

Phát hiện và phân tích đặc điểm di truyền đoạn gen mã hoá protein cấu trúc của virus PPV3 (Porcine Parvovirus 3) trên lợn giết mổ nuôi tại tỉnh Tây Ninh

Nguyễn Trần Trung^{1, 2, 3*}, Nguyễn Thị Diệu Thuý⁴, Trần Quốc Dung⁵, Đinh Thị Ngọc Thuý⁴, Nguyễn Hoàng Khánh Linh⁶, Nguyễn Thanh Điềm¹, Phạm Nguyễn Huy Hoàng¹, Nguyễn Văn Hương¹

¹ Đại học Nguyễn Tất Thành, Tp. Hồ Chí Minh

² Viện Kỹ thuật Công nghệ cao NTT, Trường Đại học Nguyễn Tất Thành, Tp. Hồ Chí Minh

³ Trung tâm Phát triển Công nghệ cao Đại học Nguyễn Tất Thành, Khu Công nghệ cao Tp. Hồ Chí Minh

⁴ Viện Sinh học, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam, Tp. Hà Nội

⁵ Khoa Sinh học, Đại học Sư phạm, Đại học Huế, Tp. Huế

⁶ Phòng Công nghệ sinh học Y dược, Trung tâm Công nghệ sinh học Tp. Hồ Chí Minh

*nguyen.trung@ntt.edu.vn

Tóm tắt

Porcine Parvovirus (PPV) là nguyên nhân chính gây hội chứng suy giảm khả năng sinh sản ở lợn. Nghiên cứu này nhằm phát hiện và phân tích đặc điểm di truyền của PPV3 lưu hành trên lợn ở độ tuổi giết mổ nuôi tại tỉnh Tây Ninh. Virus được phát hiện bằng kỹ thuật PCR với cặp mồi đặc hiệu và giải trình tự đoạn gen mã hóa protein cấu trúc (gen VP). Kết quả PCR cho thấy sự hiện diện của vật liệu di truyền đặc hiệu của PPV3 trong 54/128 mẫu nghiên cứu, với tỷ lệ 42,2%. Trình tự nucleotide của đoạn gen VP có kích thước phân tử 326 bp từ hai chủng PPV3-TN16 và PPV3-TN24 đã được xác định và đăng ký vào GenBank với mã truy nhập PV702865 và PV702866. Phân tích BLAST cho thấy các trình tự này có độ tương đồng cao với các chủng PPV3 có nguồn gốc từ Trung Quốc. Phân tích phát sinh chủng loại cho thấy hai chủng phát hiện tại Tây Ninh có quan hệ di truyền gần gũi với các chủng PPV3 châu Á. Mặc dù đoạn gen giải trình tự có kích thước ngắn, nghiên cứu này đã cung cấp bằng chứng phân tử đầu tiên về sự lưu hành và đặc điểm di truyền của PPV3 tại Tây Ninh, làm cơ sở cho các nghiên cứu sâu hơn về dịch tễ học phân tử và chiến lược kiểm soát bệnh do PPVs gây ra.

Nhận	11/06/2025
Được duyệt	03/09/2025
Công bố	26/11/2025

Từ khóa

Virus parvo trên lợn (PPV), PPV3, gen VP, cây phát sinh chủng loại, Tây Ninh.

© 2025 Journal of Science and Technology - NTTU

1. Đặt vấn đề

Porcine parvoviruses (PPVs) là các virus có kích thước nhỏ, không vỏ, hình dạng tròn, cấu trúc đối xứng 20 mặt với vật liệu di truyền là phân tử DNA sợi đơn, có chiều dài khoảng 4-6,3 kb [1]. Genome của PPV (ngoại trừ PPV4) bao gồm hai khung đọc mở (Open Reading Frame-ORF) chính: ORF1 mã hóa protein không cấu trúc (NS) và ORF2 mã hóa protein vỏ capsid (VP) [1,2]. Trong số tám genotype hiện đã được xác định (PPV1-PPV8), PPV1 được biết đến rộng rãi nhất với vai trò là tác nhân chính gây hội chứng SMEDI (stillbirth, mummification, embryonic death, and infertility) ở lợn nái [3], trong khi chức năng sinh bệnh học của các genotype còn lại, đặc biệt là nhóm PPV2-

PPV7 (còn gọi là novel PPVs) vẫn chưa được nghiên cứu đầy đủ [4].

PPV3 (*Ungulate tetraparvovirus 2*) thuộc chi *Tetraparvovirus*, phân họ Parvovirinae và họ Parvoviridae, lần đầu tiên được phát hiện từ mẫu mô lợn giết mổ tại Hồng Kông năm 2008 [5]. Kể từ đó, virus này đã được ghi nhận tại nhiều quốc gia, bao gồm Mỹ, Trung Quốc, Thái Lan, Nhật Bản, Đức, Brazil, Colombia, Hungary và Ý [4]. Các nghiên cứu gần đây chỉ ra rằng PPV3 có khả năng phân bố rộng và lưu hành trong quần thể lợn ở mọi giai đoạn tuổi và bất kể tình trạng sức khỏe [6]. PPV3 có mức độ biến dị di truyền cao, đặc biệt trong vùng gen mã hóa protein vỏ capsid (gen VP), cấu trúc chịu áp lực chọn lọc mạnh do đáp ứng miễn dịch của vật chủ. Tỷ lệ đột biến của

PPV3 được ước tính trong khoảng $3,86 \times 10^{-4}$ thay thế/năm, tương đương với mức độ biến đổi di truyền được tìm thấy trong các virus RNA [7]. Mặc dù thông tin về độc lực của PPV3 trên lợn vẫn còn hạn chế, một số nghiên cứu đã cho thấy virus này có thể làm suy giảm miễn dịch và góp phần thúc đẩy bệnh lý liên quan đến PCV2 [8,9]. Bên cạnh đó, các nghiên cứu trước đây đã xác nhận PPV3 liên quan đến các tổn thương viêm ở phúc mạc, đường tiêu hóa và hội chứng viêm da - thận trên lợn [4]. Vì vậy, việc tiếp tục nghiên cứu chuyên sâu về mức độ lưu hành, đặc điểm di truyền, khả năng gây bệnh và cơ chế tương tác của PPV3 với các tác nhân khác là rất cần thiết nhằm làm sáng tỏ ảnh hưởng của virus này đến sức khỏe đàn lợn.

Tại Việt Nam, các nghiên cứu về PPV3, một subtype mới thuộc nhóm parvovirus (PPVs), vẫn còn hạn chế. Các khảo sát trước đây của chúng tôi đã ghi nhận sự hiện diện của PPV3 trên đàn lợn tại một số tỉnh thuộc khu vực miền Bắc và miền Trung [10,11]. Vùng gen NS1/VP1 của các chủng PPV3 phân lập từ Quảng Trị và Quảng Ngãi cũng đã được giải trình tự và phân tích phát sinh chủng loại, cho thấy mức độ đa dạng di truyền nhất định của các chủng PPV3 lưu hành tại miền Trung [11]. Trong khi đó, dữ liệu về sự lưu hành và đặc điểm di truyền của PPV3 tại khu vực miền Nam vẫn còn hạn chế.

Nghiên cứu này nhằm xác định sự lưu hành của PPV3 trên đàn lợn ở độ tuổi giết mổ tại tỉnh Tây Ninh bằng kỹ thuật PCR với cặp mồi đặc hiệu. Phân đoạn gen mã hóa protein vỏ capsid (VP) được giải trình tự và phân tích nhằm làm rõ đặc điểm phân tử và mối quan hệ phát sinh chủng loại giữa các chủng PPV3 phát hiện tại Việt Nam với các chủng tham chiếu trong khu vực và toàn cầu. Đây là báo cáo đầu tiên cung cấp bằng chứng di truyền về sự hiện diện của PPV3 tại miền Nam Việt Nam, góp phần bổ sung dữ liệu dịch tễ học phân tử của nhóm virus PPVs và làm cơ sở khoa học cho việc thiết lập chương trình giám sát, phòng ngừa và kiểm soát PPVs nhằm hạn chế thiệt hại kinh tế trong chăn nuôi lợn.

2. Vật liệu và phương pháp nghiên cứu

2.1. Thu thập mẫu

Tổng cộng 128 mô phổi được thu thập từ các con lợn khỏe mạnh ở độ tuổi từ 18-25 tuần tại các lò mổ trên địa bàn tỉnh Tây Ninh. Tại mỗi lò mổ, tối đa 5 mẫu phổi được lấy, với 4-5 lò mổ được chọn ngẫu nhiên tại

mỗi địa phương. Sau khi thu thập, mẫu được bảo quản trên đá (4°C) trong quá trình vận chuyển đến phòng thí nghiệm và sau đó được lưu trữ ở nhiệt độ -20°C cho đến khi phân tích.

2.2. Tách chiết DNA và phản ứng PCR phát hiện PPV3

DNA tổng số được tách chiết theo quy trình mô tả bởi Sambrook và Russell [12], sử dụng enzyme proteinase K kết hợp với hỗn hợp phenol/chloroform. Sau khi chiết xuất, DNA hòa tan trong dung dịch đệm TE và bảo quản ở 4°C cho các phân tích tiếp theo. Phản ứng PCR phát hiện PPV3 sử dụng cặp mồi được công bố trước đây bởi Csagola và cs. [13]. Thành phần phản ứng PCR bao gồm 50-100 ng DNA mẫu, $2 \times$ PCR Master Mix (Thermo Scientific, Lithuania) và 5 pmol mồi xuôi (PPV3DF: 5'-GCAGTCTGCGCTTAACCTT-3' và mồi ngược (PPV3DR: 5'-CTGCTTCATCCACTGGTC-3'). Phản ứng PCR được thực hiện theo chu trình: Biến tính ban đầu ở 94°C trong 5 phút; 35 chu kỳ với các bước biến tính ở 94°C trong 30 giây, gắn mồi ở 52°C trong 30 giây, kéo dài ở 72°C trong 30 giây; bước kéo dài cuối cùng ở 72°C trong 5 phút.

Phản ứng được giữ ở 14°C sau khi kết thúc. Các sản phẩm PCR được kiểm tra trên gel agarose 2% với thang phân tử HyperLadder™ 1kb (công ty Bioline Reagents, Anh). Đối chứng dương là mẫu DNA dương tính với PPV3 được thu thập từ nghiên cứu trước đây của chúng tôi [11] và đã được xác nhận bằng giải trình tự, trong khi đối chứng âm là sản phẩm PCR sử dụng nước thay thế cho mẫu DNA khuôn.

2.3. Giải trình tự đoạn gen VP của PPV3

Sản phẩm PCR được gửi đến công ty Phù Sa Genomics để giải trình tự theo phương pháp Sanger tiêu chuẩn. Các trình tự gen thu được được xử lý bằng phần mềm BioEdit 7.0.9.0 [14] và tìm kiếm trình tự tương đồng bằng công cụ BLAST trên cơ sở dữ liệu NCBI. Các trình tự nucleotide hoàn chỉnh hoặc phân đoạn của gen mã hóa protein cấu trúc (VP) của PPV3 được thu thập từ cơ sở dữ liệu GenBank của NCBI để làm trình tự tham chiếu. Tổng cộng có 16 trình tự đại diện được lựa chọn từ các khu vực địa lý khác nhau như Trung Quốc, Đức, Hungary, Romania, Brazil và Hoa Kỳ, dựa trên mức độ đầy đủ và chất lượng chú thích.

2.4. Xây dựng cây phát sinh chủng loại

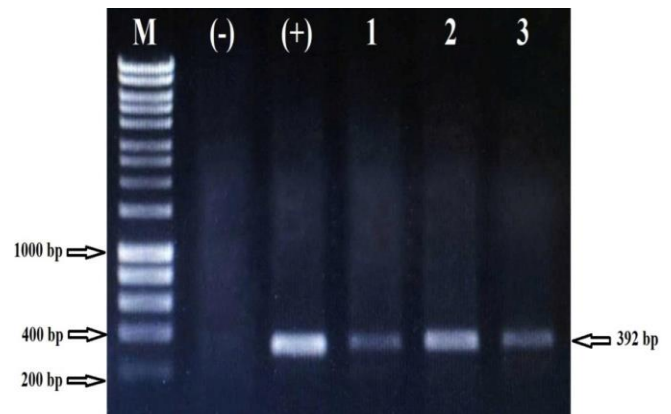


Các trình tự được căn chỉnh để đảm bảo đồng nhất về độ dài và độ tương đồng vị trí trước khi tiến hành phân tích phát sinh chủng loại. Để suy luận mối quan hệ di truyền giữa các chủng PPV3, hai phương pháp xây dựng cây phát sinh chủng loại được sử dụng song song bằng phần mềm MEGA X [15], bao gồm: (i) Phương pháp Neighbor Joining (NJ) được dựng trên cơ sở mô hình Kimura 2 (K2P) và (ii) Phương pháp Maximum Likelihood (ML) được dựng theo mô hình tiến hóa General Time Reversible với phân bố Gamma và tỷ lệ bất biến (GTR+G+I), là mô hình phù hợp nhất được lựa chọn dựa trên tiêu chí BIC. Độ tin cậy của mỗi nhánh trên cây được đánh giá thông qua phân tích bootstrap với 1.000 lần lặp lại.

3. Kết quả và thảo luận

3.1. Phát hiện PPV3 lưu hành trên lợn nuôi ở Tây Ninh

Tỷ lệ OD 260/280 dao động trong khoảng từ 1,81 đến 2,04 cho thấy DNA tổng số thu được có chất lượng và số lượng phù hợp cho các phân tích tiếp theo. Kết quả điện di sản phẩm PCR dùng để phát hiện sự hiện diện của PPV3 được trình bày trong Hình 1.



Hình 1. Kết quả điện di sản phẩm PCR phát hiện virus PPV3

M: HyperLadder™ 1kb (Bioline Reagents Ltd.); (+): đối chứng dương; (-): đối chứng âm; 1-3: mẫu dương tính với PPV3, (1): PPV3-TN04, (2): PPV3-TN16, (3): PPV3-TN24.

Như được thể hiện trong Hình 1, các giếng từ 1 đến 3 hiển thị một băng DNA duy nhất, rõ nét, có kích thước khoảng 392 bp, tương ứng với băng đối chứng dương (+), cho thấy các mẫu này dương tính với kiểu gen PPV3. Ngược lại, giếng đối chứng âm (-) không xuất hiện băng DNA nào. Các sản phẩm dương tính được tinh sạch và giải trình tự một chiều để xác minh kết quả. Sau khi hiệu chỉnh và loại bỏ đoạn trình tự có tín hiệu nhiễu, trình tự nucleotide thu được có chiều dài 326 bp và được xử lý bằng phần mềm BioEdit v.7.0.9.0. Kết quả BLAST đoạn trình tự thu được trên cơ sở dữ liệu NCBI được trình bày trong Hình 2.

MAG: Porcine parvovirus 3 isolate PPV3_VIRES_GX02_C1 nonstructural protein, minor structural protein, and major structural protein genes, complete cds

Sequence ID: [MK378230.1](#) Length: 4978 Number of Matches: 1

Range 1: 2441 to 2766 [GenBank](#) [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
597 bits(323)	3e-166	325/326(99%)	0/326(0%)	Plus/Plus
Query 1	AGTCTGCGCTTAACCTAGGTGATTTTCACCGGCCGCTAACCCGGCCGTGTTGTTGGATT	60		
Sbjct 2441	AGTCTGCGCTTAACCTAGGTGATTTTCACCGGCCGCTAACCCGGCCGTGTTGTTGGATT	2500		
Query 61	TACACAAATTTGCAAGGATGCGTAGTACCTTCTGCAGAGGATATTAAGATTTTCTTTG	120		
Sbjct 2501	TACACAAATTTGCAAGGATGCGTAGTACCTTCTGCAGAGGATATTAAGATTTTCTTTG	2560		
Query 121	AGGAGAGTGTCTCTCCTTGGTCTGAGGAAGACAAAAATTTTGAACAGATTGAAGGGC	180		
Sbjct 2561	AGGAGAGTGTCTCTCCTTGGTCTGAGGAAGACAAAAATTTTGAACAGATTGAAGGGC	2620		
Query 181	AGTTCCAGGAAATATTTCCATCCACCCACAGATACGGAGGATGGAGCCGATAGCTACGGTG	240		
Sbjct 2621	AGTTCCAGGAAATATTTCCATCCACCCACAGATACGGAGGATGGAGCCGATAGCTACGGTG	2680		
Query 241	GCAACAGTGATCAAGGAACGGTTCCCTTAGTGAACACAGACCTTGAACGCCCTCCCGAGC	300		
Sbjct 2681	GCAACAGTGATCAAGGAACGGTTCCCTTAGTGAACACAGACCTTGAACGCCCTCCCGAGC	2740		
Query 301	GCCCCGAATCTTGGTCCCCGGGTAC	326		
Sbjct 2741	GCCCCGAATCTTGGTCCCCGGGTAC	2766		

Hình 2. Kết quả BLAST cho thấy tỷ lệ tương đồng của mẫu dương tính PPV3 so với chủng PPV3 tham chiếu (mã số GenBank: MK378230)

Hình 2 thể hiện mức độ tương đồng lên đến 99,7% (325/326 nt) giữa trình tự thu được từ các mẫu dương tính với PPV3 và trình tự tham chiếu đại diện cho chủng PPV3 được phân lập tại Trung Quốc vào năm 2017 (MK378230). Sai khác duy nhất được ghi nhận tại vị trí nucleotide 98 (G→A) và là một biến dị điểm không ảnh hưởng đáng kể đến mức độ tương đồng tổng thể. Như vậy, kết quả giải trình tự đã khẳng định tính chính xác của kết quả PCR đối với các mẫu dương tính với PPV3. Việc xác nhận sự hiện diện của PPV3 bằng cả PCR và giải trình tự giúp đảm bảo độ tin cậy của kết quả phát hiện virus.

3.2. Tỷ lệ phát hiện PPV3 lưu hành trên lợn giết mổ tại Tây Ninh

Tổng số 128 mẫu thu thập tại 27 lò mổ ở 6 địa phương trên địa bàn tỉnh Tây Ninh đã được kiểm tra bằng phản ứng PCR nhằm phát hiện sự hiện diện của PPV3. Tỷ lệ phát hiện PPV3 ở lợn giết mổ trên địa bàn tỉnh Tây Ninh được trình bày trong Bảng 2. Kết quả PCR cho thấy PPV3 được phát hiện ở 54/128 mẫu, với tỷ lệ 42,2%. Xét theo địa phương thu mẫu, Châu Thành là nơi phát hiện PPV3 lưu hành với tỷ lệ cao nhất

(65,2%), kế đến là Gò Dầu (60%). Tỷ lệ dương tính PPV3 thấp nhất được ghi nhận tại huyện Dương Minh Châu, với 3/18 mẫu, chiếm tỷ lệ 16,7%. Ở các huyện còn lại, sự phổ biến của PPV3 được ghi nhận dao động trong khoảng 35-36,4%. Mặc dù tỷ lệ phát hiện PPV3 không đồng đều giữa các địa phương, kết quả này cho thấy sự phân bố rộng rãi của PPV3 trên địa bàn tỉnh Tây Ninh.

Trong nghiên cứu này, tỷ lệ PPV3 được phát hiện ở Tây Ninh ở mức 42,2%, tương đương với báo cáo trước đây của chúng tôi về sự lưu hành PPV3 ở miền Bắc (43,2%) [11], cao hơn so với tỷ lệ dương tính với PPV3 ở miền Trung (5,5%) [10]. So với các nghiên cứu trên thế giới, kết quả này tương đồng với một số báo cáo châu Á như Trung Quốc (45,11%) và Nhật Bản (39,0%), thấp hơn Thái Lan (73,0%), nhưng cao hơn phần lớn báo cáo ở châu Âu (5,8-20%), Bắc Mỹ (19,2%) và một số quốc gia châu Phi (5,5-17,5%) [4,6,8,9,13]. Kết quả PPV3 khác biệt giữa các báo cáo phản ánh sự khác nhau về khung lấy mẫu (lò mổ so với trang trại), loại mẫu/xét nghiệm và đặc thù lưu hành theo vùng.

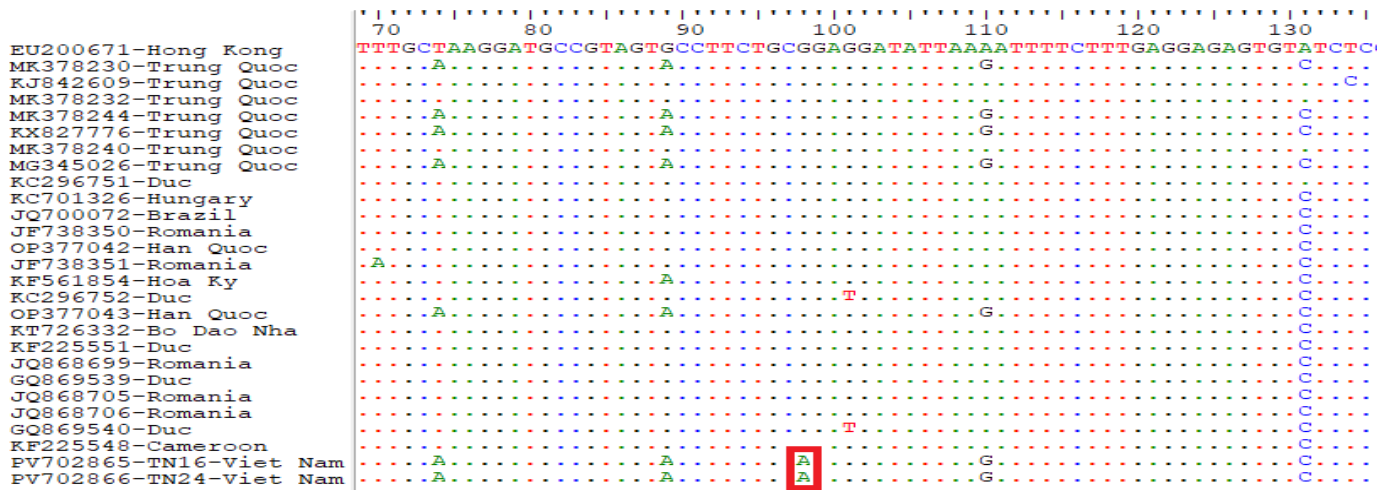
Bảng 2. Tỷ lệ phát hiện PPV3 trên địa bàn tỉnh Tây Ninh

Địa phương	Số lượng lò mổ thu thập mẫu	Số lượng mẫu	Số mẫu dương tính PPV3 (tỷ lệ, %)
Tân Châu	5	22	8 (36,4)
Châu Thành	5	23	15 (65,2)
Gò Dầu	4	20	12 (60,0)
Dương Minh Châu	4	18	3 (16,7)
Trảng Bàng	5	25	9 (36,0)
Hoà Thành	4	20	7 (35,0)
Tổng	27	128	54 (42,2)

3.3. Phân tích trình tự đoạn gen VP của PPV3

Sản phẩm PCR khuếch đại đoạn gen VP của PPV3 từ hai mẫu dương tính PPV3-TN16 và PPV3-TN24 đã được lựa chọn để giải trình tự và phân tích. Trình tự nucleotide thu được có chiều dài 326 bp đã được đăng ký vào cơ sở dữ liệu GenBank với mã truy nhập PV702865 và PV702866. Phân tích cho thấy không phát hiện hiện tượng chèn hoặc mất đoạn nucleotide trong vùng gen này. Các vị trí khác biệt nucleotide trong đoạn gen VP (326 bp) của các chủng PPV3 lưu hành trên lợn nuôi ở Tây Ninh và các chủng PPV3 tham chiếu được trình bày trong Hình 3.

Trong trình tự đoạn gen VP thu được, hai chủng PPV3 có nguồn gốc từ tỉnh Tây Ninh ghi nhận tổng cộng 5 vị trí thay thế nucleotide so với chủng tham chiếu, bao gồm: vị trí 74 (T→A), 89 (G→A), 98 (G→A), 110 (A→G) và 131 (A→C). Đáng chú ý, biến đổi tại vị trí 98 (G→A) được phát hiện đồng thời trên cả hai chủng PPV3-TN16 và PPV3-TN24, trong khi hoàn toàn không hiện diện ở chủng tham chiếu và các chủng đối sánh. Đây có thể là một đặc điểm di truyền đặc trưng, góp phần phân biệt hai chủng PPV3 từ Tây Ninh trong nghiên cứu này.

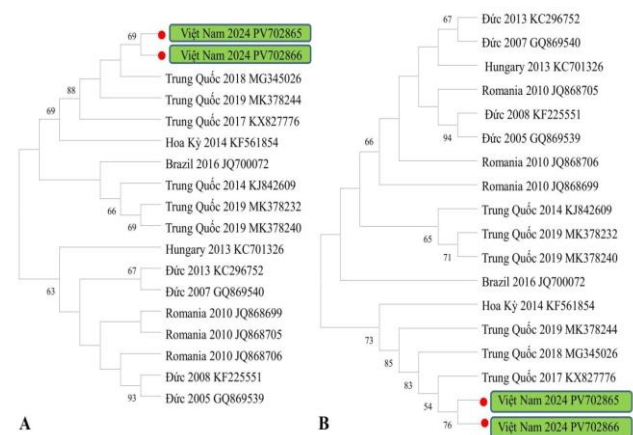


Hình 3. Các vị trí khác biệt nucleotide trong đoạn gen VP (326 bp) của các chủng PPV3 lưu hành trên lợn nuôi ở Tây Ninh và các chủng PPV3 tham chiếu

Ba đột biến tại vị trí 74 (T→A), 89 (G→A) và 110 (A→G) được ghi nhận ở hai chủng PPV3-TN16 và PPV3-TN24 thể hiện sự tương đồng với các chủng PPV3 có nguồn gốc từ Trung Quốc, gợi ý khả năng tồn tại mối quan hệ tiến hóa gần hoặc sự du nhập di truyền của các chủng PPV3 trong khu vực châu Á. Ngược lại, đột biến tại vị trí 131 (A→C) được ghi nhận ở phần lớn các chủng tham chiếu, cho thấy đây có thể là biến thể bảo tồn và không mang nhiều giá trị phân loại về mặt phát sinh chủng loại. Việc phát hiện đồng thời đột biến khác biệt cùng với các dấu hiệu bảo tồn và liên kết tiến hóa khu vực (Việt Nam-Trung Quốc) góp phần làm sáng tỏ đặc điểm di truyền riêng biệt của các chủng PPV3 lưu hành tại Tây Ninh.

3.4. Cây phát sinh chủng loại các chủng PPV3 lưu hành trên lợn nuôi ở Tây Ninh

Phân tích cây phát sinh chủng loại là phương pháp then chốt trong nghiên cứu dịch tễ học phân tử, cho phép đánh giá sự biến đổi và tiến hóa di truyền của virus theo không gian và thời gian [11]. Hình 4 trình bày hai cây phát sinh chủng loại được dựng từ trình tự đoạn gen mã hoá protein cấu trúc của virus PPV3 (326 bp) bằng hai thuật toán: Maximum Likelihood (Hình 4A) và Neighbor Joining (Hình 4B). Cả hai phương pháp đều xác định hai chủng PPV3 phân lập tại Tây Ninh năm 2024 (PPV3-TN16 và PPV3-TN24) tạo thành một nhánh đơn (monophyletic clade) với giá trị bootstrap ở mức đáng tin cậy (69 đối với ML, 76 đối với NJ).



Hình 4. Cây phát sinh chủng loại được xây dựng dựa trên trình tự đoạn gen VP (326 bp) của 2 chủng PPV3-TN16 (PV702865) và PPV3-TN24 (PV702866) phân lập tại Tây Ninh và các chủng PPV3 tham chiếu bằng phương pháp Maximum Likelihood (A) và Neighbor Joining (B) dựa trên phần mềm MEGA X. Giá trị bootstrap ở mỗi nhánh được tính 1.000 lần lặp lại.

Hình 4 cho thấy hai chủng PPV3-TN16 (PV702865) và PPV3-TN24 (PV702866) phân lập tại Tây Ninh tập hợp với các chủng PPV3 có nguồn gốc từ Trung Quốc (MG345026, MK378244, KX827776) trong một phân nhánh di truyền riêng biệt, tách biệt rõ ràng với các chủng đến từ khu vực châu Âu như Đức, Romania và Hungary. Cấu trúc phân nhóm này được thể hiện nhất quán giữa hai thuật toán, phản ánh mối quan hệ di truyền gần gũi giữa các chủng PPV3 phân lập tại Tây Ninh và các chủng Trung Quốc, đồng thời củng cố bằng chứng về sự phân tán di truyền theo khu vực địa lý giữa quần thể PPV3 tại châu Á và châu Âu đã được báo cáo từ các nghiên cứu trước đây [4,11].

Mặc dù khác nhau về nguyên lý suy luận, hai cây phát sinh chủng loại đã cho thấy sự tương đồng phân nhánh (topological) đối với hai chủng PPV3 có nguồn gốc từ Việt Nam, phản ánh tính ổn định của dữ liệu và độ tin cậy của kết quả phân tích. Việc các chủng PPV3 Tây Ninh (2024) phân nhóm gần với các chủng Trung Quốc (2017-2019) cho thấy khả năng cao virus đã được lan truyền từ Trung Quốc, có thể thông qua hoạt động chăn nuôi hoặc giao thương động vật trong khu vực [10]. Bên cạnh đó, Hình 4 còn cho thấy sự phân tầng rõ rệt trong đa dạng di truyền. Các chủng Trung Quốc phân bố thành nhiều nhánh nhỏ, biểu hiện mức độ biến dị di truyền cao, trong khi các chủng châu Âu tạo thành một cụm riêng biệt, thể hiện sự ổn định di truyền nội dòng. Kết quả này tương đồng với nghiên cứu trước đây của chúng tôi trên vùng gen NS1/VP1 [11], gợi ý rằng quần thể PPV3 tại Trung Quốc có thể đã trải qua quá trình tái tổ hợp hoặc thích nghi địa phương mạnh mẽ hơn so với dòng virus tại châu Âu. Việc trình bày song song hai thuật toán khác nhau góp phần kiểm định chéo các giả thuyết tiến hoá, làm sáng tỏ quan hệ dịch tễ giữa các quần thể virus và mở ra hướng nghiên cứu sâu hơn về con đường lan truyền, sự hình thành dòng địa

phương và khả năng tái tổ hợp di truyền của virus PPV3 trong khu vực. Kết quả phân tích phát sinh chủng loại không chỉ xác nhận độ tin cậy của dữ liệu phân tử và phương pháp suy luận, mà còn cung cấp cơ sở di truyền cho giả thuyết về nguồn gốc và sự lan truyền của virus PPV3 tại Tây Ninh.

4. Kết luận

Nghiên cứu đã xác nhận sự hiện diện của virus PPV3 trên lợn nuôi tại tỉnh Tây Ninh bằng kỹ thuật PCR và giải trình tự đoạn gen VP với các cặp mồi đặc hiệu. Tỷ lệ phát hiện cao của PPV3 phản ánh nguy cơ tiềm ẩn về dịch tễ, cho thấy virus đang lưu hành và lan truyền trong đàn lợn ở các địa phương thuộc tỉnh. Phân tích di truyền chỉ ra rằng các chủng PPV3 phân lập từ lợn tại Tây Ninh có quan hệ gần gũi với các chủng lưu hành tại Trung Quốc, đồng thời mang một số đặc điểm biến dị riêng biệt. Đây là thông tin di truyền đầu tiên của PPV3 tại khu vực miền Nam Việt Nam, mở ra hướng nghiên cứu tiếp theo về dịch tễ học phân tử và kiểm soát bệnh do virus này gây ra.

Lời cảm ơn: Nghiên cứu được tài trợ bởi Trường Đại học Nguyễn Tất Thành trong khuôn khổ đề tài mã số 2025.01.188/HĐ-KHCN.

Tài liệu tham khảo

1. Farr, G.A., Cotmore, S.F., Tattersall, P. (2006). VP2 cleavage and the leucine ring at the base of the fivefold cylinder control pH-dependent externalization of both the VP1 N terminus and the genome of minute virus of mice. *Virol. J.*, 80(1): 161-171.
2. Xie, Q., Wang, J., Gu, C., Wu, J., Liu, W. (2023). Structure and function of the parvoviral NS1 protein: A review. *Virus Genes*, 59 (2): 195-203
3. Streck, A.F., Truyen, U. (2020). Porcine Parvovirus. *Curr. Issues. Mol. Biol.*, 37: 33-46.
4. Vargas-Bermudez, D.S.; Mogollon, J.D.; Franco-Rodriguez, C.; Jaime, J. (2023). The Novel Porcine Parvoviruses: Current State of Knowledge and Their Possible Implications in Clinical Syndromes in Pigs. *Viruses*, 15, 2398.
5. Lau, S.K., Woo, P.C., Tse, H., Fu, C.T., Au, W.K., Chen, X.C., Tsoi, H.W., Tsang, T.H., Chan, J.S., Tsang, D.N., Li, K.S., Tse, C.W., Ng, T.K., Tsang, O.T, Zheng, B.J., Tam, S., Chan, K.H., Zhou, B., Yuen, K.Y. (2008). Identification of novel porcine and bovine parvoviruses closely related to human parvovirus 4. *J. Gen. Virol.*, 89: 1840-1848.
6. Zhao, D.; Lin, H.; Huang, Z.; Zhou, Y.; Qi, W.; Cui, M.; Qiu, M.; Zhu, J.; Chen, N. (2024). Positivity status and molecular characterization of Porcine Parvoviruses 1 through 8 (PPV1-PPV8) from slaughtered pigs in China. *Animals*, 14, 3238.
7. Cadar, D., Cságola, A., Kiss, T., Tuboly, T. (2013). Capsid protein evolution and comparative phylogeny of novel porcine parvoviruses. *Mol. Phylogenet.*, 66: 243-253.
8. Patrick G. Halbur D.V.M. (2014). Characterization of porcine parvovirus type 3 (PPV3) infection in growing pigs. Research Report, Swine Health, USA National Pork Board: 1-6
9. Qin, S., Ruan, W., Yue, H., Tang, C., Zhou, K., Zhang, B. (2018). Viral communities associated with porcine respiratory disease complex in intensive commercial farms in Sichuan province, China. *Sci. Rep.*, 8: 13341.



10. Nguyen Thi Dieu Thuy, Nguyen Tran Trung, Tran Quoc Dung, Do Vo Anh Khoa, Dinh Thi Ngoc Thuy, Tanja Opriessnig (2021). First investigation of the prevalence of parvoviruses in slaughterhouse pigs and genomic characterization of ungulate copiparvovirus 2 in Vietnam. *Archives of Virology*, 166: 779-788.
11. Nguyễn Trần Trung, Trần Quốc Dung, Đinh Thị Ngọc Thúy, Nguyễn Thị Diệu Thúy (2023). Phân tích trình tự vùng gen NS1/VP1 của virus Parvo (PPV3) trên lợn nuôi tại Quảng Trị và Quảng Ngãi. *Tạp chí Khoa học kỹ thuật Chăn nuôi*, 293: 59-65.
12. Sambrook J. and Russell D.W. (2001). Molecular Cloning: A Laboratory Manual. Third Edition. *Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York*.
13. Csagola, A., Lorincz, M., Cadar, D., Tombacz, K., Biksi, I., Tuboly, T. (2012). Detection, prevalence and analysis of emerging porcine parvovirus infections. *Arch. Virol.*, 157: 1003-1010.
14. Hall T. (1999) BioEdit: A user-friendly biological sequences alignment editor and analysis program for Window 95/98/NT. *Nucl. Acids. Symp. Ser.*, 41:95-8.
15. Tamura K., Dudley J., Nei M., Kumar S. (2007) MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol Biol Evol* 24(8): 1596-9.

Detection and Genetic Characterization of the Structural Protein-Encoding Gene of Porcine Parvovirus 3 (PPV3) in Slaughter Pigs Raised in Tay Ninh Province

Nguyen Tran Trung^{1, 2, 3*}, Nguyễn Thị Diệu Thúy⁴, Tran Quoc Dung⁵, Dinh Thi Ngoc Thuy⁴, Nguyen Hoang Khanh Linh⁶, Nguyen Thanh Diem¹, Pham Nguyen Huy Hoang¹, Nguyen Van Huong¹

¹ Nguyen Tat Thanh University, Ho Chi Minh City

² NTT Hi-Tech Institute, Nguyen Tat Thanh University, Ho Chi Minh City, Viet Nam

³ Nguyen Tat Thanh University Center for Hi-Tech Development, Saigon Hi-Tech Park, Ho Chi Minh City, Viet Nam

⁴ Biology Institute, Viet Nam Academy of Science and Technology, Ha Noi City

⁵ Department of Biology, Hue University of Education, Hue University, Hue City

⁶ Medical Biotechnology Department, Biotechnology Center of Ho Chi Minh City, Ho Chi Minh City

*nguyen.trung@ntt.edu.vn

Abstract Porcine Parvovirus (PPV) is a major causative agent of reproductive failure syndrome in pigs. This study aimed to detect the presence and analyze the genetic characteristics of PPV3 circulating in slaughter-age pigs raised in Tay Ninh province, Vietnam. The virus was detected using PCR with genotype-specific primers, followed by sequencing of a fragment of the structural protein-encoding gene (VP gene). PCR results demonstrated the presence of PPV3-specific genetic material in 54 out of 128 samples, corresponding to a prevalence rate of 42.2%. A 326 bp nucleotide sequence of the VP gene was successfully obtained from two isolates, designated PPV3-TN16 and PPV3-TN24. BLAST analysis revealed high sequence similarity between these isolates and previously reported PPV3 strains from China. Phylogenetic analysis showed that the two isolates from Tay Ninh clustered closely with Asian PPV3 strains. Although the sequenced fragment was relatively short, this study provides the first molecular evidence of PPV3 circulation and genetic characteristics in Tay Ninh, thereby establishing a basis for further investigations on molecular epidemiology and control strategies of PPV infections.

Keywords Porcine parvovirus (PPV), PPV3, VP gene, phylogenetic tree, Tay Ninh province.