

# SỰ ĐỒNG NHIỄM CỦA VIRUS DỊCH TẢ HEO CỔ ĐIỂN VÀ CÁC MẦM BỆNH PHỔ BIẾN TRONG NHỮNG CA BỆNH TRÊN HEO

Nguyễn Minh Nam<sup>1</sup>, Nguyễn Thị Phương Bình<sup>2</sup>,  
Lại Công Danh<sup>3</sup>, Nguyễn Ngọc Hải<sup>2,3</sup>

## TÓM TẮT

Mục tiêu của nghiên cứu này là đánh giá tỷ lệ nhiễm CSFV từ 2017-2019 và tỷ lệ đồng nhiễm giữa CSFV và các mầm bệnh quan trọng khác trên heo. Nghiên cứu tiến hành lấy mẫu trên 352 ca bệnh có triệu chứng lâm sàng nghi ngờ CSFV tại nhiều trang trại heo ở 9 tỉnh/thành của Việt Nam. Các mẫu thu thập được đánh giá sự hiện diện của CSFV và các mầm bệnh khác bằng kỹ thuật PCR. Kết quả nghiên cứu cho thấy tỷ lệ ca dương tính với CSFV là 25,85% (91/352); trong đó tỷ lệ này trong năm 2017 và 2018 chiếm khoảng hơn 34,2%; năm 2019 là 12,95%. Ngoài ra, trong số 91 ca dương tính có 50 ca (54,95%) chỉ ghi nhận dương tính với CSFV, 30 ca (32,97%) ghi nhận đồng nhiễm với 1 mầm bệnh khác, 7 ca (7,69%) đồng nhiễm với 2 mầm bệnh khác và 4 ca (4,40%) đồng nhiễm với 3 mầm bệnh khác. Nghiên cứu này góp phần cung cấp thêm những thông tin về tỷ lệ nhiễm của CSFV và sự đồng nhiễm của virus này với các mầm bệnh khác trên đàn heo Việt Nam.

*Từ khóa:* Dịch tả heo cổ điển, tỷ lệ nhiễm, đồng nhiễm.

## Co-infection of classical swine fever virus and common pathogens in swine disease cases

Nguyen Minh Nam, Nguyen Thi Phuong Binh,  
Lai Cong Danh, Nguyen Ngoc Hai

## SUMMARY

The objective of this study was to evaluate the prevalence of CSFV infection from 2017-2019 and the rate of co-infection between CSFV and other important pathogens in swine. The samples were collected from 352 pigs suspecting with clinical symptoms of CSFV at many pig farms in 9 provinces in Viet Nam. The collected samples were evaluated for the presence of CSFV and other pathogens by PCR method. The studied results showed that the rate of CSFV-positive cases was 25.85% (91/352), of which this rate in 2017 and 2018 was more than 34.2%, and in 2019 it was 12.95%. In addition, out of 91 positive cases, 50 cases (54.95%) were only recorded to be positive with CSFV, 30 cases (32.97%) were co-infected with 1 other pathogen, 7 cases (7.69%) showed co-infection with 2 other pathogens, and 4 cases (4.40%) showed co-infection with 3 other pathogens. The study has contributed a clear picture of CSF and its co-infection with other pathogens in pigs in Viet Nam.

*Keywords:* Classical swine fever, infection rate, co-infection.

## I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bệnh dịch tả heo cổ điển (CSF) là một trong những bệnh truyền nhiễm nguy hiểm nhất với tính chất lây lan nhanh, heo mắc bệnh ở mọi lứa tuổi, tỷ lệ bệnh và tỷ lệ chết cao đến 100% ở heo con. CSF

đã gây thiệt hại quan trọng về mặt kinh tế và được Tổ chức Thú y thế giới (OIE) phân loại là bệnh quan trọng (Edwards và cs., 2000). Bệnh gây ra bởi virus Dịch tả heo (CSFV), một virus RNA một sợi nhỏ, có vỏ bọc ngoài, thuộc giống *Pestivirus*, họ *Flaviviridae*. Virus có thể tồn tại ngoài môi trường nhiều tuần trong

<sup>1</sup> Trung tâm Nghiên cứu di truyền và sức khỏe sinh sản, Khoa Y, Đại học Quốc gia, Tp. HCM

<sup>2</sup> Công ty TNHH Dịch vụ chăn nuôi P&Y, Thủ Đức, Tp. HCM

<sup>3</sup> Khoa Chăn nuôi Thú y, Trường Đại học Nông Lâm, Tp. HCM

điều kiện ẩm mát, nhưng lại đề kháng kém với chất sát trùng. CSFV rất dễ lây lan qua tiếp xúc với heo bệnh thông qua dịch mũi, phân, nước tiểu, tinh dịch heo nhiễm hoặc qua các tác nhân mang virus như người, dụng cụ thú y, quần áo, phương tiện vận chuyển, thức ăn, không khí. Heo bệnh CSFV có thời gian ủ bệnh từ 7 đến 10 ngày, sau đó xuất hiện các triệu chứng như sốt cao (40,5 - 41°C), suy nhược cơ thể, ủ rũ, chán ăn hay nghiêng răng hoặc kêu rên khê, nằm chổng lên thành đống (dù nhiệt độ chuồng ấm). Heo bệnh ban đầu có biểu hiện táo bón sau dẫn đến tiêu chảy, viêm kết mạc nặng, ghèn dính mắt. Do đặc điểm xuất huyết trên da của heo bệnh, CSFV được xếp vào một trong bốn bệnh đỏ (Nguyễn Ngọc Hải và Đỗ Tiến Duy, 2017). Theo báo cáo của Phạm Thành Long (2011), dịch CSFV xảy ra trong năm 2005 rất dữ dội với 40 tỉnh/thành ghi nhận có dịch, 1.109 số ổ dịch, 12.571 số con mắc và 7.258 số heo chết và tiêu hủy. Tuy nhiên, với việc áp dụng các chương trình vắc xin một cách hiệu quả nên tình hình dịch CSFV đã giảm đáng kể vào năm 2009. Trong năm 2014, CSFV xảy ra tại 17 tỉnh làm 1.912 con heo mắc bệnh, số heo chết và tiêu hủy là 894 con, tổng số liều tiêm phòng là 8.477.182 (Bộ Nông nghiệp và Phát triển nông thôn, 2014).

Bên cạnh CSFV, các mầm bệnh virus khác (PRRSV, PCV2 và PCV3) và vi khuẩn (*Mycoplasma*, *Haemophilus*, *Pasteurella* và *Actinobacillus*) cũng là nguyên nhân dẫn đến hiệu quả chăn nuôi thấp. Sự đồng nhiễm giữa các mầm bệnh này đang trở nên phổ biến và được ghi nhận trong nhiều nghiên cứu. Nghiên cứu của Dinh và ctv (2021) ghi nhận tỷ lệ đồng nhiễm của CSFV với PCV2 là 1,6%. Ngoài ra, trong các ca bệnh dương tính với PCV2, tỷ lệ đồng nhiễm của PCV2+CSFV với 1, 2 và 3 mầm bệnh khác trên cùng một ca bệnh lần lượt 2,4%; 3,2% và 2,4%. Ở Trung Quốc, tỷ lệ đồng nhiễm của CSFV và PRRSV biến động trong khoảng 0 – 7,7% tùy vào những khu vực khác nhau (Liu và ctv, 2011). Trong khi tỷ lệ này ghi nhận ở mức từ 2,56 – 3,66% giữa ba mầm bệnh CSFV, PRRSV và PCV2 (Liu và ctv, 2013; Xu và ctv, 2012). Những kết quả này đều cho thấy sự đồng nhiễm của CSFV với các mầm bệnh virus và vi khuẩn khác rất phức tạp, đặt ra nhiều thách thức trong việc thiết lập chiến lược ngăn chặn và kiểm soát các dịch bệnh này.

Nghiên cứu được tiến hành nhằm khảo sát tỷ lệ nhiễm và đồng nhiễm của CSFV với các mầm bệnh

khác trên heo ở một số trại tại ở Việt Nam từ năm 2017 - 2019. Nghiên cứu sẽ cung cấp một số thông tin về tình hình bệnh CSFV tại một số trại miền nam Việt Nam, từ đó giúp cho những nhà quản lý có cái nhìn tốt hơn để đưa ra chiến lược phù hợp nhằm giảm thiểu tác động của bệnh.

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

### 2.1. Nội dung nghiên cứu

- Xác định tỷ lệ nhiễm CSFV trong các ca bệnh trên heo từ năm 2017 – 2019

- Xác định tỷ lệ đồng nhiễm của CSFV với các mầm bệnh quan trọng khác.

### 2.2. Bố trí khảo sát

Khảo sát được thực hiện tại phòng thí nghiệm Phòng chẩn đoán xét nghiệm thú y Việt - Hàn, Đại học Nông Lâm TP. HCM từ năm 2017 - 2020. Tổng số 352 mẫu bệnh phẩm được thu thập từ các ca bệnh ở 9 tỉnh/thành của Việt Nam gồm Đồng Nai, Lâm Đồng, Tây Ninh, Vũng Tàu, Khánh Hoà, Long An, Tiền Giang, Bình Dương và TP. Hồ Chí Minh. Các ca bệnh này bộc lộ đa dạng các triệu chứng lâm sàng nghi ngờ nhiễm CSFV như sốt, mệt mỏi, xuất huyết trên da và tiêu chảy. Để tránh kết quả xét nghiệm dương tính giả với các chủng CSFV và PRRSV trong vắc xin, nghiên cứu chỉ tập trung lấy mẫu ở những heo chưa được tiêm phòng hoặc đã tiêm cách thời điểm lấy mẫu ít nhất 3 tuần. Phôi và hạch bạch huyết được thu thập từ các ca bệnh này làm vật liệu để xét nghiệm các mầm bệnh. Mẫu bệnh phẩm sẽ được xét nghiệm để phát hiện sự hiện diện của CSFV trước bằng phương pháp PCR. Sau đó, các mẫu dương tính với CSFV được tiếp tục xét nghiệm PCR nhằm đánh giá sự tồn tại của các mầm bệnh khác, bao gồm PRRSV, PCV2, *Mycoplasma hyopneumoniae*, *Mycoplasma suis*, *Pasteurella multocida*, *Actinobacillus pleuropneumoniae* và *Haemophilus parasuis*.

### 2.3. Xử lý mẫu và qPCR nhằm phát hiện CSFV

Các mẫu mô bệnh phẩm lấy trực tiếp từ các heo mổ khám được đựng trong các túi vô trùng và được giữ lạnh để gửi đến phòng thí nghiệm. Sau khi thu thập, các mẫu bệnh phẩm được ly trích RNA bằng bộ kit GeneJET Viral DNA/RNA Purification Kit (Thermo, Mỹ).

Các mẫu sau khi ly trích sẽ được dùng để tổng hợp sợi cDNA bằng các thành phần của bộ kit RevertAid First Strand cDNA Synthesis (Thermo, Mỹ). Sau đó, CSFV được phát hiện bằng PCR với cặp mồi được thiết kế đặc hiệu và chu trình nhiệt được tham khảo từ Paton *et al.* (2000) Trình tự mồi xuôi là 5'-TTYACCACTTCTGTTCTCA-3', và trình tự mồi ngược là 5'-AGRCCAGACTGGTGGCCNTAYGA-3'. Thành phần phản ứng PCR gồm: 12,5 µl GoTaq G2 Green Master Mix (Promega, Mỹ); 1µl hai mồi (nồng độ cuối là 0,4 µM); 5µl DNA mẫu và thêm nước Nuclease free water để đạt tổng thể tích 25µl cho mỗi phản ứng. Chu trình luân nhiệt bao gồm: 1 chu kỳ ở 95°C/5 phút; 35 chu kỳ ở

95°C/30 giây, 55°C/30 giây và 72°C/75 giây; kết thúc ở 72°C trong 7 phút. Sản phẩm khuếch đại được đọc trên gel agarose 1% với kích thước sản phẩm là 671 bp.

#### 2.4. Quy trình PCR nhằm phát hiện các mầm bệnh khác

Mầm bệnh mang mã di truyền là RNA (PRRSV) cũng sẽ được tổng hợp sợi cDNA tương tự với CSFV trước khi chạy phản ứng PCR. Các sản phẩm cDNA sau khi tổng hợp và DNA sau khi ly trích được dùng làm nguyên liệu cho từng phản ứng phát hiện 8 mầm bệnh virus và vi khuẩn. Trình tự mồi và chu trình nhiệt được tham khảo từ nhiều nghiên cứu trước đây (bảng 1).

**Bảng 1. Trình tự mồi được sử dụng nhằm phát hiện các mầm bệnh bằng phương pháp PCR**

Mầm bệnh	Tên mồi	Trình tự nucleotide (5'-3')	Kích thước sản phẩm (bp)	Nguồn tham khảo
PRRSV	PRRS-P71	GCTGTAAACAGGGAGTGG	508	Guarino và ctv (1999)
	PRRS-P72	CGCCCTAATTGAATAGGTGAC		
PCV2	CF8	TAGGTTAGGGCTGTGGCCTT	263	Larochelle và ctv (1999)
	CR8	CCGCACCTTCGGATATACTG		
	TH132	TAAAACCCAACAAACCTAACT		
<i>Mycoplasma hyopneumoniae</i>	TH133	CAGATTGCGCAAATACAAAA	455	Kurth và ctv (2002)
	MHP3	AAGTTCATTCGCGCTAGCCC		
	MHP4	GCTCCTACTCCATATTGCC		
<i>Pasteurella multocida</i>	KMT1SP6	GCTGTAAACGAACTCGCCAC	457	Townsend và ctv (1998)
	KMT1T7	ATCCGCTATTTACCCAGTGG		
<i>Mycoplasma suis</i>	MSU1	GCATTGCCAGTCCCCAAGGA	782	Hoelzle và ctv (2003)
	MSU2	TGCGGGGAGTACGTGGGAAGG		
<i>Actinobacillus pleuropneumoniae</i>	APXIVA-1L	TGGCACTGACGGTGATGA	442	To và ctv (2016)
	APXIVA-1R	GGCCATCGACTCAACCAT		
<i>Haemophilus parasuis</i>	HP-F	GTGATGAGGAAGGGTGGTGT	821	Oliveira và ctv (2001)
	HP-R	GGCTTCGTCAACCCTCTGT		

### III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

#### 3.1. Tỷ lệ nhiễm CSFV trong các ca bệnh thu thập từ năm 2017 -2019

Trong nghiên cứu này, 352 mẫu bệnh phẩm thu thập từ các ca bệnh nghi ngờ ở các trại được

tách chiết ARN tổng số bằng kit GeneJET Viral DNA and ARN Purification và tổng hợp cADN. Sản phẩm PCR được khuếch đại và hiện một vạch duy nhất tương ứng với kích thước 671 bp trên gel điện di. Kết quả phát hiện CSFV được trình bày ở bảng 2.

**Bảng 2. Số lượng và tỷ lệ mẫu dương tính với CSFV trong nghiên cứu**

Năm	Số lượng mẫu xét nghiệm	Số lượng mẫu dương tính với CSFV	Tỷ lệ mẫu dương tính với CSFV (%)
2017	105	36	34,29
2018	108	37	34,26
2019	139	18	12,95
<b>Tổng</b>	<b>352</b>	<b>91</b>	<b>25,85</b>

Kết quả xét nghiệm PCR cho thấy, tỷ lệ ca dương tính với CSFV trên các ca bệnh có lâm sàng nghi ngờ trong giai đoạn 2017 – 2019 là 25,85%. Cụ thể, tỷ lệ ca dương tính trong năm 2017 và 2018 đều hơn 34,2%; trong khi tỷ lệ này giảm đi nhiều xuống mức 12,95% trong năm 2019. Nhìn chung, tỷ lệ nhiễm CSFV trong nghiên cứu này cao hơn nhiều so với các kết quả khảo sát trước đây. Sự khác biệt này là do chúng tôi xét nghiệm trên các đối tượng có lâm sàng nghi ngờ, trong khi những nghiên cứu khác là những khảo sát sàng lọc CSFV. Nghiên cứu của Cao Văn Hồng và Nguyễn Như Trung (2012) ghi nhận 1.082/20.981 (5,16%) heo nhiễm CSFV tại huyện Krông Păk tỉnh Đắk Lắk từ 2005 – 2010. Tỷ lệ lưu hành dịch tả heo tại một số tỉnh phía Bắc Việt Nam là tương đối thấp; cụ thể 0,012% năm 2014; 0,026% năm 2015 và 0,017% trong năm

2016 (Nguyễn Phục Hưng và ctv, 2017). Nghiên cứu này cũng cho thấy tỷ lệ bệnh có xu hướng tăng trong 6 tháng liền nhau, chủ yếu mùa đông-xuân. Trong một nghiên cứu thử nghiệm vaccin, các tác giả đã tiến hành xét nghiệm phát hiện kháng nguyên của CSFV trong phân heo tại thành phố Kon Tum ghi nhận tới 53 mẫu dương tính trên tổng số 160 mẫu; chiếm 33,13% (Phạm Hồng Sơn và ctv, 2016).

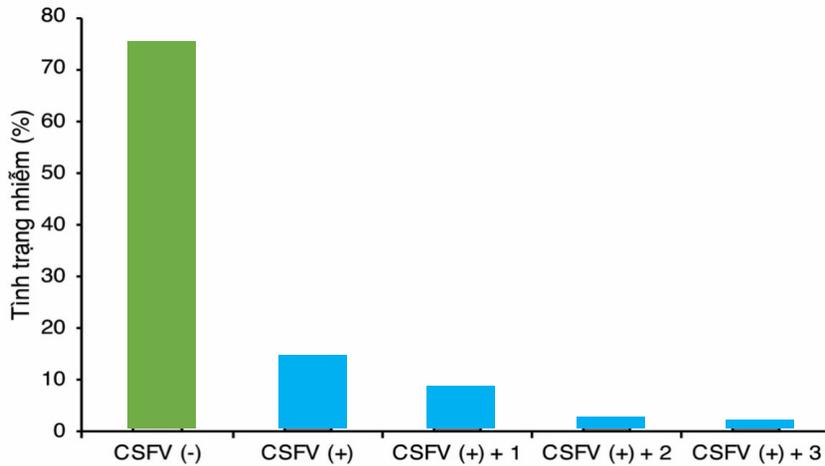
### 3.2. Tỷ lệ đồng nhiễm giữa CSFV và các mầm bệnh khác

91 mẫu bệnh phẩm dương tính với CSFV được kiểm tra sự hiện diện của các mầm bệnh virus và vi khuẩn khác. Kết quả xét nghiệm bằng phương pháp PCR được ghi nhận và thể hiện thành các tỷ lệ đồng nhiễm được thể hiện ở bảng 3 và hình 1.

**Bảng 3. Tỷ lệ nhiễm đơn CSFV và đồng nhiễm với các mầm bệnh khác**

Trạng thái	Số ca ghi nhận	Tỷ lệ (%)
Nhiễm đơn CSFV	50	54,95
Nhiễm cùng 1 mầm bệnh	30	32,97
CSFV + PRRS	25	27,47
CSFV + PCV2	5	5,49
Nhiễm cùng 2 mầm bệnh	7	7,69
CSFV + PRRS + PCV2	4	4,40
CSFV + PRRS + HP	1	1,10
CSFV + PRRS + Mhp	2	2,20
Nhiễm cùng 3 mầm bệnh	4	4,40
CSFV + PRRS + Mhp + HP	1	1,10
CSFV + PRRS + PCV2 + MS	2	2,20
CSFV + PRRS + PCV2 + Mhp	1	2,20
<b>Tổng</b>	<b>91</b>	<b>100</b>

*Ghi chú: CSFV: Classical swine fever, PRRS: porcine reproductive and respiratory syndrome virus, PCV2: porcine circovirus type 2, HP: Haemophilus parasuis, Mhp: Mycoplasma hyopneumoniae, MS: Mycoplasma suis.*



**Hình 1. Tỷ lệ nhiễm và đồng nhiễm của CSFV trên tổng số 352 ca bệnh có lâm sàng nghi ngờ CSF**

Các mầm bệnh được phát hiện bằng (RT)-PCR. CSFV (-): CSFV âm tính; CSFV (+): chỉ CSFV dương tính; CSFV (+) + 1/2/3, CSFV dương tính và dương tính với 1, 2, 3 mầm bệnh khác (PRRSV, PCV2, MH, MS và HP).

Trong số 91 ca dương tính với CSFV, có tới 50 ca không ghi nhận sự đồng nhiễm với các mầm bệnh khảo sát; chiếm 54,95%. 30 ca ghi nhận đồng nhiễm của CSFV với 1 mầm bệnh khác, cụ thể 25 ca (27,47%) có sự hiện diện của PRRS, còn lại 5 ca đồng nhiễm với PCV2. Tỷ lệ số ca dương tính với CSFV đồng nhiễm với 2 mầm bệnh là 7,69% (7 ca), trong đó 4 ca với PRRS + PCV2, 1 ca với PRRS + HP và 2 ca với PRRS + Mhp. Bên cạnh đó, sự đồng nhiễm của CSFV với 3 mầm bệnh ghi nhận ở mức thấp với 4,40% (4 ca); bao gồm 1 ca với PRRS + Mhp + HP, 2 ca với PRRS + PCV2 + MS, và 1 ca với PRRS + PCV2 + Mhp. Tỷ lệ đồng nhiễm của CSFV với PRRSV trong nghiên cứu cao hơn nhiều so với khảo sát trước đây (5,04%) của Lý Thị Liên Khai và Võ Thị Cẩm Hằng (2012). Bên cạnh đó, tỷ lệ đồng nhiễm PCV2 + PRRSV + CSFV trên đàn heo tại các tỉnh miền Nam là 1,6% (Dinh và ctv, 2021); thấp hơn so với 4,4% được ghi nhận trong nghiên cứu này. Nghiên cứu ở Trung Quốc ghi nhận tỷ lệ đàn heo nhiễm đơn CSFV, nhiễm kép và nhiễm nhiều mầm bệnh lần lượt là 47,61%; 15,87% và 9,53% (Chen và ctv, 2019). Nghiên cứu này cũng ghi nhận tỷ lệ cá thể nhiễm đơn CSFV, nhiễm kép và nhiễm nhiều mầm bệnh lần lượt là 32,71%; 15,72% và 3,15%.

#### IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

352 mẫu bệnh phẩm từ các ca bệnh có triệu chứng lâm sàng nghi ngờ với CSFV ghi nhận tỷ lệ phát hiện CSFV là 25,85%. Trong đó, tỷ lệ nhiễm đơn CSFV và đồng nhiễm cùng các mầm bệnh khác được ghi nhận lần lượt là 54,95% và 45,05% trên tổng số 91 ca dương tính CSFV. Cần mở rộng xét nghiệm các đối tượng virus và vi khuẩn khác nhằm đạt được một bức tranh bệnh cảnh rộng hơn và chính xác hơn.

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Bộ Nông nghiệp và Phát triển nông thôn, 2015. Hội nghị phòng chống dịch bệnh gia súc, gia cầm, thủy sản năm 2014 và kế hoạch năm 2015. Hà Nội, tháng 1/2015.
2. Cao Văn Hồng và Nguyễn Như Trung, 2012. Kết quả điều tra tình hình bệnh dịch tả lợn tại huyện Krông Păk tỉnh Đắk Lắk từ 2005-2010. *Tạp chí Khoa học kỹ thuật Thú y XIX (2)*, 72-75.
3. Chen, N., Huang, Y., Ye, M., Li, S., Xiao, Y., Cui, B., & Zhu, J., 2019. Co-infection status of classical swine fever virus (CSFV), porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV) and porcine circoviruses (PCV2 and PCV3) in eight regions of

- China from 2016 to 2018. *Infection, genetics and evolution*, 68, 127-135.
4. Dinh, P. X., Nguyen, M. N., Tran, V. H., Tran, Q. D., Dang, K. H., Vo, D. T., & Do, D. T., 2021. Porcine circovirus genotypes and their copathogens in pigs with respiratory disease in southern provinces of Vietnam. *Archives of Virology*, 166(2), 403-411.
  5. Edwards S., Fukusho A., Lefevre P. C., Lipowski A., Pejsak Z., Roehe P. *et al.*, 2000. Classical swine fever: the global situation. *Veterinary Microbiology* 73: 103-119.
  6. Guarino H., Goyal S.M., Murtaugh M.P., Morrison R.B., Kapur V., 1999. Detection of porcine reproductive and respiratory syndrome virus by reverse transcription-polymerase chain reaction using different regions of the viral genome. *J Vet Diagn Invest* 11, 27-33.
  7. Hoelzle L.E., Adelt D., Hoelzle K., Heinritz K., Wittenbrink M.M., 2003. Development of a diagnostic PCR assay based on novel DNA sequences for the detection of *Mycoplasma suis* (Eperythrozoon suis) in porcine blood. *Vet Microbiol* 93, 185-196.
  8. Kurth K.T., Hsu T., Snook E.R., Thacker E.L., Thacker B.J., Minion F.C., 2002. Use of a *Mycoplasma hyopneumoniae* nested polymerase chain reaction test to determine the optimal sampling sites in swine. *J Vet Diagn Invest* 14, 463-469.
  9. Larochelle R., Antaya M., Morin M., Magar R., 1999. Typing of porcine circovirus in clinical specimens by multiplex PCR. *J Virol Methods* 80, 69-75.
  10. Liu J. K., Wei C. H., Yang X. Y., Dai A. L., & Li X. H., 2013. Multiplex PCR for the simultaneous detection of porcine reproductive and respiratory syndrome virus, classical swine fever virus, and porcine circovirus in pigs. *Molecular and Cellular Probes*, 27(3-4), 149-152.
  11. Liu S., Zhao Y., Hu Q., Lv C., Zhang C., Zhao R., & Cui S., 2011. A multiplex RT-PCR for rapid and simultaneous detection of porcine teschovirus, classical swine fever virus, and porcine reproductive and respiratory syndrome virus in clinical specimens. *Journal of virological methods*, 172(1-2), 88-92.
  12. Lý Thị Liên Khai và Võ Thị Cẩm Hằng, 2012. Khảo sát tình hình nhiễm ghép hội chứng rối loạn sinh sản và hô hấp với dịch tả heo tại các tỉnh Bạc Liêu và Sóc Trăng. *Tạp chí Khoa học kỹ thuật Thú y* XIX (6), 23-32.
  13. Nguyễn Ngọc Hải và Đỗ Tiến Duy, 2017. *Các bệnh truyền nhiễm quan trọng và mới nổi trên heo*. Nhà xuất bản Nông Nghiệp, Hà Nội, Việt Nam.
  14. Nguyễn Phục Hưng, Nguyễn Thị Lan, Lê Văn Phan, Bùi Thị Tố Nga, 2018. Nghiên cứu một số đặc điểm dịch tễ học bệnh dịch tả lợn tại một số tỉnh phía Bắc Việt Nam từ năm 2014 đến năm 2017. *Tạp chí Khoa học kỹ thuật Thú y* XXV (3), 32-36.
  15. Oliveira S., Galina L., Pijoan C., 2001. Development of a PCR test to diagnose *Haemophilus parasuis* infections. *J Vet Diagn Invest* 13, 495-501.
  16. Paton D.J., McGoldrick A., Bensaude E., Belak S., Mittelholzer C., Koenen F., Vanderhallen H., Greiser-Wilke I., Scheibner H., Stadejek T., Hofmann M., Thuer B., 2000. Classical swine fever virus: a second ring test to evaluate RT-PCR detection methods. *Vet Microbiol* 77, 71-81.
  17. Phạm Hồng Sơn, Võ Thị Thu Hà và Trần Nam Tiến, 2016. Nghiên cứu một số chỉ báo kiểm soát bệnh dịch tả lợn trước và sau tiêm vaccin tại một số địa bàn thuộc TP. Kon Tum, tỉnh Kon Tum cuối năm 2014 và đầu năm 2015. *Tạp chí Khoa học kỹ thuật Thú y* XXIII (3), 5-14.
  18. Phạm Thành Long, 2011. *Classical swine fever in Vietnam*. Epidemiology Division Department of Animal Health, HCMC, 28-30/11/2011.
  19. To H., Nagai S., Iwata A., Koyama T., Oshima A., Tsutsumi N., 2016. Genetic and antigenic characteristics of ApxIIA and ApxIIIA from *Actinobacillus pleuropneumoniae* serovars 2, 3, 4, 6, 8 and 15. *Microbiol Immunol* 60, 447-458.
  20. Townsend K.M., Frost A.J., Lee C.W., Papadimitriou J.M., Dawkins H.J., 1998. Development of PCR assays for species- and type-specific identification of *Pasteurella multocida* isolates. *J Clin Microbiol* 36, 1096-1100.
  21. Xu X. G., Chen G. D., Huang Y., Ding L., Li Z. C., Chang C. D., Liu H. J., 2012. Development of multiplex PCR for simultaneous detection of six swine DNA and RNA viruses. *Journal of virological methods*, 183(1), 69-74.
- Ngày nhận 7-6-2022  
 Ngày phản biện 8-7-2022  
 Ngày đăng 1-9-2022