

PHÁT HIỆN ASFV TÁI TỔ HỢP GENOTYPE I VÀ II TẠI KHU VỰC PHÍA NAM VIỆT NAM

Nguyễn Ngọc Hải^{1,2*}, Nguyễn Trung Quân², Võ Tấn Hùng², Nguyễn Thị Phương Bình², Trần Hoàng Anh Thu², Nguyễn Cao Hoài Hải², Phùng Thị Ánh Ngọc², Nguyễn Thị Minh Thu², Nguyễn Thị Mỹ Thoa²

Tóm tắt

Nghiên cứu được thực hiện nhằm xác định genotype của virus dịch tả heo châu Phi (ASFV) trong các mẫu bệnh phẩm tại một số tỉnh khu vực phía Nam Việt Nam. Kết quả nghiên cứu đã phát hiện 14 mẫu chứa ASFV tái tổ hợp genotype I và II tại các tỉnh Đắk Lắk, Bà Rịa - Vũng Tàu, Tiền Giang, Bình Dương, Kiên Giang, Long An và Đắk Nông. Điều này cho thấy ASFV tái tổ hợp genotype I và II ngày càng trở nên phổ biến và lan rộng điều đó gây thách thức cho kiểm soát bệnh này.

Từ khóa: ASFV, ASFV tái tổ hợp genotype I và II

Abstract

The study was conducted to detect genotypes of ASFV in field -collected samples in some Southern provinces of Vietnam. The results showed that the study detected ASFV genotypes I and II from 14 samples in the provinces of Dak Lak, Ba Ria - Vung Tau, Tien Giang, Binh Duong, Kien Giang, Long An, and Dak Nong. The results showed the recombinant ASFV genotype I and II is becoming more frequent and expanding that makes the situation of ASFV control more challenging.

Keywords: ASFV, Recombinant ASFV Genotype I/II

Cited as: Nguyen N.H, Nguyen T.Q, Nguyen T.P.B, Tran H.A.T, Vo T.H, Nguyen C.H.H, Phung T.A.N, Nguyen T.M.T, Nguyen T.M.T (2025) Detection of recombinant ASFV Genotypes I and II strains in southern vietnam. *AVS2025 proceedings, Vietnam*: 1-5.

Đặt vấn đề

Bệnh dịch tả heo châu Phi do African swine fever virus (ASFV), thuộc chi *Asfivirus*, họ *Asfarviridae* gây ra. Bộ gene của ASFV là DNA mạch kép, có kích thước khoảng 170 - 193 kbp, có khoảng 150 - 167 khung đọc mở (ORF) (Dixon & cs, 2013). ASFV được phân chia thành 24 kiểu gene (genotype) dựa trên vùng C-terminal của gene B646L mã hóa protein capsid p72 (Mwiine & cs, 2019). Năm 2019, Việt Nam ghi nhận ổ dịch tả heo Châu Phi đầu tiên ở Hưng Yên do chủng ASFV genotype II gây ra (Le & cs, 2019). Sau đó, tại phía Nam Việt Nam, Nguyễn Ngọc Hải & cs, (2021) cũng đã ghi nhận các chủng ASFV thuộc genotype II trên heo bệnh. Năm 2023, Trung Quốc có báo cáo ghi nhận xuất hiện chủng ASFV độc lực cao tái tổ hợp genotype I và II (Zhao & cs, 2023). Năm 2024, Nga cũng báo cáo ghi nhận chủng ASFV tái tổ hợp genotype I và II tại vùng Primorsky, chủng này tương đồng 99,99% với các chủng phát hiện ở Trung Quốc (Igolkin & cs, 2024). Việt Nam cũng ghi nhận các chủng ASFV tái tổ hợp genotype I và II tại 6 tỉnh phía Bắc của Việt Nam (Hải Dương, Bắc Giang, Hà Nội, Phú Thọ, Tuyên Quang, Thái Nguyên) trong năm 2023 (Le & cs, 2023). Sự xuất hiện các chủng ASFV tái tổ hợp đã làm gia tăng sự phức tạp về dịch tễ, bệnh học và miễn dịch ở heo do ASFV. Nghiên cứu của Nguyen Van Diep & cs, (2024) đã xác nhận vaccine genotype II xoá gene không bảo hộ heo khi nhiễm ASFV tái tổ hợp thực địa ở Việt Nam. Trước sự biến đổi di truyền của ASFV tại Việt Nam ngày càng phức tạp, việc khảo sát, ghi nhận các biến chủng mới là hết sức cần thiết, giúp người chăn nuôi chủ động trong định hướng các biện pháp phòng ngừa và kiểm soát dịch bệnh ASF trên đàn heo nuôi.

Nội dung và phương pháp

Đối tượng

Chín mươi mẫu bệnh phẩm (bao gồm: mẫu máu, mẫu mô, mẫu swab) dương tính với ASFV được thu thập từ các trang trại tại các tỉnh Đắk Lắk, Bà Rịa - Vũng Tàu, Tiền Giang, Bình Dương, Kiên Giang, Long An và Đắk Nông trong tháng 10 và tháng 11 năm 2024.

Phương pháp

Các mẫu thu nhận sau khi xử lý được tách chiết DNA bằng máy tách chiết tự động IndiMag 48s sử dụng bộ kit IndiMag Pathogen IM48 Cartridge (INDICAL BIOSCIENCE, Đức) và kiểm tra phát hiện ASFV bằng phản ứng Real-time PCR kit VDX® ASFV qPCR Ver 2.1 (Median, Hàn Quốc). Sau đó, các mẫu dương tính ASFV tiếp tục được kiểm tra bằng phản ứng Real-time PCR với kit VDX® ASFV 3Diff qPCR (Median, Hàn Quốc) nhằm xác định các gene đặc trưng cho các genotype I, II, hoặc dạng tái tổ hợp I/II của ASFV.

Kết quả và thảo luận

Kết quả Real-PCR phát hiện ASFV và xác định genotype ASFV (Bảng 1) cho thấy, 14 mẫu dương tính với ASFV tái tổ hợp genotype I và II chiếm tỉ lệ 15,56%, 76 mẫu dương tính với ASFV genotype II chiếm tỉ lệ 84,44%, không ghi nhận mẫu dương tính với ASFV genotype 1. Trong đó 14 mẫu dương tính với ASFV tái tổ hợp genotype I và II được ghi nhận ở các tỉnh: Đắk Lắk (7 mẫu), Bà Rịa - Vũng Tàu (2 mẫu), Tiền Giang (1 mẫu), Bình Dương (1 mẫu), Kiên Giang (1 mẫu), Long An (1 mẫu), Đắk Nông (1 mẫu). Các mẫu ASFV tái tổ hợp genotype I và II trong nghiên cứu được ghi nhận lần đầu tiên tại khu vực các tỉnh phía Nam Việt Nam. Khu vực các tỉnh phía Bắc Việt Nam đã ghi nhận 6/26 mẫu ASFV tái tổ hợp genotype I và II chiếm tỉ lệ 23,06% và nguồn gốc các chủng này có thể từ Trung Quốc (Le & cs, 2023).

Bảng 1: Kết quả Real-PCR phát hiện ASFV và xác định genotype ASFV

Kí hiệu mẫu	Loại Mẫu	ASFV phát hiện (Giá trị Ct)	ASFV tái tổ hợp (Giá trị Ct)	Tỉnh
1	Máu kháng đông	16.14	19.31	Đắk Lắk
2	Máu đông	15.04	18,17	Đắk Lắk
3	Máu đông	15.31	18,33	Đắk Lắk
4	Máu đông	15.18	18,14	Đắk Lắk
5	Máu kháng đông	14.67	17,95	Đắk Lắk
6	Máu đông	15.58	18,01	Đắk Lắk
7	Máu đông	16.06	18,51	Đắk Lắk
8	Máu đông	14.69	19.07	Bà Rịa - Vũng Tàu
9	Máu đông	16.12	18,16	Bà Rịa - Vũng Tàu
10	Máu đông	22.92	27.31	Tiền Giang
11	Máu đông	14.61	18,82	Bình Dương
12	Máu đông	20.24	22,19	Kiên Giang
13	Máu đông	16.50	19,44	Long An
14	Máu đông	16.42	18,56	Đắk Nông
15	Hạch, lách	13.82	-	/
16	Máu đông	17.68	-	/
17	Máu đông	30.30	-	/
18	Hạch, lách	13.77	-	/
19	Máu đông	19.71	-	/
20	Máu đông	30.51	-	/
21	Máu đông	16.37	-	/
22	Máu đông	19.26	-	/
23	Máu đông	24.57	-	/
24	Hạch, lách	13.53	-	/
25	Máu đông	25.10	-	/
26	Máu đông	24.53	-	/
27	Máu đông	19.57	-	/
28	Máu đông	21.23	-	/
29	Máu đông	25.21	-	/
30	Máu đông	22.80	-	/
31	Máu đông	37.86	-	/
32	Máu đông	19.10	-	/
33	Máu đông	17.37	-	/
34	Swab	35.17	-	/
35	Máu đông	20.76	-	/
36	Máu đông	34.78	-	/
37	Swab	36.64	-	/
38	Máu đông	27.15	-	/
39	Máu đông	37.73	-	/
40	Máu đông	20.89	-	/
41	Máu đông	17.13	-	/
42	Máu đông	20.02	-	/
43	Máu đông	20.68	-	/
44	Máu đông	21.08	-	/
45	Máu đông	37.06	-	/
46	Máu đông	23.68	-	/
47	Máu đông	20.76	-	/
48	Hạch, lách	15.59	-	/
49	Máu đông	22.09	-	/
50	Máu đông	16.18	-	/
51	Máu đông	23.48	-	/
52	Máu đông	24.71	-	/
53	Máu đông	17.25	-	/

54	Máu đông	18,35	-	/
55	Lách	17,25	-	/
56	Hạch, lách	16.90	-	/
57	Máu đông	16.66	-	/
58	Phổi, gan, lách	21.03	-	/
59	Máu đông	25.52	-	/
60	Máu đông	22.59	-	/
61	Máu đông	21.86	-	/
62	Máu đông	16.27	-	/
63	Hạch	19.56	-	/
64	Máu đông	23.47	-	/
65	Máu đông	18.34	-	/
66	Máu đông	19.81	-	/
67	Hạch	17.15	-	/
68	Hạch	23.67	-	/
69	Máu đông	27.43	-	/
70	Máu đông	19.83	-	/
71	Phổi	14.86	-	/
72	Máu đông	23.33	-	/
73	Máu đông	16.18	-	/
74	Máu đông	17.16	-	/
75	Máu đông	17.63	-	/
76	Máu đông	15.66	-	/
77	Máu đông	27.76	-	/
78	Máu kháng đông	26.82	-	/
79	Máu đông	17.48	-	/
80	Phổi, hạch, lách	17.12	-	/
81	Máu đông	17.41	-	/
82	Máu đông	25.17	-	/
83	Máu đông	18.06	-	/
84	Máu đông	17.91	-	/
85	Máu đông	19.01	-	/
86	Máu đông	17.42	-	/
87	Máu kháng đông	15.87	-	/
88	Phổi, hạch, lách	20.52	-	/
89	Máu đông	25.16	-	/
90	Máu đông	15.95	-	/

Kết quả trong Bảng 1 cho thấy chủng ASFV tái tổ hợp I-II đã hiện diện trên đàn heo của nhiều địa phương và có tính chất lan rộng, cả khu vực Tây Nguyên (Đắk Lắk, Đắk Nông), Đông Nam bộ (Bình Dương, Bà Rịa - Vũng Tàu) và đồng bằng sông Cửu Long (Long An, Tiền Giang, Kiên Giang). Sự xuất hiện và lan rộng của chủng ASFV tái tổ hợp I-II tại các khu vực địa lý cách biệt nhau, ở 6 tỉnh miền Bắc (Lê &cs, 2023) và khu vực miền Tây Nguyên, Đông Nam bộ, đồng bằng sông Cửu Long năm 2024 trong nghiên cứu này cho thấy nguy cơ lây truyền ASFV tái tổ hợp có thể liên quan đến tình trạng nhiễm mãn tính hoặc mang trùng không triệu chứng ở heo nhập đàn, hay cũng có thể do các phương tiện vận chuyển không an toàn, vấy nhiễm virus, kể cả nguồn nguyên liệu không an toàn. Điều này cho thấy tầm quan trọng của biện pháp tầm soát nhiễm ASFV ở heo nhập đàn, quy trình vệ sinh tiêu độc các phương tiện vận chuyển, và sử dụng nguyên liệu an toàn trong chương trình kiểm soát bệnh ASF.

Năm 2023, Việt Nam đã cấp phép 2 loại vaccine sống giảm độc lực chủng ASFV-G-ΔI177L và chủng ASFV-G-ΔMGF. Tuy nhiên, cả 2 loại vaccine này không bảo vệ được heo nhiễm chủng ASFV tái tổ hợp genotype I và II độc lực cao mới xuất hiện tại Việt Nam (Diep & cs, 2024). Điều này càng

cho thấy sự gia tăng mức độ nghiêm trọng của bệnh ASF trên đàn heo nuôi của Việt Nam khi nhiều người chăn nuôi vẫn đang kỳ vọng vào một vaccine hiệu quả giúp phòng chống bệnh ASF.

Kết quả nghiên cứu bước đầu đã ghi nhận sự hiện diện của ASFV tái tổ hợp genotype I và II ở phạm vi rộng, cho thấy tình hình diễn biến dịch bệnh ASFV ngày càng phức tạp trên cả nước và gây khó khăn hơn trong việc kiểm soát dịch bệnh và sử dụng vaccine phòng ngừa.

Kết luận

Nghiên cứu đã bước đầu ghi nhận ASFV tái tổ hợp genotype I và II đã hiện diện, tuy chỉ với tỷ lệ 15,56% (14/90), tại các tỉnh khu vực phía Nam Việt Nam nhưng phân bố khá rộng, cả khu vực Tây Nguyên (Đắk Lắk, Đắk Nông), Đông Nam bộ (Bình Dương, Bà Rịa - Vũng Tàu) và đồng bằng sông Cửu Long (Long An, Tiền Giang, Kiên Giang). Điều này cho thấy, tình dịch bệnh đang diễn biến phức tạp đòi hỏi cần phải tăng cường kiểm soát dịch bệnh và đẩy mạnh nghiên cứu đánh giá và phát triển các vaccine ASFV hiệu quả bảo hộ không chỉ đối với các chủng ASFV bình thường mà cả với các chủng ASFV tái tổ hợp.

Lời cảm ơn

Thông tin tác giả

Sự đóng góp của tác giả

¹Tiến hành thí nghiệm, thu thập số liệu và chuẩn bị bản thảo;

²Xây dựng đề cương nghiên cứu, xử lý số liệu và chỉnh sửa bài viết.

Cam kết của tác giả

*Tác giả liên hệ hoàn toàn chịu trách nhiệm nếu có xung đột lợi ích hay nội dung công bố trong bài báo này.

Tài liệu tham khảo

1. Dixon LK, Chapman DA, Netherton CL, Upton C. African swine fever virus replication and genomics. *Virus Research*. 2013; 173:3-14. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2012.10.020>
2. Mwiine FN, Nkamwesiga J, Ndekezi E, Sylvester O. Molecular Characterization of African Swine Fever Viruses from Outbreaks in Peri-Urban Kampala, Uganda. *Advances in Virology*. 2019; 1463245. <https://doi.org/10.1155/2019/1463245>
3. Le V, Jeong D, Yoon S, et al. Outbreak of African Swine Fever, Vietnam, 2019. *Emerging Infectious Diseases*. 2019; 25(7):1433-1435. <https://doi.org/10.3201/eid2507.190303>
4. Nguyễn Ngọc Hải, Nguyễn Trung Quân, Nguyễn Thị Phương Bình, Trần Hoàng Anh Thư và cs. Phân tích di truyền của vi rút gây bệnh dịch tả heo châu phi dựa trên gen b646l (p72) ở một số tỉnh miền nam việt nam trong năm 2019 - 2020. *AVS2021*. 2021; 261-268
5. Zhao D, Sun E, Huang L, Ding L, Zhu Y, Zhang J, et al. Highly lethal genotype I and II recombinant African swine fever viruses detected in pigs. *Nat Commun*. 2023; 14:3096. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-38868-w>
6. Igoikin A, Mazloum A, Zinyakov N, et al. Detection of the first recombinant African swine fever virus (genotypes I and II) in domestic pigs in Russia. *Mol Biol Rep*. 2024; 51(1):1011. <https://doi.org/10.1007/s11033-024-09961-0>
7. Le V, Nguyen V, Le T, et al. Detection of Recombinant African Swine Fever Virus Strains of p72 Genotypes I and II in Domestic Pigs, Vietnam, 2023. *Emerging Infectious Diseases*. 2024; 30(5):991-994. <https://doi.org/10.3201/eid3005.231775>
8. Diep NV, Duc NV, Ngọc NT, Dang VX, Tiep TN, Nguyen VD, Than TT, Maydaniuk D, Goonewardene K, Ambagala A, et al. Genotype II Live-Attenuated ASFV Vaccine Strains Unable to Completely Protect Pigs against the Emerging Recombinant ASFV Genotype I/II Strain in Vietnam. *Vaccines*. 2024; 12(10):1114. <https://doi.org/10.3390/vaccines12101114>