

## PHÂN TÍCH TRÌNH TỰ VÙNG GEN NS1/VP1 CỦA VIRUS PARVO (PPV3) TRÊN LỢN NUÔI TẠI QUẢNG TRỊ VÀ QUẢNG NGÃI

Nguyễn Trần Trung<sup>1,3</sup>, Trần Quốc Dung<sup>2</sup>, Đinh Thị Ngọc Thúy<sup>3</sup> và Nguyễn Thị Diệu Thúy<sup>3\*</sup>

Ngày nhận bài báo: 06/7/2023 - Ngày nhận bài phản biện: 30/7/2023

Ngày bài báo được chấp nhận đăng: 30/8/2023

### TÓM TẮT

Virus Parvo trên lợn (*Porcine Parvovirus* - PPV) là một trong những tác nhân chính gây nên hội chứng suy giảm khả năng sinh sản ở lợn nái. Nghiên cứu này tiến hành phân tích trình tự nucleotide và các biến đổi di truyền vùng gen thuộc gen mã hóa protein không cấu trúc (*Nonstructural protein* - NS1) và gen mã hoá protein vỏ capsid (*Viral coat and capsid protein*-VP) của PPV3 trên lợn nuôi thu tại 2 tỉnh Quảng Ngãi và Quảng Trị. Trình tự nucleotide có kích thước phân tử 995bp (thuộc gen NS1 và VP1) đã được xác định từ 2 chủng PPV3-QN16 và PPV3-QT4. Trình tự gen NS1/VP1 (995bp) của 2 chủng PPV3 bộc lộ 6 vị trí thay thế, tương ứng với mức tương đồng nucleotide là 99,1%. 4/6 biến đổi nucleotide này là hoàn toàn khác biệt với các chủng PPV3 tham chiếu. Cây phát sinh chủng loại xây dựng dựa trên trình tự đoạn gen VP1 (305bp) phân thành 2 nhánh với giá trị bootstrap tin cậy. Trong đó, hai chủng PPV3 phân lập từ miền Trung Việt Nam thuộc cùng một nhánh với các chủng PPV3 có nguồn gốc từ Trung Quốc (2017-2019) và Mỹ. Nhánh thứ hai bao gồm các chủng PPV3 có nguồn gốc từ Trung Quốc, Hàn Quốc, châu Âu và châu Mỹ. Nghiên cứu này cung cấp thông tin về biến đổi di truyền trong trình tự nucleotide của PPV3 lưu hành trên đàn lợn thương phẩm nuôi tại Miền Trung.

**Từ khóa:** Trình tự nucleotide, Virus Parvo 3, lợn, cây phát sinh chủng loại, Quảng Ngãi, Quảng Trị.

### ABSTRACT

#### The nucleotide sequence of NS1/VP1 gene of Porcine Parvovirus 3 (PPV3) in finishing pigs raised in Quang Ngai and Quang Tri provinces

Porcine Parvovirus (PPV) is one of the main causes of reproductive failure syndrome in sows. In this study, the nucleotide sequence and genetic variation of nonstructural and capsid protein encoding region (NS1/VP1) of the PPV3 genotype in pigs raised in the two provinces of Quang Ngai and Quang Tri were analysed. The nucleotide sequence of NS1/VP1 with a molecular size of 995bp, was determined from two strains PPV3-QN16 and PPV3-QT4. Six nucleotide substitutions were detected in two analyzed PPV3 strains, which is correspondent to 99,1% of nucleotide identity. Out of six nucleotide substitutions, four were completely different from PPV3 reference strains. The phylogenetic tree based on the VP1 gene sequence (305bp) showed two identical clades with reliable bootstrap values. In which, the two Vietnamese PPV3 strains grouped in a clade together with PPV3 strains originating from China (2017-2019) and the US. The second clade was formed by the PPV3 strains from China, Korea, Europe and America. The results of this study provide information about the genetic variation of PPV3 strains circulating in finishing pigs raised in the central provinces of Vietnam.

**Keywords:** Nucleotide sequence, Porcine Parvovirus 3, pigs, phylogenetic tree, Quang Ngai, Quang Tri.

### 1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Ở các nước có ngành chăn nuôi lợn phát triển, đàn lợn nái thường gặp các vấn đề liên

quan đến suy giảm khả năng sinh sản. Porcine Parvovirus (PPV) được xem là nguyên nhân gây nên hội chứng suy giảm khả năng sinh sản ở lợn nái, biểu hiện ở việc lợn nái nhiễm PPV sinh con bị chết non, ướp xác, chết phôi và vô sinh (Stillbirth, Mummification, Embryonic Death and Infertility-SMEDI). PPV là virus không vỏ, hình dạng tròn, có kích thước nhỏ, đường kính virion khoảng 18-26nm, cấu

<sup>1</sup> Viện Công nghệ sinh học, Đại học Huế

<sup>2</sup> Trường Đại học Sư phạm, Đại học Huế

<sup>3</sup> Viện Công nghệ sinh học, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

\*Tác giả liên hệ: TS. Nguyễn Thị Diệu Thúy, Viện Công nghệ sinh học, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam.

Điện thoại: 0916541273; Email: ntdthuy@ibt.ac.vn

trúc đối xứng 20 mặt (Bern và Hauswirth, 1983). Vật liệu di truyền của PPV là DNA sợi đơn, kích thước phân tử dao động từ 4-6,3kb (Molitor và ctv, 1983). Hệ gen PPV đặc trưng bởi cấu trúc kẹp tóc ở hai đầu 5'-3', hai khung đọc mở (ORF) mã hoá cho các protein không cấu trúc (nonstructural protein) và vỏ capsid của chúng (capsid protein) (Simpson và ctv, 2002). Hiện tại, theo phân loại của Ủy ban Quốc tế về phân loại virus (International Committee on Taxonomy of Viruses-ICTV), 7 kiểu gen PPV đã được xác nhận: PPV1 (*U. protoparvovirus* 1); PPV2 (*U. tetraparvovirus* 3); PPV3 (*U. tetraparvovirus* 2); PPV4 (*U. copiparvovirus* 2); PPV5 (chưa có tên loài); PPV6 (*U. copiparvovirus* 4) và PPV7 (*U. chaphamaparvovirus*) (Walker và ctv, 2020). Gần đây, kiểu gen PPV8 được phát hiện bởi Guo và ctv (2022) trên đàn lợn nuôi tại Trung Quốc và chưa được chính thức phân loại.

PPV3 lần đầu tiên được phân lập tại Hồng Kông với tên gọi là PhoV (Porcine Hokovirus) năm 2008. Trình tự hệ gen của PhoV thể hiện mức độ tương đồng cao với Parvovirus 4 ở người và Hokovirus ở bò, tạo thành nhánh riêng trong họ Parvovirus (Lau và ctv, 2008). PPV3 được phát hiện với tỷ lệ 9,7% ở lợn nuôi ở Hungari (Csagola và ctv, 2012), tỷ lệ dương tính PPV3 trên lợn rừng ở Đức (Adlhoch và ctv, 2010), Romania (Cadaru và ctv, 2011) và miền Nam nước Ý (Amoroso và ctv, 2019) cao hơn lần lượt là 32,7 và 35%. Trên đối tượng lợn nuôi tại châu Á, PPV3 được phát hiện tại Trung Quốc (Sun và ctv, 2015), Thái Lan (Saekhow và Ikeda, 2015) và Nhật Bản (Saekhow và ctv, 2015) với tỷ lệ cao hơn hẳn là 45,1; 73 và 39%. Gần đây, PPV3 cũng đã được phát hiện tại Nam Phi và Congo với tỷ lệ lần lượt là 5,5 và 17,5% (Afolabi và ctv, 2019 ; Bisimwa và ctv, 2021). Thông tin về khả năng gây bệnh trên lợn của PPV3 cho đến nay vẫn còn hạn chế, tuy nhiên, đã có minh chứng cho thấy PPV3 làm suy giảm khả năng miễn dịch ở lợn (Amoroso và ctv, 2019), đóng vai trò là yếu tố kích hoạt liên quan đến bệnh do PCV2 trên lợn (Patrick và ctv, 2014). Đồng thời, gần đây PPV3 được xác nhận có liên quan đáng kể

đến hiện tượng viêm phúc mạc, viêm loét dạ dày, đại tràng và manh tràng, bệnh viêm da và hội chứng bệnh thận ở lợn (Porcine dermatitis and nephropathy syndrome) (Tregakis và ctv, 2020).

Ở Việt Nam, các nghiên cứu gần đây đã xác nhận sự lưu hành của PPV1-4 trên đàn lợn ở một số tỉnh thành trong phạm vi cả nước (Nguyen Tran Trung và ctv, 2019 ; Thuy và ctv, 2021). Trong đó, kiểu gen PPV3 đã được phát hiện trên đàn lợn nuôi ở một số tỉnh miền Bắc, miền Nam với tỷ lệ lần lượt là 43,2; 6,9% (Thuy và ctv, 2021). Nghiên cứu của Giáp và ctv (2022) đã khảo sát tỷ lệ lợn dương tính với PPV3 là 46,5% (năm 2017) và 27,3% (2021). Trình tự hệ gen PPV4, đặc điểm phân tử gen mã hoá của PPV2 phân lập trên lợn nuôi tại một số địa phương đã được phân tích (Thuy và ctv, 2021; Nguyen Tran Trung và ctv, 2023). Trong nghiên cứu này, vùng gen NS1/VP1 (kích thước phân tử 995bp) của chủng PPV3 phân lập tại 2 tỉnh miền Trung (Quảng Trị và Quảng Ngãi) đã được giải trình tự và phân tích biến đổi di truyền.

## 2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

Mẫu phổi dương tính với PPV3 thu từ lợn thương phẩm nuôi tại Quảng Ngãi và Quảng Trị lần lượt vào năm 2018 và 2019 (Nguyen Tran Trung và ctv, 2019). Mẫu được giữ ở 4°C và chuyển về phòng thí nghiệm Viện Công nghệ sinh học, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam bảo quản ở -20°C cho đến khi sử dụng để tách chiết DNA tổng số.

DNA tổng số được tách chiết theo phương pháp của Sambrook và Russell (2001): sử dụng proteinase K; phenol/phloroform. DNA tổng số được pha loãng trong đệm TE và bảo quản ở 4°C trước khi tiến hành thí nghiệm.

Để khuếch đại vùng gen NS1/VP1 của PPV3, phản ứng PCR được thực hiện với 50-100ng DNA tổng số, hỗn hợp PCR master mix 2X (Thermo Scientific, Lithuania), 5pmol mỗi môi xuôi (F: TTGGAGGTACCGGCAGA) và mỗi ngược (R: TCATCGTACCGTTCATCG với kích thước sản phẩm khuếch đại theo tính toán lý thuyết là 995bp. Chu trình PCR được

thực hiện với 3 bước: (i) Biến tính ban đầu ở 94°C trong 5 phút; (ii) 35 chu kỳ bao gồm: biến tính ở 94°C trong 30 giây, gắn mỗi ở 58/53°C trong 30 giây và kéo dài mạch ở 72°C trong 30 giây; (iii) Kết thúc tổng hợp ở 72°C trong 5 phút và giữ mẫu ở 14°C. Sản phẩm PCR được kiểm tra bằng điện di trên gel agarose 2% sử dụng Marker DNA 100bp (Thermo Fisher Scientific). Sản phẩm PCR được sử dụng để giải trình tự gen trực tiếp 2 chiều theo nguyên lý Sanger bằng thiết bị giải trình tự tự động ABI-3100 Avant Genetic Analyzer (Macrogen, Hàn Quốc).

Các trình tự gen thu được được xử lý bằng phần mềm BioEdit v.7.0.9.0 (Hall, 1999) và tìm kiếm trình tự tương đồng bằng công cụ BLAST trên cơ sở dữ liệu NCBI (Altschul và ctv, 1990). Danh sách các trình tự gen PPV3 tham chiếu được trình bày ở Bảng 1.

**Bảng 1. Trình tự nucleotide các chủng PPV3**

Mã số GenBank	Quốc gia	Phân lập năm	Tác giả
KJ842609		2014	He và ctv
MK378232			
MK378244		2019	He và Tu
MK378240	Trung Quốc		
KX827776		2017	Sun và ctv
MG345026		2018	Qin và ctv
JQ177085		2013	Pan và ctv
MW355754	Congo	2021	Bisimwa và ctv
EU200671	Hồng Kông	2008	Lau và ctv
OP377042			
OP377043	Hàn Quốc	2023	Park và ctv
KC296751	Đức	2013	Streck và ctv
KC701326	Hungary	2013	Cadar và ctv
KP768509	Slovakia	2015	Sliz và ctv
JQ700072	Brazil	2016	Souza và ctv
KT726332	Bồ Đào Nha	2016	Miranda và ctv
JF738351			
JF738350	Romania	2011	Cadar và ctv
KF561854	Mỹ	2014	Opriessnig và ctv
QN16		2018	
QT4	Việt Nam	2019	Trung và ctv

Cây phát sinh chủng loại được xây dựng bằng phần mềm MEGA X (Tamura, 2013) với các tham số đầu vào bao gồm: Phương pháp

suy diễn cây phát sinh chủng loại Neighbor Joining; mô phỏng sự thay đổi nucleotide giữa các trình tự gen dựa vào mô hình Tajima-Nei; mức tin cậy ở các nhánh của cây phát sinh chủng loại được ước tính bằng phép thử bootstrap lặp lại 1.000 lần.

### 3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

PPVs được xem là một trong những tác nhân chính gây ra hội chứng suy giảm khả năng sinh sản ở lợn nái và hội chứng này đã gây thiệt hại đáng kể cho ngành chăn nuôi lợn; do đó, việc phát hiện các kiểu gen PPVs ở lợn sử dụng phương pháp PCR khuếch đại gen mục tiêu đã được ứng dụng trong kiểm soát PPVs trên lợn thương phẩm ở nhiều nước trên thế giới.

Nhóm nghiên cứu của chúng tôi đã phát hiện PPV3 lưu hành trên đàn lợn nuôi tại 7 tỉnh khu vực miền Trung với tỷ lệ 5,5% (8/146). Cụ thể, PPV3 đã được phát hiện 3/7 tỉnh thành gồm Quảng Trị, Thừa Thiên Huế và Quảng Ngãi với tỷ lệ lần lượt là 13,6; 10,7 và 8,3% (Nguyen Tran Trung và ctv, 2019). Gần đây, Thụy và ctv (2021) đã phát hiện PPV3 với tỷ lệ nhiễm 17,7% trên lợn trong độ tuổi xuất chuồng tại 13 tỉnh thuộc 3 miền của Việt Nam. Với tỷ lệ phát hiện PPV3 ở bảy tỉnh miền Trung là 5,5%, kết quả nghiên cứu của chúng tôi tương đương với kết quả phát hiện PPV3 trên đàn lợn tại Anh và một số nước châu Âu (5,8%) cũng như tại Nam Phi (5,5%) (Tregakis và ctv, 2020; Afolabi và ctv, 2019). Tỷ lệ phát hiện PPV3 cao hơn đã được báo cáo ở Trung Quốc (45,11%), Thái Lan (73%), Nhật Bản (39%), Đức (20%), Slovakia (11%), Bắc Mỹ (19,2%) và Congo (17,5%) (Streck và ctv, 2013; Opriessnig và ctv 2014; Sliz và ctv, 2015; Sun và ctv, 2015; Saekhow và Ikeda, 2015; Saekhow và ctv, 2016; Bisimwa và ctv 2021).

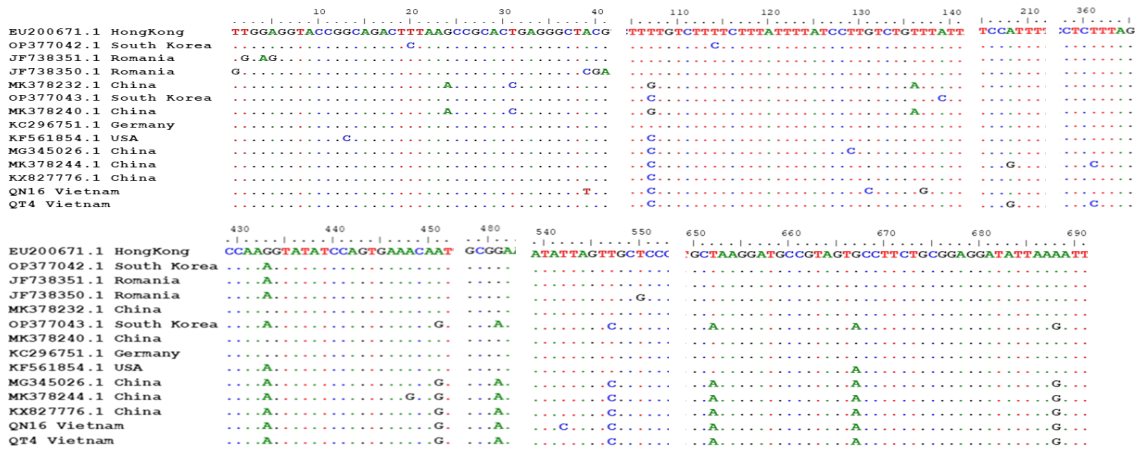
Sự khác biệt về tỷ lệ phát hiện PPV3 trên đàn lợn tại các địa phương khác nhau có thể được giải thích bằng việc thu thập những loại mẫu khác nhau, lứa tuổi, tình trạng lợn, cũng như điều kiện chăn nuôi lợn. Theo Saekhow và Ikeda (2015), tỷ lệ lưu hành của PPVs có thể phụ thuộc vào loại mẫu được thu thập và sàng

lọc. Đồng thời, sự khác biệt về kết quả phát hiện PPV3 ở mỗi địa phương có thể được lý giải bởi sự khác biệt trong quy mô chăn nuôi cũng như hoạt động quản lý vệ sinh dịch tễ thú y ở từng trang trại/địa phương.

**3.1. Phân tích trình tự vùng gen NS1/VP1 của PPV3**

Trình tự vùng gen NS1/VP1 của hai chủng PPV3-QN16 và PPV3-QT4 lưu hành trên lợn ở Quảng Ngãi và Quảng Trị đã được xác định và phân tích. Kết quả giải trình tự thu được đoạn gen có kích thước phân tử 995bp; trong đó không xuất hiện các đột biến chèn/xoá (Hình 1).

Trong trình tự gen kích thước 995bp, 2 chủng PPV3 bộc lộ 6 vị trí nucleotide khác biệt, cụ thể 39: A→T, 131: G→C, 137: T→G, 208: A→G, 361: T→C và 542: T→C (Hình 1, Bảng 2). Trong số 6 vị trí biến đổi đó, 4 vị trí thay thế nucleotide khác biệt hoàn toàn so với các chủng tham chiếu, bao gồm các vị trí 39: A→T, 131: G→C, 137 T→G và 542: T→C (Bảng 2). Bên cạnh đó, so sánh các vị trí thay thế nucleotide tương tự với các chủng tham chiếu cũng cho thấy hai chủng PPV3 phân lập tại miền Trung một số thay thế nucleotide tương đồng với chủng PPV3 phân lập tại Trung Quốc (2017-2019), Hàn Quốc và Mỹ (107: T→C, 433: G→A, 667: G→A và 709: A→C) (Bảng 2).



**Hình 1. Các vị trí khác biệt nucleotide trong vùng gen NS1/VP1 (995bp) của các chủng PPV3 trong nghiên cứu này và các chủng PPV3 tham chiếu**

**Bảng 2. Vị trí thay thế nucleotide trong vùng gen NS1/VP1 của 2 chủng PPV3-QN16, PPV3-QT4 và các chủng PPV3 tham chiếu**

Chủng tham chiếu	Vị trí thay thế nucleotide															
	39	107	131	137	208	361	433	451	481	542	547	652	667	688	709	745
EU200671 HongKong	A	T	G	T	A	T	G	A	G	T	T	T	G	A	A	G
OP377042 South Korea	A	T	G	T	A	T	A	A	G	T	T	T	G	A	C	A
JF738351 Romania	A	T	G	T	A	T	A	A	G	T	T	T	G	A	C	A
JF738350 Romania	C	T	G	T	A	T	A	A	G	T	T	T	G	A	C	A
MK378232 China	A	G	G	T	A	T	G	A	G	T	T	T	G	A	A	A
OP377043 South Korea	A	C	G	T	A	T	A	G	A	T	C	A	A	G	C	A
MK378240 China	A	G	G	T	A	T	G	A	G	T	T	T	G	A	A	A
KC296751 Germany	A	T	G	T	A	T	G	A	G	T	T	T	G	A	A	A
KF561854 USA	A	C	G	T	A	T	A	A	G	T	T	T	A	A	C	A
MG345026 China	A	C	G	T	A	T	A	G	A	T	C	A	A	G	C	A
MK378244 China	A	C	G	T	G	C	A	G	A	T	C	A	A	G	C	A
KX827776 China	A	C	G	T	A	T	A	G	A	T	C	A	A	G	C	A
QN16 Vietnam	T	C	C	G	A	T	A	G	A	C	C	A	A	G	C	A
QT4 Vietnam	A	C	G	T	G	C	A	G	A	T	C	A	A	G	C	A

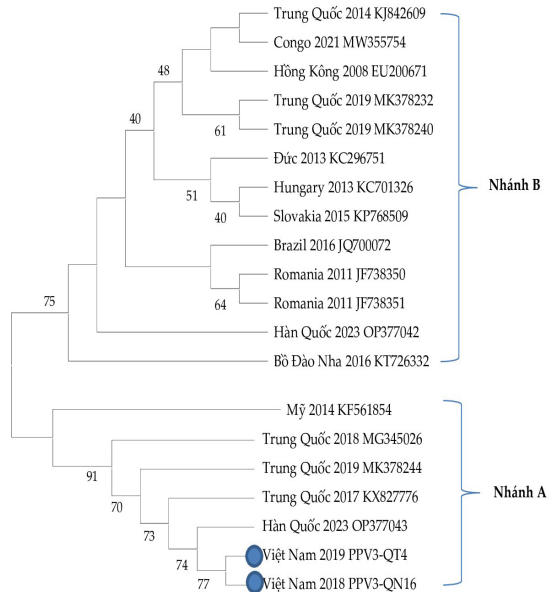
Kết quả so sánh trình tự nucleotide cho thấy 2 chủng PPV3 phân lập tại Quảng Trị và Quảng Ngãi có sự khác biệt ở 6 vị trí nucleotide, tỷ lệ tương đồng giữa hai chủng PPV3 phân lập ở Quảng Ngãi và Quảng Trị là 99,1%. Tỷ lệ tương đồng của hai chủng PPV3 trong nghiên cứu của chúng tôi với các chủng Trung Quốc được phân lập trong cùng thời điểm (2017-2019) dao động 99,2-99,5%, cao hơn tỷ lệ tương đồng nucleotide giữa 2 chủng PPV3 nghiên cứu (99,1%); và cao hơn hẳn khi so sánh với các chủng Trung Quốc được phân lập trong giai đoạn 2014-2019 (97,8-97,9%). So với chủng PPV3 có nguồn gốc từ Mỹ, các chủng PPV3 phân lập tại Quảng Ngãi và Quảng Trị có độ tương đồng nucleotide 98,3-98,4%. Tỷ lệ tương đồng nucleotide này thấp hơn, dao động trong khoảng 97-98,4% khi so sánh với các chủng PPV3 có nguồn gốc từ Châu Âu.

### 3.2. Cây phả hệ di truyền các chủng PPV3 trên lợn nuôi tại Quảng Ngãi và Quảng Trị

Nghiên cứu dịch tễ học phân tử dựa trên việc phân tích cây phát sinh chủng loại là một vấn đề quan trọng nhằm đánh giá sự biến đổi di truyền của các chủng virus ngoài thực địa, từ đó đánh giá sự biến chủng của virus theo thời gian. Cây phát sinh chủng loại của các chủng PPV3 phân lập trong nghiên cứu này và các chủng tham chiếu có nguồn gốc từ 3 trung tâm chăn nuôi lợn lớn trên thế giới là châu Âu, châu Mỹ và châu Á (Bảng 1) được xây dựng dựa trên trình tự vùng gen mã hoá protein cấu trúc VP1 của PPV3 với kích thước phân tử 305bp (Hình 2).

Cây phát sinh chủng loại PPV3 dựa trên trình tự vùng gen mã hoá protein cấu trúc VP1 (305bp) phân các chủng PPV3 phân tích thành hai nhánh chính. Hai chủng PPV3 được phân lập vào năm 2018-2019 ở miền Trung Việt Nam tập hợp cùng với các chủng PPV3 được phân lập tại Trung Quốc trong giai đoạn 2017-2019 và các chủng PPV3 có nguồn gốc từ Mỹ trong một phân nhánh. Nhánh thứ 2 bao gồm các chủng PPV3 có nguồn gốc từ Trung Quốc, Hàn Quốc, châu Âu, Congo và Brazil. Kết quả nghiên cứu này phù hợp với các phân

tích phát sinh chủng loại dựa trên trình tự gen VP của PPV3 được thực hiện bởi các nghiên cứu trước đây (Sun và ctv, 2015; Bisimwa và ctv, 2021).



**Hình 2. Cây phát sinh chủng loại được xây dựng dựa trên trình tự vùng gen VP1 (305bp) của 2 chủng PPV3-QN16 và PPV3-QT4 (chấm tròn) và các chủng PPV3 tham chiếu bằng phần mềm MEGA X (Tamura, 2013).**

Các chữ số trên các nhánh là giá trị bootstrap với 1.000 lần lặp lại.

## 4. KẾT LUẬN

Trình tự vùng gen NS1/VP1 (995bp) của hai chủng PPV3-QN16 và PPV3-QT4 trên lợn nuôi tại 2 tỉnh Quảng Ngãi và Quảng Trị đã được xác định và phân tích. Kết quả bộ lọc 6 vị trí nucleotide khác biệt giữa 2 chủng PPV3 nghiên cứu, trong đó, 4 vị trí thay thế nucleotide khác biệt so với các chủng PPV3 tham chiếu. Hai chủng PPV3 phân lập được xếp cùng nhóm di truyền với các chủng PPV3 có nguồn gốc từ Trung Quốc và Mỹ. Kết quả từ nghiên cứu này cung cấp thông tin về biến đổi di truyền trong trình tự vùng gen NS1/VP1 của PPV3 lưu hành trên lợn nuôi tại 2 tỉnh miền Trung, đóng góp vào cơ sở dữ liệu về dịch tễ phân tử PPVs ở Việt Nam.

**LỜI CẢM ƠN**

Nghiên cứu này được tài trợ bởi Quỹ Khoa học và Công nghệ Quốc gia Việt Nam (NAFOSTED), mã số 106-NN.05-2015.62. Nghiên cứu sinh Nguyễn Trần Trung được tài trợ bởi Chương trình học bổng đào tạo Thạc sĩ, Tiến sĩ trong nước của Quỹ Đổi mới sáng tạo Vingroup (VINIF), mã số VINIF.2022.TS138.

**TÀI LIỆU THAM KHẢO**

1. Adlhoch C., Kaiser M., Ellerbrok H. and Pauli G. (2010). High prevalence of porcine Hokovirus in German wild boar populations. *Viol. J.*, 7(171): 1-4.
2. Afolabi K.O., Iweriebor B.C., Obi L.C. and Okoh A.I. (2018). Prevalence of porcine parvoviruses in some south African swine herds with confirmed high farm level occurrence of porcine circovirus type 2. *Act. Tro.*, 119: 37-44.
3. Altschul S.F., Gish W., Miller W., Myers E.W. and Lipman D.J. (1990). Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.*, 215: 403-10.
4. Amoroso M.G., Cerutti F., D'alessio N., Lucibelli M.G., Cerrone A., Acutis P.L., Galiero G., Fusco G. and Peletto S. (2019). First Identification Of Porcine Parvovirus 3 In A Wild Boar In Italy By Viral Metagenomics-Short Communication. *Act. Vet. Hun.*, 67(1): 135-39.
5. Berns K.I. and Hauswirth W.W. (1983). Adeno-associated virus DNA structure and replication. In Berns K.I., *The Parvoviruses*, New York, Plenum Press: 1-31.
6. Bisimwa P., Wasso D., Bantuzeko F., Aksanti C., Tonui R., Birindwa A. and Bisimwa E. (2021). First investigation on the presence of porcine parvovirus type 3 in domestic pig farms without reproductive failure in the Democratic Republic of Congo. *Vet. Ani. Sci.*, 13(1): 100187.
7. Cadar D., Cságola A., Kiss T. and Tuboly T. (2013). Capsid protein evolution and comparative phylogeny of novel porcine parvoviruses. *Mol. Phylogenet.*, 66: 243-53.
8. Cheung A.K., Wu G., Wang D., Bayles D.O., Lager K.M. and Vincent A.L. (2010). Identification and molecular cloning of a novel porcine parvovirus. *Arch. Virol.*, 155: 801-06.
9. Csagola A., Lorincz M., Cadar D., Tombacz K., Biksi I. and Tuboly T. (2012). Detection, prevalence and analysis of emerging porcine parvovirus infections. *Arch. Virol.*, 157: 1003-10.
10. 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. and Yuen K.Y. (2008). Identification of novel porcine and bovine parvoviruses closely related to human parvovirus 4. *J. Gen. Virol.*, 89: 1840-48.
11. Molitor T.W., Joo H.S. and Collet M.S. (1983). Porcine parvovirus purification and structural and antigenic properties of viron polypeptides. *Viol. J.*, 45: 842-54.
12. Nguyen Tran Trung, Tran Quoc Dung, Dinh Thi Ngoc Thuy, Vu Thi Tien, Do Vo Anh Khoa and Nguyen Thi Dieu Thuy (2019). Detection of Porcine parvovirus in pig in central provinces of Viet Nam. *Journal of Animal Husbandry Sciences and Technics*, 249: 113-15.
13. Nguyen Tran Trung, Tran Quoc Dung and Nguyen Thi Dieu Thuy (2023). Prevalence and structural protein encoding gene sequence (VP) of porcine parvovirus 2 (PPV2) in slaughtered pigs in central provinces of Vietnam. *Hue Uni. J. Sci.: Natural Sci.*, 132(1D): 5-14.
14. Nguyen V.G., Dang H.A., Nguyen T.T., Huynh T.M.L., Nguyen B.H., Pham L.A.M. and Le H.T.P. (2022). Polymerase chain reaction-based detection of coinfecting DNA viruses in Vietnamese pigs in 2017 and 2021. *Vet. World*, 15(10): 2491-98.
15. Opriessnig T., Xiao C.T., Gerber P.F. and Halbur P.G. (2014). Identification of recently described porcine parvoviruses in archived North American samples from 1996 and association with porcine circovirus associated disease. *Vet. Microbiol.*, 173(1-2): 9-16.
16. Park G.N., Song S., Cha R.M. Choe S., Shin J., Kim S.Y., Hyun B.H., Park B.K. and An D.J. (2021). Genetic analysis of porcine parvoviruses detected in South Korean wild boars. *Arch. Virol.*, 166: 2249-54.
17. 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.
18. Qin S., Ruan W., Yue H., Tang C., Zhou K. and Zhang B. (2018). Viral communities associated with porcine respiratory disease complex in intensive commercial farms in Sichuan province, China. *Sci. Rep.*, 8: 13341.
19. Saekhow P. and Ikeda H. (2015). Prevalence and genomic characterization of porcine parvoviruses detected in Chiangmai area of Thailand in 2011. *Microbiol. Immunol.*, 59: 82-88.
20. Saekhow P., Kishizuka S., Sano N., Mitsui H., Akasaki H., Mawatari T. and Ikeda H. (2016). Coincidental detection of genomes of porcine parvoviruses and porcine circovirus type 2 infecting pigs in Japan. *J. Vet. Med. Sci.*, 77(12): 1581-86.
21. Sambrook J. and Russell D.W. (2001). *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. Third Edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
22. Simpson A.A., Hébert B., Sullivan G.S., Parrish C.R., Zadori Z., Tijssen P. and Rossmann M.G. (2002). The structure of porcine parvovirus: comparison with related viruses. *J. Mol. Biol.*, 315: 1189-98.
23. Sliz I., Vlasakova M., Jackova A. and Vilcek S. (2015). Characterization of Porcine Parvovirus Type 3 and Porcine Circovirus Type 2 in Wild Boars (*Sus Scrofa*) in Slovakia. *J. Wild Dis.*, 51: 703-11.
24. Streck, A.F., Homeier, T., Foerster, T., Fischer, S., Truyen, U. (2013). Analysis of porcine parvoviruses in tonsils and hearts from healthy pigs reveals high prevalence and genetic diversity in Germany. *Arch. Virol.*, 158: 1173-80.
25. Sun J., Huang L., Wei Y., Wang Y., Chen D., Du W., Wu

- H. and Liu H. (2015). Prevalence of emerging porcine parvoviruses and their co-infections with porcine circovirus type 2 in China. *J. Gen. Virol.*, **160**(5): 1339-44.
26. Thuy N.T.D., Trung N.T., Dung T.Q., Khoa D.V.A., Thuy D.T.N. and Opriessnig T. (2021). First investigation of the prevalence of parvoviruses in slaughterhouse pigs and genomic characterization of ungulate copiparvovirus 2 in Vietnam. *Arch. Virol.*, **166**: 779-88.
27. Tregaskis P., Staines A., Gordon A., Sheridan P., McMenamy M. and Duffy C. (2020). Co-infection status of novel parvovirus's (PPV2 to 4) with porcine circovirus 2 in porcine respiratory disease complex and porcine circovirus associated disease from 1997 to 2012. *Transbound. Emerg. Dis.*, **68**: 1979-94.
28. Walker P.J., Siddell S.G., Lefkowitz E.J., Mushegian A.R., Adriaenssens E.M., Dempsey D.M., Dutilh B.E., Harrach B., Harrison R.L., Hendrickson R.C., Junglen S., Knowles N.J., Kropinski A.M., Krupovic M., Kuhn J.H., Nibert M., Orton R.J., Rubino L., Sabanadzovic S., Simmonds P., Smith D.B., Varsani A., Zerbini F.M. and Davison A.J. (2020). Changes to virus taxonomy and the Statutes ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses. *Arch. Virol.*, **165**(11): 2737-48.

## NUÔI VỠ BÉO CỦA GẠCH TRONG BỂ VỚI CÁC YẾU TỐ MẬT ĐỘ VÀ KHỐI LƯỢNG KHÁC NHAU

Nguyễn Việt Bắc<sup>1</sup> và Lê Hoàng Vũ<sup>2\*</sup>

Ngày nhận bài báo: 06/6/2023 - Ngày nhận bài phản biện: 23/6/2023

Ngày bài báo được chấp nhận đăng: 07/7/2023

### TÓM TẮT

Cua biển (*Scylla paramamosain*) là một trong những đối tượng quan trọng trong nuôi trồng thủy sản. Trong thí nghiệm (TN) thứ nhất, các nghiệm thức (NT) là mật độ (MĐ) khác nhau gồm 20, 40 và 60 con/m<sup>2</sup> được ba lần lặp lại cho mỗi NT. Cua cái có gạch non được nuôi trong các bể 200l kết nối với hệ thống lọc sinh học và cho ăn bằng cá tạp (3% khối lượng cơ thể, 3 lần mỗi ngày). Sau 30 ngày nuôi, kết quả cho thấy tỷ lệ sống (TLS) dao động 66,7-95,8% và khác biệt có ý nghĩa thống kê ( $P < 0,05$ ) giữa các NT. Tốc độ sinh trưởng theo ngày (DWG) và sinh trưởng đặc biệt (SGR) giữa các NT lần lượt là 0,53-0,57 g/ngày và 0,17-0,19 %/ngày. Sự khác biệt về các chỉ số trên giữa các NT không có ý nghĩa thống kê ( $P > 0,05$ ). Nuôi cua với khối lượng (KL) khác nhau (200-300, 305-400 và 405-500g) được đánh giá trong TN thứ hai. Sau 34 ngày nuôi, TLS và tỷ lệ cua đạt gạch ở các NT lần lượt là 95,8; 95,8 và 89,6%. Tốc độ SGR dao động 0,15-0,18 %/ngày, nhưng không có khác biệt đáng kể giữa các NT ( $P > 0,05$ ). Tuy nhiên, DWG (0,49-0,71 g/ngày) giữa các NT khác biệt có ý nghĩa thống kê ( $P < 0,05$ ). Nhìn chung, nghiên cứu này cho thấy nuôi cua gạch ở MĐ 40 con/m<sup>2</sup> và KL thả 200-400g là tốt nhất. Những kết quả này góp phần cải tiến kỹ thuật và có thể ứng dụng vào thực tiễn nuôi cua gạch.

**Từ khóa:** Cua biển, *Scylla paramamosain*, hệ thống tuần hoàn, mật độ, khối lượng.

### ABSTRACT

#### The fattening mud crab in recirculating system with different density and body weight

Mud crab (*Scylla paramamosain*) is one of the important species for aquaculture. This study was conducted Ca Mau Community College to contribute to developing technology for mud crab fattening in recirculating tank system, in order to diversify aquaculture systems in the Mekong Delta. In this experiment, Mud crab was conducted with different treatments with densities of 20, 40 and 60 ind/m<sup>2</sup> with three replicates for each treatment. Early gravid female crabs were stocked in 200l tanks linked with biofilters. Mud crabs were fed with trash fish at 3% of body weight daily. After 30 days of rearing, results showed that survival rate ranges from 66.7-95.8% and among treatments were significantly different from one another ( $P < 0,05$ ). The daily weight gain (DWG) and specific growth rate (SGR) of crabs in treatments range 0.53-0.57 g/day and 0.17-

<sup>1</sup>Trường Cao đẳng Cộng đồng Cà Mau

<sup>2</sup>Trường Đại học Bạc Liêu

\* Tác giả liên hệ: TS. Lê Hoàng Vũ - Bộ môn Thủy sản, Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học Bạc Liêu. Võ Thị Sáu, Phường 8, TP Bạc Liêu. Điện thoại: 0907005004; Email: lhvu@blu.edu.vn.