

PHÁT HIỆN VÀ XÁC ĐỊNH TYPE VIRUS PARVO LƯU HÀNH TRÊN CHÓ NUÔI TẠI VIỆT NAM

Nguyễn Văn Dũng¹, Bùi Thị Tố Nga^{2*}
*Tác giả liên hệ email: buitonga@gmail.com

TÓM TẮT

Virus parvo trên chó (CPV) là một trong những mầm bệnh truyền nhiễm nguy hiểm gây bệnh viêm ruột trên chó nuôi. Mặc dù đã có một số nghiên cứu trước đây về CPV tại Việt Nam, nhưng thông tin về sự lưu hành các type CPV vẫn còn hạn chế. Mục đích của nghiên cứu này nhằm cập nhật tình hình lưu hành của các type CPV-2 trên chó nuôi tại Việt Nam. Kết quả nghiên cứu xác định kiểu gen của 44 chủng CPV-2 thu thập từ các khu vực miền Bắc, miền Trung và miền Nam cho thấy CPV-2c là type lưu hành chính trên chó nuôi tại Việt Nam (97,7%). Ngoài ra, nghiên cứu cũng phát hiện chủng new CPV-2a lưu hành tại khu vực miền Trung với tỷ lệ thấp (2,7%). Phân tích di truyền cho thấy CPV-2c thuộc nhóm Asian CPV-2c và có mức độ tương đồng amino acid cao (99,4-100%) với các biến thể mới CPV-2c được phát hiện tại Trung Quốc. Điều này cho thấy có sự tiến hóa của CPV-2 tại Việt Nam và có sự lây truyền bệnh giữa các quốc gia có chung biên giới.

Từ khóa: Chó nuôi, CPV-2, định type, Việt Nam.

Detection and genotyping of canine parvovirus in domestic dogs in Viet Nam

Nguyen Van Dung, Bui Thi To Nga

SUMMARY

Canine parvovirus (CPV) is one of the most important pathogens causing enteritis in domestic dogs. Although, there were a few reports of CPV in Viet Nam, recent information on CPV infection in domestic dogs in Viet Nam is limited. The aim of this study was to update information of CPV-2 types in domestic dogs in Viet Nam. A total of 44 CPV-2 strains were collected from provinces in the Northern, Central and Southern of Viet Nam using for genetic analysis to determine type of CPV-2. The studied results indicated that CPV-2c was predominant type circulating in domestic dogs in Viet Nam (97.7%). In addition, this study also determined new CPV-2a strain circulating in the Central of Viet Nam with a low rate (2.7%). Genetic analysis showed that CPV-2c belonged to the Asian CPV-2c group and had a high level of amino acid similarity (99.4-100%) with new variant CPV-2c strains from China. The results indicated that there was an evolution of Vietnamese CPV-2 and transmission between neighbor countries.

Keywords: Dogs, CPV-2, genotype, Viet Nam.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bệnh parvo trên chó có tính chất lây nhiễm mạnh và tỷ lệ tử vong cao trên chó, đặc biệt trên chó non. Bệnh do canine parvovirus type 2 (CPV-2) gây ra. CPV-2 là một DNA virus sợi đơn, thuộc họ *Parvoviridae*, giống

Protoparvovirus. Bộ gen của CPV mã hóa 3 protein cấu trúc (VP1, VP2 và VP3) và hai protein không cấu trúc (NS1 và NS2). Protein VP2 có thể phân cắt tạo thành protein VP3 bởi enzyme protease của vật chủ sau giai đoạn lắp ráp hạt virion. Protein VP2 đóng vai trò rất quan trọng trong tính kháng nguyên cũng như xác định các loài vật chủ cảm nhiễm (Phromnoi và cs., 2010).

¹ Chi cục Chăn nuôi và Thú y Thành phố Hồ Chí Minh

² Khoa Thú y, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

CPV-2 lần đầu tiên được xác định vào cuối thập niên 1970, được xem là tác nhân gây bệnh viêm dạ dày-ruột xuất huyết nghiêm trọng trên chó. Vào những năm 80, CPV-2 có sự biến đổi kháng nguyên và dựa vào sự sai khác về vị trí của các amino acid trên đoạn gen VP2, các chủng CPV-2 được đặt tên là CPV-2a (VP2: 87Leu, 101Thr, 300Gly, 305Tyr, 375Asp, 426Asn, 555Ile) và CPV-2b (VP2: 87Leu, 101Thr, 300Gly, 305Tyr, 375Asp, 426Asp). Sau đó, CPV-2a và CPV-2b có sự thay đổi amino acid tại vị trí 297 từ Ser thành Ala trên VP2 nên được xác định là CPV-2a mới (New CPV-2a) và CPV-2b mới (New CPV-2b). Năm 2000, CPV-2c (VP2: 426Glu) được phát hiện ở Italy và sau đó lan rộng nhiều nước châu Âu, Mỹ và châu Á. Một biến thể mới có tên là CPV-2c châu Á với đột biến 4 amino acid điển hình (5G, 267Y, 324I và 370R) đã lan rộng ở châu Á từ năm 2013 (Liu và cs., 2021). Gần đây, một biến thể mới (“new-var” CPV-2c của Việt Nam) mang theo sự thay thế I447M so với biến thể CPV-2c châu Á đã được xác định tại Việt Nam (Nguyen và cs., 2021).

Tại Việt Nam, một vài báo cáo trước đây cho thấy CPV-2b và CPV-2c được xác định là genotype lưu hành trên chó tại Việt Nam. Tuy nhiên, trong những năm gần đây thông tin về type CPV-2 lưu hành trên chó cũng còn hạn chế, do đó mục tiêu của nghiên cứu này là cập nhật và cung cấp thông tin type CPV-2 lưu hành tại Việt Nam, làm cơ sở cho việc xây dựng các biện pháp phòng, trị bệnh ngày càng hiệu quả hơn.

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

2.1. Nội dung

- Xác định type CPV-2 lưu hành phổ biến trên chó nuôi tại một số tỉnh ở khu vực miền Bắc, miền Trung và miền Nam.

2.2. Nguyên liệu

Mẫu swab phân: mẫu được thu thập từ 44 chó biểu hiện lâm sàng viêm ruột, tiêu chảy từ các phòng khám Thú y tại 3 miền Bắc - Trung - Nam (bảng 1). Mẫu swab được hòa tan trong 2ml dung dịch đệm PBS (phosphate-buffer saline), mẫu dịch ngoáy được lọc qua lọc 0,22 μ m và được bảo quản -80°C cho đến khi thực hiện các xét nghiệm. Các thông tin về tuổi, giống, giới tính... được ghi nhận trong quá trình thu mẫu.

2.3. Phương pháp nghiên cứu

2.3.1. Tách chiết DNA virus và PCR

DNA virus được tách chiết từ mẫu swab bằng bộ kit QIAamp DNA Mini Kit (Qiagen) theo hướng dẫn của nhà sản xuất. Phản ứng PCR được thực hiện sử dụng bộ kit TaKaRa Ex Taq kit (TaKaRa) với cặp primer 555F (5'-CAGGAAGATATCCAGAAGGA-3') và 555R (5'-GGTGCTAGTTGATATGTAATAAAC A-3') (Buonavoglia và cs., 2001). Chu kỳ nhiệt của PCR như sau: 94°C trong 2 phút; 40 chu kỳ với 98°C trong 10 giây, 50°C trong 30 giây và 72°C trong 1 phút; kết thúc 40 chu kỳ nhiệt với bước kéo dài ở 75°C trong 5 phút. Sản phẩm của phản ứng PCR (583bp) được phát hiện dựa trên việc điện di trên agarose 2%.

2.3.2. Giải trình tự gen VP2 xác định type của CPV-2

Sản phẩm PCR của các mẫu dương tính với CPV-2 được tinh sạch bằng bộ kit TopPURE® PCR/ Gel DNA Purification Kit (ABT Ltd.co, Vietnam) trước khi giải trình tự nucleotide. Sử dụng cặp mồi 555F và 555R cho giải trình tự gen VP-2. Mẫu sản phẩm PCR sau khi tinh sạch được gửi sang Macrogen (Hàn Quốc) giải trình tự nucleotide bằng phương pháp Sanger.

2.3.3. Phân tích dữ liệu

Xây dựng cây phát sinh dòng sử dụng phương pháp Neighbor-Joining với phần mềm MEGA 11 (Tamura và cs., 2021). Giá trị bootstrap được tính toán với 1.000 lặp lại. Trình tự amino acid được suy diễn từ trình tự nucleotide dựa vào phần mềm MEGA 11.

Bảng 1. Thông tin dịch tễ liên quan mẫu bệnh phẩm lấy trên chó nuôi tại các tỉnh, thành phố

Ký hiệu mẫu	Ngày lấy	Tuổi (tháng)	Giới tính	Giống	Tiêm vaccin	Nhiệt độ (°C)	Tỉnh/thành phố	Type
P20/20	9/7/2020	6	Cái	Poodle	1 mũi	39,5	Hà Nội	CPV-2c
P20/21	5/6/2020	7	Đực	Chó lai Nhật	1 mũi	39,8	Hà Nội	CPV-2c
P20/22	9/7/2020	3	Cái	Poodle	0	39,2	Hà Nội	CPV-2c
P20/23	22/6/2020	2,5	Cái	Chó đốm	0	40	Hà Nội	CPV-2c
P20/24	6/7/2020	3	Đực	Poodle	0	38,5	Hà Nội	CPV-2c
P20/25	6/7/2020	4	Đực	Poodle	0	39,2	Hà Nội	CPV-2c
P20/26	30/6/2020	3	Đực	Bắc Kinh lai Nhật	0	39,5	Hà Nội	CPV-2c
P20/28	10/6/2020	4	Đực	Poodle	3 mũi	38,8	Hà Nội	CPV-2c
P20/41	2/6/2020	6	Cái	Lai	1 mũi	40	Hà Nội	CPV-2c
P20/42	2/6/2020	6	Cái	Poodle	3 mũi	38,5	Hà Nội	CPV-2c
P20/43	2/6/2020	4	Đực	Becgie	1 mũi	39,5	Hà Nội	CPV-2c
P20/44	2/6/2020	3	Cái	Becgie	0	39,8	Hà Nội	CPV-2c
P20/45	2/7/2020	3,5	Đực	Poodle	0	38	Hà Nội	CPV-2c
P20/49	25/6/2020	2	Cái	Poodle	0	39,5	Hà Nội	CPV-2c
P20/51	16/6/2020	2	Đực	Mông cộc	Không rõ	39,8	Hà Nội	CPV-2c
P20/52	24/5/2020	3	Đực	Chó lai	1 mũi	38,5	Hà Nội	CPV-2c
P20/53	31/5/2020	42 ngày	Cái	Corgi	1 mũi	40	Hà Nội	CPV-2c
P20/54	11/6/2020	43 ngày	Đực	Corgi	1 mũi	39,7	Hà Nội	CPV-2c
HCM21/1	1/9/2020	12	Đực	Việt Nam	0	39,7	HCM	CPV-2c
HCM21/2	3/9/2020	2	Cái	Fox	0	37,6	HCM	CPV-2c
HCM21/3	9/9/2020	3	Cái	Lai Fox	0	37,5	HCM	CPV-2c
HCM21/4	11/9/2020	4	Đực	Việt Nam	0	38,5	HCM	CPV-2c
HCM21/5	9/14/2020	12	Cái	Poolde	0	39	HCM	CPV-2c
HCM21/6	9/15/2020	6	Đực	Việt Nam	0	38,2	HCM	CPV-2c
HCM21/7	9/15/2020	5	Đực	Việt Nam	0	40,9	HCM	CPV-2c
HCM21/8	9/18/2020	2	Cái	Fox	0	38,8	HCM	CPV-2c
HCM21/9	9/21/2020	3	Cái	Việt Nam	0	39,4	HCM	CPV-2c
HCM21/10	9/28/2020	7	Cái	Việt Nam	0	38,1	HCM	CPV-2c
HCM21/11	9/30/2020	10	Đực	Việt Nam	0	39,5	HCM	CPV-2c
HCM21/12	1/10/2020	4	Cái	Poodle	0	39,2	HCM	CPV-2c
HCM21/13	1/10/2020	10	Đực	Việt Nam	0	38,6	HCM	CPV-2c
15-P21/15 NA	1/3/2021	5	Đực	chó ta trắng	1	38,2	Nghệ An	CPV-2c
16-P21/16 NA	1/3/2021	8	Cái	Chó ta	1	39,5	Nghệ An	CPV-2c
17-P21/17 NA	1/3/2021	5	Cái	Poodle nâu	0	40	Nghệ An	CPV-2c
22-P21/22 NA	1/3/2021	1,5	Đực	Rot	0	39,7	Nghệ An	CPV-2c
23-P21/23 NA	1/3/2021	1,5	cái	Rot	0	38,5	Nghệ An	CPV-2c
24-P21/24 NA	1/3/2021	5	Cái	Shila lai	1	39,8	Nghệ An	CPV-2c
25-P21/25TN	1/3/2021	1	Đực	Fox	0	39,6	Tây Nguyên	CPV-2c
26-P21/26 TN	1/3/2021	2	Đực	Poodle đen	0	39,8	Tây Nguyên	CPV-2a
27- P21/27 TN	1/3/2021	1	Cái	Lai	0	38,5	Tây Nguyên	CPV-2c
28-P21/28 TN	1/3/2021	3	Cái	Lai	0	40	Tây Nguyên	CPV-2c
8-P21/08 DL	1/3/2021	1	Đực	Việt Nam	0	40,3	ĐắkLắk	CPV-2c
9 P21/09 DL	2/3/2021	1	Cái	Việt Nam	0	39,8	ĐắkLắk	CPV-2c
10-P21/10 DL	3/3/2021	2	Đực	Việt Nam	0	39,6	ĐắkLắk	CPV-2c

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Giải trình tự gen VP2 và xác định type của CPV-2

Trong tổng số 44 mẫu giải trình tự nucleotide một phần gen VP2 (519nt), có 43 mẫu có amino acid ở vị trí 426 trong protein VP2 là glutamic acid và được xác định là type CPV-2c (bảng 2).

Bảng 2. Xác định type CPV-2 dựa trên sự khác nhau amino acid của gen VP2

Vị trí	Sự thay đổi amino acid trên VP2 của các type CPV-2							
	87	101	297	300	305	375	426	555
CPV-2	Met	Ile	Ser	Ala	Asp	Asn	Asn	Val
CPV-2a	Leu	Thr	Ser	Gly	Tyr	Asp	Asn	Ile
CPV-2b	Leu	Thr	Ser	Gly	Tyr	Asp	Asp	Val
New CPV-2a	Leu	Thr	Ala	Gly	Tyr	Asp	Asn	Val
New CPV-2b	Leu	Thr	Ala	Gly	Tyr	Asp	Asp	Val
CPV-2c	Leu	Thr	Ala	Gly	Tyr	Asp	Glu	Val
Các chủng CPV-2 trong nghiên cứu này								
P20/20	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/21	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/22	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/23	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/24	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/25	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/26	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/28	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/41	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/42	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/43	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/44	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/45	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/49	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/51	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/52	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/53	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
P20/54	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
HCM21/1	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
HCM21/2	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
HCM21/3	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
HCM21/4	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
HCM21/5	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
HCM21/6	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
HCM21/7	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
HCM21/8	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
HCM21/9	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
HCM21/10	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
HCM21/11	-	-	-	-	-	-	Glu	Val

HCM21/12	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
HCM21/13	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
15-P21/15 NA	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
16-P21/16 NA	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
17-P21/17 NA	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
22-P21/22 NA	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
23-P21/23 NA	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
24-P21/24 NA	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
25-P21/25TN	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
26-P21/26 TN	-	-	-	-	-	-	Asn	Val
27- P21/27 TN	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
28-P21/28 TN	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
8-P21/08 DL	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
9 P21/09 DL	-	-	-	-	-	-	Glu	Val
10-P21/10 DL	-	-	-	-	-	-	Glu	Val

Một mẫu ký hiệu 26-P21/26 TN có amino acid ở vị trí 426 là Asparagine, chủng CPV-2 này có thể thuộc CPV-2/2a. Để xác định chính xác type của chủng này, phân tích trình tự toàn bộ gen VP2 của chủng đã được thực hiện (dữ liệu không trình bày trong bài báo), kết quả cho thấy chủng 26-P21/26 TN thuộc New CPV-2a (Asparagine ở vị trí 426 trên protein VP2: phân biệt với CPV-2b và CPV-2c; 87 Leucine, 101 Threonine 297 Alanine: phân biệt CPV-2, CPV-2a). Tiến hành phân tích toàn bộ gen VP2 của một số chủng đại diện cho thấy chủng CPV-2c trong nghiên cứu này có các đột biến tại các vị trí 5G, 267Y, 324I, 370R và 447M, cho thấy các chủng này thuộc biến thể mới CPV-2c Việt Nam (“new var” CPV-2c Vietnam) (dữ liệu phân tích toàn bộ gen VP2 chưa công bố).

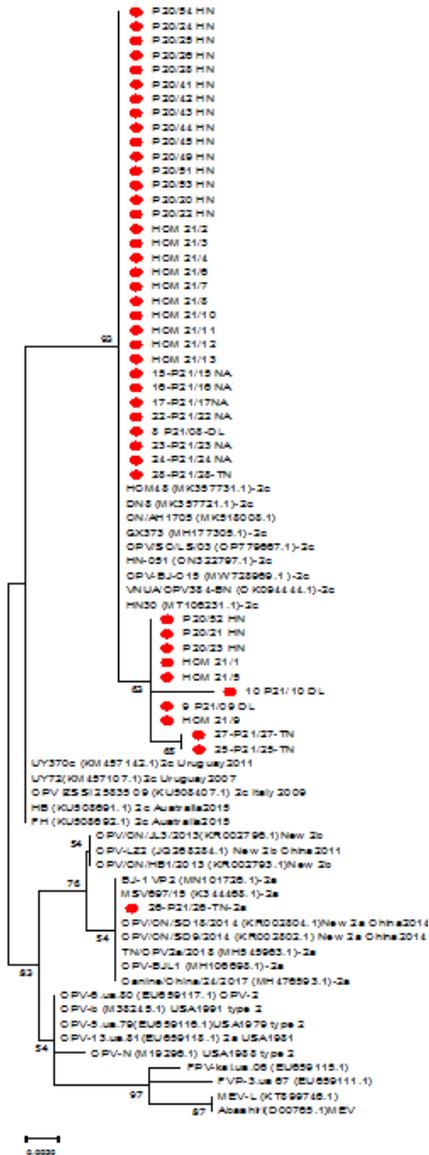
Điều này cho thấy, CPV-2c (chiếm tỷ lệ 97,7%) là type virus lưu hành chính trên chó nuôi tại Việt Nam. Ngoài ra, New CPV-2a cũng được phát hiện trong nghiên cứu này với tỷ lệ lưu hành thấp (2,27%). Các công bố về sự lưu hành của CPV-2 tại Việt Nam trước đây phát hiện thấy biến thể mới CPV-2c xuất hiện chủ yếu ở các đô thị, thành phố lớn (Nguyen và cs., 2021). Trong nghiên cứu

này, biến thể mới CPV-2c phát hiện cả ở khu vực Tây Nguyên, miền núi; chứng minh mức độ lây lan nhanh và rộng của chủng này tại Việt Nam.

Một số kết quả nghiên cứu trước đây tại Việt Nam cho thấy CPV-2b là genotype chính lưu hành trên mèo nhà, loài báo (Ikeda và ctv, 2000). Năm 2004, kết quả nghiên cứu tại Việt Nam của Nakamura và ctv cho thấy tỷ lệ nhiễm CPV-2b là 87,5% (7/8) và CPV-2c là 12,5% (1/8). CPV-2a và CPV-2b đã được báo cáo là type chính lưu hành tại châu Á, Úc (Meer và ctv, 2007; Lin và ctv, 2014); và CPV-2c là type không phổ biến. Gần đây, CPV-2c đã được báo cáo là type chính lưu hành nhiều quốc gia châu Âu như Ý, Đức, Tây Ban Nha (Buonavoglia và ctv, 2001; Decaro và ctv, 2007; Gallo và ctv, 2012; Cságola và ctv, 2014). Trong nghiên cứu này, có 43 chủng CPV-2 thuộc CPV-2c và một chủng thuộc New CPV-2a. Như vậy, type chính gây bệnh trên chó nuôi tại Việt Nam hiện nay là CPV-2c. Điều này có thể dẫn đến công tác phòng chống bệnh có thể khó khăn hơn do các chủng CPV-2 vacxin hiện nay thuộc CPV-2a hoặc CPV-2b.

3.2. Xây dựng cây phát sinh loài dựa trên gen VP2 (519nt) của CPV-2

Qua kết quả phân tích cây phát sinh dòng dựa trên gen VP2 cho thấy chủng New CPV-2a ở Việt Nam có quan hệ họ hàng gần với chủng New CPV-2a ở Trung Quốc và chủng “new-var” CPV-2c Việt Nam quan hệ họ hàng gần với các chủng CPV-2c ở Trung Quốc (hình 1) và các chủng CPV-2c của Việt Nam đã công bố trước đây.



Hình 1. Cây phát sinh loài dựa trên một phần trình tự nucleotide (519nt) gen VP-2, giá trị bootstrap với 1.000 lần lặp lại. Các chủng CPV-2 trong nghiên cứu này được đánh dấu vòng tròn tô màu (●)

Điều này cho thấy có thể có sự truyền lây giữa các vùng địa lý khác nhau trong nước và cũng có sự truyền lây giữa các quốc gia có đường biên giới chung. Các chủng CPV-2c trong nghiên cứu này cũng tách nhóm xa các chủng CPV-2c của châu Âu, châu Úc và gần gũi với các CPV-2c của các nhóm nước châu Á. Điều này cho thấy các chủng CPV-2c tại Việt Nam thuộc nhóm Asian CPV-2c. Kết quả nghiên cứu này cũng tương tự như một số nghiên cứu trước đây (Nguyễn Thị Yến Mai và ctv, 2020; Nguyen và ctv, 2021; Bui và ctv, 2023). Mức độ tương đồng amino acid giữa các chủng trong nghiên cứu này từ 98,4-100%. Các chủng CPV-2c có mức độ tương đồng cao (99, 4-100%) với các chủng được phát hiện tại Trung Quốc như CPV-BJ-C15 (MW726989), GX 373 (MH177305), CN/AH1705 (MK518008). Chủng New CPV-2a (26-P21/26 TN) trong nghiên cứu này có mức tương đồng cao (100%) với chủng BJ1-VP2 (MN101726), CPV/CN/SD18/2014 (KR002804) và Canine/China/24/2017 (MH106698).

Như vậy, những dữ liệu nghiên cứu đã chỉ ra rằng có sự tiến hóa của chủng CPV cổ điển tại Việt Nam và thay đổi type CPV-2 theo thời gian và CPV-2c là type lưu hành chính trên chó nuôi tại Việt Nam hiện nay. Một số trường hợp trong nghiên cứu này cho thấy, các chó đã được tiêm phòng nhưng vẫn phát bệnh do CPV-2. Ngoài nguyên nhân tiêm phòng không đúng liệu trình, không đúng kỹ thuật, việc xem xét hiệu quả vaccin phòng bệnh CPV-2c cần được quan tâm đánh giá hiệu quả do phần lớn chủng virus vaccin là CPV-2a và CPV-2b.

IV. KẾT LUẬN

Bệnh parvo là một trong bệnh truyền nhiễm gây bệnh lý nghiêm trọng trên chó nuôi do CPV - 2 gây ra. CPV-2 có sự tiến hóa liên tục, khó dự đoán trong những thập kỷ gần đây. Biểu thể mới CPV-2c là type chính đang lưu hành trên chó nuôi tại Việt Nam (97,7%) và thuộc nhóm Asian CPV-2c. Các chủng CPV-2c được phát hiện trong nghiên cứu có mức độ tương đồng cao với các

chủng CPV-2c được phát hiện tại Trung Quốc. Phân tích các biến chủng CPV-2 là rất quan trọng để hiểu rõ hơn về dịch bệnh do virus parvo trên chó. Việc giám sát, cập nhật liên tục sự biến đổi về mặt di truyền của các chủng CPV-2 là cần thiết để có thông tin cho việc lựa chọn vaccin phòng bệnh cũng như là tiền đề cho nghiên cứu phát triển vaccin trong nước.

Lời cảm ơn: Nghiên cứu này được Quỹ NAFOSTED tài trợ (No.106.05-2018.337). Nghiên cứu được sự giúp đỡ, hỗ trợ của Hệ thống thú y 2Vet, Bệnh viện Thú cưng Thanh Xuân Đắk Lắk, Bệnh viện Thú y Thành phố Vinh (Nghệ An), Chi cục Thú y Thành phố Hồ Chí Minh, các cán bộ và sinh viên thuộc bộ môn Bệnh lý Thú y - Khoa Thú y - Học viện Nông nghiệp Việt Nam.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Buonavoglia C, Martella V, Pratelli A, Tempesta M, Cavalli A, Buonavoglia D, Bozzo, G, Elia G, Decaro N, Carmichael L., 2001. Evidence for evolution of canine parvovirus type 2 in Italy. *J. Gen. Virol.* 82: 3021-3025.
- Decaro N, Desario C, Addie D.D, Martella V, Vieira M.J, Elia G, Zicola A, Davis C, Thompson G, Thiry E, Truyen U, Buonavoglia C., 2007. Molecular epidemiology of canine parvovirus, Europe. *Emerg. Infect. Dis.* 13: 1222-1224.
- Gallo Calderón M, Wilda M, Boado L, Keller L, Malirat V, Iglesias M, Mattion N, La Torre J., 2012. Study of canine parvovirus evolution: comparative analysis of full-length VP2 gene sequences from Argentina and international field strains. *Virus Genes* 44:32-39.
- Hoang, M., Lin, W. H., Le, V. P., Nga, B. T. T., Chiou, M. T., & Lin, C. N., 2019. Molecular epidemiology of canine parvovirus type 2 in Vietnam from November 2016 to February 2018. *Virol. J.* 2019, 16(1)
- Lin C.N, Chien C.H, Chiou M.T, Chueh L.L, Hung, M.Y, Hsu H.S., 2014. Genetic characterization of type 2a canine parvoviruses from Taiwan reveals the emergence of an Ile324 mutation in VP2. *Virol. J.* 2014, 11: 39.
- Nakamura M, Tohya Y, Miyazawa T, Mochizuki M, Phung H.T.T, Nguyen N.H, Huynh L.M.T, Nguyen L.T, Nguyen P.N, Nguyen P.V, Nguyen N.P.T, Akashi H., 2004. A novel antigenic variant of canine parvovirus from a Vietnamese dog. *Arch. Virol.* 149: 2261-2269.
- Nguyen Manh, T., Piewbang, C., Rungsipipat, A., and Techangamsuwan, S., 2021. Molecular and phylogenetic analysis of Vietnamese canine parvovirus 2C originated from dogs reveals a new Asia-IV clade. *Transboundary and emerging diseases* 68, 1445-1453.
- Phromnoi S, Sirinarumit K, Sirinarumit T., 2010. Sequence analysis of VP2 gene of canine parvovirus isolates in Thailand. *Virus Genes* 41, 23-29.
- Koichiro Tamura, Glen Stecher, and Sudhir Kumar, 2021. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution* 38:3022-3027.
- Bui, T. T. N., Hoang, M., Nguyen, V. D., Nam Nguyen, M., & Than, V. T., 2023. Molecular characterisation of the current high prevalence of the new CPV-2c variants in the Southern Vietnamese dogs signifies a widespread in the worldwide dog population. *Veterinary Medicine and Science*, 9, 1553-1563.
- Nguyen Van D, Le TDH, Maeda K., 2022. Transition of dominant canine parvovirus genotype from 2b to 2c in Vietnamese dogs. *Vet Ital.* 2022 Dec 30;58(2). doi: 10.12834/VetIt.2237.13437.2. PMID: 36586117.

Ngày nhận: 20-4-2024

Ngày phản biện: 15-5-2024

Ngày đăng: 1-6-2024