địa ở Trung Quốc ghi nhận số lượng heo tiêu hủy đã giảm do áp dụng phương án “Nhổ răng sâu - tooth extraction” (Dominique, 2021). Phương pháp này sử dụng qPCR để xét nghiệm nhanh heo mang mầm bệnh ASFV cho toàn bộ các heo trong trại. Khi trong một chuồng có heo nhiễm, sẽ loại ô chuồng đó và các ô chuồng tiếp xúc gần nhất ở 4 hướng (trước, sau, trái và phải) thay vì hủy cả trại (Linan, 2020). Biện pháp này cũng được áp dụng cho heo nái nuôi ô cá thể, khi có ca bệnh sẽ tiến hành loại các heo nái có tiếp xúc gần với heo nhiễm bệnh.

Nhằm nghiên cứu tính thực tiễn của biện pháp trên, khảo sát đặc điểm lưu hành của ASFV ở các trại heo có dịch là rất cần thiết. Các tài liệu liên quan ASF cho thấy mặc dù xuất hiện ở châu Phi và các nước hơn 100 năm, nhưng chưa có nghiên cứu đánh giá đặc điểm lây lan của ASFV qua tiếp xúc trực tiếp, gián tiếp ở các trang trại heo nuôi công nghiệp. Chính vì vậy, khảo sát này là cột mốc quan trọng được thực hiện để tìm câu trả lời cho các vấn đề trên.

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

2.1. Nội dung nghiên cứu

- Xác định tỷ lệ nhiễm trên heo nái theo các đặc điểm tiếp xúc, loại hình chăn nuôi, thời gian phát bệnh của trại

- So sánh tỷ lệ hiện diện và hàm lượng ASFV được xét nghiệm trong mẫu máu và mẫu dịch ngoáy miệng.

2.2. Bố trí khảo sát

Khảo sát được thực hiện ở 8 trại chăn nuôi công nghiệp thuộc 6 tỉnh/thành, từ 10/2020 đến 6/2021, có báo cáo dịch bệnh ASF qua lâm sàng và xét nghiệm (bảng 1). Tổng số 507 mẫu máu và 45 mẫu dịch ngoáy miệng được thu thập trên các cá thể heo nái mắc bệnh và nái tiếp xúc với heo bệnh. Ở mỗi trại, heo nái mới mắc bệnh (bộc

phát lâm sàng và xét nghiệm dương tính) được xem là heo nái bệnh (F0), gọi là 1 trường hợp bệnh, và 14 heo nái tiếp xúc trực tiếp và gián tiếp (F1, F2, F3) được thu thập mẫu để tiến hành xét nghiệm. Như vậy, mỗi trường hợp bệnh ở heo nái sẽ có 15 mẫu được thu thập. Các mẫu máu và mẫu dịch ngoáy miệng được xét nghiệm để phát

hiện sự hiện diện của ASFV bằng phương pháp realtime-PCR (OIE, 2019). Sáu chủng ASFV đại diện cho các tỉnh có trại khảo sát được chọn để giải trình tự gen nhằm xác định nguồn gốc và đa dạng di truyền qua phân tích sự tương đồng với các chủng virus đã ghi nhận ở Việt Nam và các nước khác.

Bảng 1. Thông tin mẫu thu thập từ các trại khảo sát

STT	Tỉnh	Số trại	Số trường hợp	Số lượng mẫu (F0 + F1 + F2 + F3)	
				Máu toàn phần	Dịch ngoáy miệng
1	Đồng Nai	2	3	44	
2	Lâm Đồng	2	2	30	
3	Bến Tre	1	1	15	
4	Bình Dương	1	3	45	45
5	Gia Lai	1	8	115	
6	Hà Tĩnh	1	18	258	
Tổng		8	35	507	45

2.3. Xử lý mẫu và realtime-PCR

Các mẫu máu được lấy từ tĩnh mạch cổ của các heo khảo sát và được kháng đông bởi EDTA K3 (Mediasafe, Anh). Mẫu dịch ngoáy miệng được thu thập bởi tăm bông vô trùng theo hướng dẫn của bộ kit thu mẫu PrimeStore® MTM (Longhorn, Mỹ). Sau khi thu thập, mẫu được ly trích DNA bằng bộ kit GeneJET Whole blood genomic DNA purification kit (ThermoFisher Scientific, Mỹ).

ASFV được phát hiện bằng realtime-PCR với cặp mồi và probe được thiết kế đặc hiệu cho đoạn gen p72 và chu trình nhiệt được tham khảo từ King và ctv. (2003) theo khuyến cáo từ OIE (2019). Trình tự mồi xuôi là 5'-CTGCTCATGGTATCAATCTTATCGA-3'; mồi ngược là 5'-GATACCACAAGATCAGG CCGT-3', probe là 5'-FAM/CCACGGGAGG AATACCAACCCAGTG/TAMRA-3'.

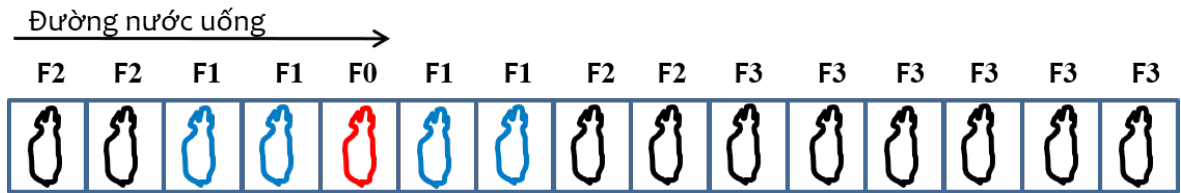
Thành phần phản ứng realtime-PCR gồm: 10 µl SensiFAST™ Probe No-ROX (Bioline, Anh); 0,5 µl hai mồi và probe (nồng độ cuối là 10 µM);

2 µl DNA mẫu và thêm nuclease free water để đạt tổng thể tích 20 µl cho mỗi phản ứng. Chu trình luân nhiệt bao gồm: 1 chu kỳ 95°C, 5 phút; 40 chu kỳ 95°C, 15 giây và 60°C, 40 giây. Kết quả mẫu âm tính khi realtime-PCR không ghi nhận được tín hiệu huỳnh quang từ ống phản ứng. Mẫu dương tính được xác định tại thời điểm khi đọc được tín hiệu huỳnh quang từ ống phản ứng và trả về giá trị Ct lớn hơn 0 (Threshold cycle). Mẫu cho kết quả dương tính mạnh khi có chu kỳ ngưỡng nhỏ hơn 30 (King và ctv., 2003).

2.4. Xác định tỷ lệ nhiễm trên heo nái theo các đặc điểm tiếp xúc, loại hình chăn nuôi và thời gian phát bệnh của trại

Tỷ lệ nhiễm trên heo nái theo các đặc điểm tiếp xúc, loại hình chăn nuôi, thời gian phát bệnh của trại được thực hiện.

Tỷ lệ nhiễm theo đặc điểm tiếp xúc được xác định theo không gian vị trí tiếp xúc với heo bệnh (F0): Tiếp xúc trực tiếp với F0 là F1, tiếp xúc gián tiếp gần với F0 là F2 và tiếp xúc gián tiếp xa với F0 là F3 (hình 1).



Hình 1. Sơ đồ mô tả vị trí heo được thu mẫu

Tiếp xúc trực tiếp với F0 là F1, tiếp xúc gián tiếp gần với F0 là F2 và tiếp xúc gián tiếp xa với F0 là F3. Các cá thể F3 chỉ được thu thập ở phía dưới theo chiều đường ống nước uống

Tỷ lệ nhiễm trên heo nái theo loại hình chăn nuôi và thời gian phát bệnh của trại được thực hiện theo chỉ tiêu được thu thập qua bảng khảo sát, gồm: Kiểu trại (trại hở, trại kín), tình trạng bệnh của trại (trại nhiễm lần đầu, trại tái nhiễm) và thời gian bộc phát (trại có thời gian phát bệnh >1 tuần, trại có thời gian phát bệnh <1 tuần).

2.5. So sánh tỷ lệ hiện diện và hàm lượng ASFV được xét nghiệm trong mẫu máu và mẫu dịch ngoáy miệng

Để so sánh tỷ lệ hiện diện và hàm lượng ASFV được xét nghiệm trong mẫu máu và dịch ngoáy miệng, mẫu nghiên cứu được lấy ở một trại với 3 trường hợp heo nái có biểu hiện dương tính với ASFV. Tổng số 45 mẫu từ các heo nái này ở các vị trí tiếp xúc như mô tả ở hình 1 được thu cả mẫu máu và dịch ngoáy miệng. Xét nghiệm realtime-PCR được tiến hành để xác định sự khác biệt về khả năng phát hiện ASFV giữa 2 loại mẫu trên cùng cá thể. Ngoài ra, realtime-PCR được tiến hành định lượng nhằm so sánh hàm lượng ASFV trong các mẫu dương tính dựa trên đường chuẩn được xây dựng bằng chuỗi nồng độ pha loãng giảm dần 10 lần của plasmid pGEM-T easy có chứa DNA p72 của ASFV được cung cấp từ phòng Thí nghiệm công nghệ sinh học - Đại học Quốc tế, Tp.HCM.

2.6. Giải trình tự và phân tích sự tương đồng gen

Sáu chủng ASFV đại diện các trại ở 6 tỉnh/thành khảo sát được chọn để giải trình tự. Các mẫu này sẽ được khuếch đại đoạn gen mã hóa protein p72 (478bp) bằng cặp mồi p72-U và p72-D (Bastos và ctv., 2003). Sản phẩm PCR tinh sạch thu được từ phản ứng khuếch đại được gửi đi để giải trình tự tại công ty MacroGen (Hàn Quốc). Kết quả trình tự được so sánh với 58 chủng ASFV tham chiếu đã được công bố trên GenBank, bằng phần mềm ClustalW. Cây sinh dòng được thiết lập bằng phương pháp neighbor-joining

(maximum composite likelihood model) trên phần mềm Mega X; với độ lặp lại (bootstrap) 1.000 lần.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Tỷ lệ nhiễm trên heo nái theo các đặc điểm tiếp xúc, loại hình chăn nuôi và thời gian phát bệnh của trại

Tỷ lệ nhiễm trên các đối tượng heo khảo sát ở trại hở cao hơn có ý nghĩa ($p < 0,05$) so với trại kín; ở các trại tái nhiễm cao hơn có ý nghĩa ($p < 0,05$) so với trại nhiễm lần đầu. Theo thời gian bộc phát bệnh, tỷ lệ nhiễm trên các đối tượng heo khảo sát trại có thời gian phát bệnh >1 tuần cao hơn rất có ý nghĩa ($p < 0,001$) so với trại có thời gian phát bệnh <1 tuần. Theo đặc điểm tiếp xúc, tỷ lệ nhiễm ở heo tiếp xúc trực tiếp với F0 cao hơn rất có ý nghĩa ($p < 0,001$) so với heo tiếp xúc gián tiếp gần với F0 và tiếp xúc gián tiếp xa với F0. Tuy nhiên, không có sự khác biệt về tỷ lệ nhiễm theo vị trí theo chiều ống nước của heo ở phía trước so với F0 và heo ở phía sau so với F0.

Theo Quembo và ctv. (2018), tỷ lệ mắc bệnh và tử vong trên heo ở bệnh ASF phụ thuộc vào độc lực của virus, vật chủ và các con đường truyền lây. Một nghiên cứu cho thấy những heo nhạy cảm nhất chung với heo nhiễm chủng ASFV Lithuania và Georgia sẽ bị nhiễm sau khi tiếp xúc trực tiếp từ 1 đến 9 ngày. Heo ở các ô bên cạnh ô chuồng có heo nhiễm ASFV cũng ghi nhận sự lây truyền xảy ra sau 6 đến 15 ngày (Guinat và ctv., 2016). ASFV được ghi nhận có thể lây truyền qua không khí ở khoảng cách ngắn (Thrusfield, 2007). Con đường truyền lây qua tiếp xúc có hiệu quả tương tự với các chủng ASFV độc lực cao từ Malawi (1962) và Tanzania (1970) (Guinat và ctv., 2016). Các kết quả của nghiên cứu này phù hợp với kết quả của một số nghiên cứu trước đây rằng những heo tiếp

xúc gần với heo nhiễm bệnh có nguy cơ mắc bệnh cao. Ngoài ra, ASFV có thể lây lan giữa các heo nái sử dụng chung máng ăn – máng uống (Nguyễn

Chế Thanh và ctv., 2021). Tuy nhiên ở khảo sát này, tất cả các trại heo đều áp dụng kiểu máng ăn và núm nước uống cá thể.

Bảng 2. Tỷ lệ nhiễm ASFV trên heo nái theo các đặc điểm khảo sát

Chỉ tiêu khảo sát	Tổng số ca	Dương tính		Âm tính		Giá trị P
		Số ca	Tỷ lệ (%)	Số ca	Tỷ lệ (%)	
Kiểu trại						
Trại hở	53	10	18,87	43	81,13	< 0,05
Trại kín	419	41	9,79	378	90,21	
Tình trạng bệnh của trại						
Trại nhiễm lần đầu	402	36	8,96	366	91,04	< 0,001
Trại tái nhiễm	70	15	21,43	55	78,57	
Thời gian bộc phát						
Trại có thời gian phát bệnh >1 tuần	81	23	28,40	58	71,60	< 0,001
Trại có thời gian phát bệnh <1 tuần	391	28	7,16	363	92,84	
Vị trí tiếp xúc với heo bệnh (F0)						
Tiếp xúc trực tiếp với F0 (F1)	142	29	20,42	113	79,58	< 0,001
Tiếp xúc gián tiếp gần với F0 (F2)	169	18	10,65	151	89,35	
Tiếp xúc gián tiếp xa với F0 (F3)	161	4	2,48	157	97,52	

ASFV là một virus rất bền, có thể tồn tại trong những điều kiện khắc nghiệt (Das và ctv., 2021) như trong phân 60 đến 100 ngày, trong nước tiểu 45 ngày, hỗn hợp bùn thải (phân với nước tiểu) 84 ngày ở 17°C (EFSA, 2014). Virus đề kháng với nhiều tác nhân vật lý, hóa học ngoài môi trường (Das và ctv., 2021) và với nhiều chất sát trùng, đặc biệt khi được bao phủ bởi chất hữu cơ (Bellini và ctv., 2016). Sức đề kháng cao và việc tồn tại lâu ở môi trường trại

nuôi có thể là nguyên nhân trại tái nhiễm có tỷ lệ heo nhiễm cao hơn trại mới nhiễm lần đầu. Ngoài ra, ASFV cũng có thể lây lan qua những những vector cơ học như ruồi *Stomoxys calcitrans* (Vergne và ctv., 2020), động vật trong trại như chó, chuột và ngay cả con người (Bellini và ctv., 2016). Đây là những vật chủ trung gian (vector) rất khó kiểm soát ở những mô hình chăn nuôi hở với việc thực hiện các biện pháp an toàn sinh học chưa đầy đủ.



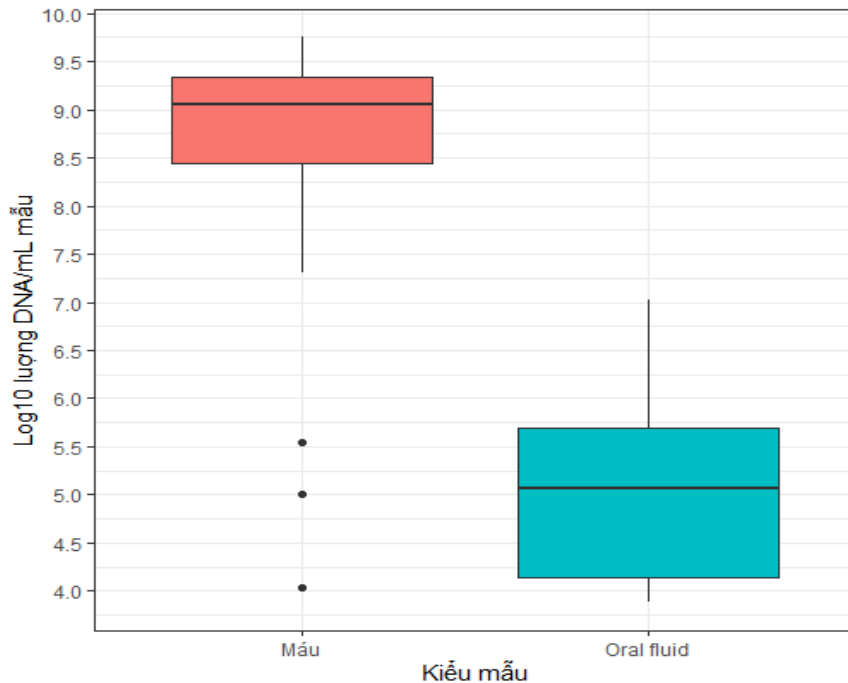
Hình 2. Một số hình ảnh trại xảy ra dịch bệnh khảo sát

A: Trại kín trong khảo sát; B: Trại hở, tiếp xúc trực tiếp với môi trường ngoài

3.2. Tỷ lệ hiện diện và hàm lượng ASFV được xét nghiệm trong mẫu máu và mẫu dịch ngoáy miệng

Tỷ lệ dương tính ở mẫu máu là 35,56% (16/45) cao hơn có ý nghĩa so với ở mẫu dịch ngoáy miệng là 22,22% (10/45). Hàm lượng ASFV trong mẫu máu cao hơn rất có ý nghĩa ($p < 0,01$) so với mẫu dịch ngoáy miệng (hình 3). ASFV có thể được phát hiện trong máu của heo gây nhiễm chủng Georgia 2007/1 từ 1 đến 3 ngày nhưng chậm hơn trong dịch miệng được phát hiện từ 3 đến 5 ngày (Goonewardene và ctv., 2021). Ở Việt Nam, trên những heo được gây nhiễm chủng ASFV thực địa, có thể phát hiện ASFV lần đầu tiên trong máu với nồng độ $10^{3,5}$ HAD₅₀/mL vào thời điểm $2,2 \pm 0,8$ ngày và khoảng 3 ngày ở dịch miệng thu thập đây

nhai cotton (Lee và ctv., 2021). Theo Walczak và ctv. (2020), một thời gian ngắn sau khi nhiễm trùng huyết, ASFV được bài thải trong nước tiểu, phân và nước bọt (dịch miệng). Tác giả cũng mô tả rằng tải lượng ASFV trong máu ($>10^6$ HAD₅₀/mL) cao hơn trong dịch ngoáy miệng ($>10^2$ HAD₅₀/mL) và các dịch thể khác. Như vậy, kết quả của nghiên cứu này phù hợp với kết quả của các nghiên cứu trước đây. Mặc dù, dịch ngoáy miệng có nhiều thuận lợi trong thu thập và không xâm lấn, nhưng thời gian phát hiện chậm sau nhiễm có thể dẫn đến sai lầm trong việc phản ứng nhanh để phát hiện, loại trừ heo nhiễm trong đàn có dịch hoặc heo giống nhập đàn nhiễm trùng nhưng chưa bộc phát trên lâm sàng.

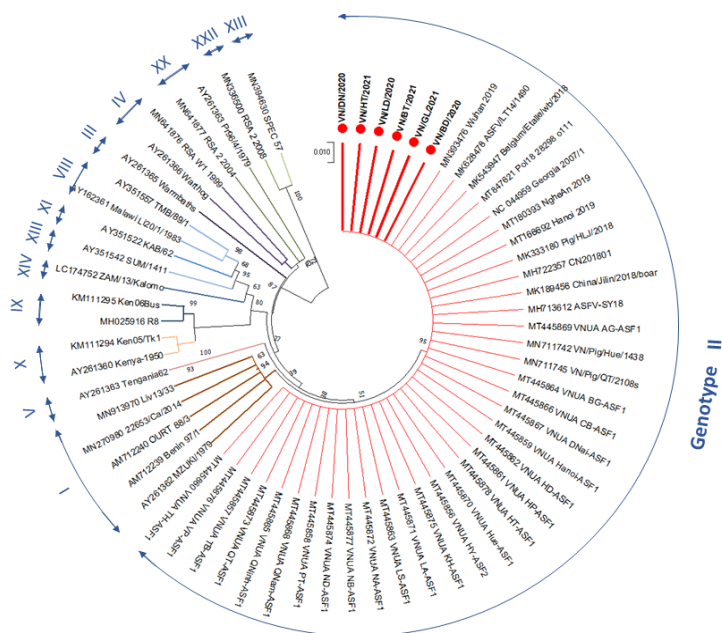


Hình 3. Hàm lượng ASFV (log10 DNA/mL) trong mẫu máu và mẫu dịch ngoáy miệng (Oral fluid)

3.3. Sự tương đồng trình tự gen của ASFV thu thập tại các trại khảo sát với một số chủng trước đây

Sáu chủng ASFV thực địa từ các trại ở sáu tỉnh được giải trình tự thành công, được đặt tên

và công bố trên GenBank: VN/DN/2020 (mã số OK513536), VN/LD/2020 (mã số OK513537), VN/HT/2021 (mã số OK513538), VN/BT/2021 (mã số OK513539), VN/GL/2021 (mã số OK513540) và VN/BD/2020 (mã số OK513541) (hình 4).



Hình 4. Cây sinh dòng 6 chủng virus ASF thu thập ở trại khảo sát (●), được thiết lập bằng phương pháp neighbor-joining (Maximum-likelihood) cho đoạn gen mã hóa p72 và các chủng tham chiếu trên GenBank. Số hiển thị tại các node thể hiện giá trị bootstrap.

Kết quả phân tích cho thấy tất cả 6 chủng ASFV đều thuộc genotype II và tương đồng với các chủng đã được xác định tại Việt Nam, và các nước lân cận. ASFV là virus DNA sợi kép rất bền với khả năng đột biến rất thấp (Dixon và ctv., 2020). Kết quả cho thấy các chủng ASFV trong khảo sát có chung một nguồn gốc ban đầu.

IV. KẾT LUẬN

Tỷ lệ nhiễm trên các đối tượng heo khảo sát ở trại hở cao hơn trại kín, ở trại tái nhiễm cao hơn trại nhiễm lần đầu, ở trại có thời gian phát bệnh >1 tuần cao hơn trại có thời gian phát bệnh <1 tuần, và ở heo tiếp xúc trực tiếp cao hơn heo tiếp xúc gián tiếp. Tỷ lệ dương tính và hàm lượng ASFV ở mẫu máu cao hơn mẫu dịch ngóáy miệng.

Việc phát hiện sớm ca bệnh để cô lập, cách ly khẩn cấp đối tượng nhiễm chính (F0, F1) và khử trùng khu vực xung quanh đảm bảo không để ASFV bài thải và lây lan có ý nghĩa quan trọng trong xử lý dịch bệnh.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Bastos, A.D., Penrith, M.L., Cruciere, C., Edrich, J.L., Hutchings, G., Roger, F., Couacy- Hymann, E. and Thomson, G.R., 2003. Genotyping field strains of African swine fever virus by partial p72 gene characterisation. *Archives of Virology* 148: 693-706.
2. Bellini, S., Rutili, D. and Guberti, V., 2016. Preventive measures aimed at minimizing the risk of African swine fever virus spread in pig farming systems. *Acta Veterinaria Scandinavica* 58:82.
3. Das, S., Deka, P., Deka, P., Kalita, K., Ansari, T., Hazarika, R. and Barman, N.N., 2021. African swine fever: Etiology, epidemiology, control strategies and progress toward vaccine development: A comprehensive review. *Journal of Entomology and Zoology Studies* 9(1): 919-929.
4. Dixon, L.K., Stahl, K., Jori, F., Vial, L. and Pfeiffer, D.U., 2020. African swine fever epidemiology and control. *Annual Review of Animal Biosciences* 8, 221-246.

5. Dominique, P., 2021. Analysis: African swine fever inflicts renewed toll on northern China's hog herd. *Reuters*, www.reuters.com.
6. EFSA AHAW Panel (EFSA Panel on Animal Health and Welfare), 2014. Scientific Opinion on African swine fever. *EFSA Journal* 12(4):3628, 77 pp.
7. Ge, S., Li, J., Fan, X., Liu, F., Li, L., Wang, Q., Ren, W., Bao, J., Liu, C., Wang, H., Liu, Y., Zhang, Y., Xu, T., Wu, X. and Wang, Z., 2018. Molecular characterization of African swine fever virus, China, 2018. *Emerging Infectious Diseases* 24(11): 2131–2133.
8. Goonewardene, K.B., Chung, C.J., Goolia, M., Blakemore, L., Fabian, A., Mohamed, F., Nfor, C., Clavijo, A., Dodd, K.A. and Ambagala, A., 2021. Evaluation of oral fluid as an aggregate sample for early detection of African swine fever virus using four independent pen-based experimental studies. *Transboundary and Emerging Diseases* 68:2867–2877.
9. Guinat, C., Gogin, A., Blome, S., Keil, G., Pollin, R., Pfeiffer, D.U. and Dixon, L., 2016. Transmission routes of African swine fever virus to domestic pigs: current knowledge and future research directions. *The Veterinary record* 178(11):262–267.
10. Guinat, C., Reis, A.L., Netherton, C.L., Goatley, L., Pfeiffer, D.U. and Dixon, L.K., 2014. Dynamics of African swine fever virus shedding and excretion in domestic pigs infected by intramuscular inoculation and contact transmission. *Veterinary Research* 45(1):93.
11. King, D.P., Reid, S.M., Hutching, G.H., Grierson, S.S., Wilkinson, P.J., Dixon, L.K., Bastos, A.D.S. and Drew, T.W., 2003. Development of a TaqMan® PCR assay with internal amplification control for the detection of African swine fever virus. *Journal of Virology Methods* 107: 53–61.
12. Le, V.P., Jeong, D.G., Yoon, S., Kwon, H., Thi, B.N.T., Thi, L.N., Thi, T.N.B., Oh, J., Kim, J.B., Cheong, K.M., Nguyen, V.T., Bae, E., Thi, T.H.V., Yeom, M., Na, W. and Song, D., 2019. Outbreak of African swine fever, Vietnam, 2019. *Emerging Infectious Diseases* 25(7):1433-1435.
13. Lee, H.S., Bui, V.N., Dao, D.T., Bui, N.A., Le, T.D., Kieu, M.A., Nguyen, Q.H., Tran, H.L., Roh, J.H., So, K.M., Hur, T.Y. and Oh, S.I., 2021. Pathogenicity of an African swine fever virus strain isolated in Vietnam and alternative diagnostic specimens for early detection of viral infection. *Porcine Health Management* 7, 36 (2021).
14. Linan, W., 2020. Direct from China: A look at ASF biosecurity changes, testing and vaccine development. *The Pig Site*, www.thepigsite.com.
15. Nguyễn Chế Thanh, Nguyễn Quỳnh Như, Lại Công Danh và Đỗ Tiến Duy, 2021. Một số đặc điểm của bệnh dịch tả heo châu Phi qua khảo sát diễn biến ở các ổ dịch. *Tạp chí Khoa học kỹ thuật Thú y* 28(2): 21-29.
16. OIE, 2019. *OIE Terrestrial Manual*. OIE Chapter 3.8.1
17. Quembo, C.J., Jori, F., Vosloo, W. and Heath, L., 2018. Genetic characterization of African swine fever virus isolates from soft ticks at the wildlife/domestic interface in Mozambique and identification of a novel genotype. *Transboundary and Emerging Diseases* 65: 420-431.
18. Salguero, F.S., 2020. Comparative pathology and pathogenesis of African swine fever infection in swine. *Frontiers in Veterinary Science* 7:282.
19. Thrusfield, M., 2007. *Veterinary Epidemiology*. 3rd ed. United State: Blackwell Publishing.
20. Vergne, T., Andraud, M., Bonnet, S., Regge, N.D., Desquesnes, M., Fite, J., Eto, F., Garigliany, M., Jori, F., Lempereur, L., Potier, M.L., Quillery, E., Saegerman, C., Vial, L. and Bouhsima, R., 2020. Mechanical transmission of African swine fever virus by *Stomoxys calcitrans*: Insights from a mechanistic model. *Transboundary and Emerging Diseases* 00:1–9.
21. Walczak, M., Zmudzki, J., Mazur-Panasiuk, N., Juskiewicz, M. and Wozniakowski, G., 2020. Analysis of the clinical course of experimental infection with highly pathogenic African swine fever strain, isolated from an outbreak in Poland. aspects related to the disease suspicion at the farm level. *Pathogens* 2020, 9(3), 237.

Ngày nhận 26-11-2021

Ngày phản biện 21-12-2021

Ngày đăng 1-5-2022