

P-MN15: LẦN ĐẦU TIÊN PHÂN LẬP CHỦNG *AEROMONAS HYDROPHILA* ĐỘC LỰC CAO TRÊN CÁ TRA VIỆT NAM (*PANGASIANODON HYPOPTHALMUS*)

**Ngô Huỳnh Phương Thảo¹, Vũ Thị Thanh Hương¹, Lê Thị Thu Thảo¹,
Bùi Nguyễn Chí Hiếu¹, Nguyễn Đức Hoàng², Channarong Rodkhum³, Mark Liles⁴**

¹ Phòng Công nghệ sinh học Thủy sản, Trung tâm Công nghệ sinh học Thành phố Hồ Chí Minh

² Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, Đại học Quốc gia Thành phố Hồ Chí Minh

³ Đại học Chulalongkorn, Thái Lan

⁴ Đại học Auburn, Alabama, Hoa Kỳ

TÓM TẮT

Aeromonas hydrophila được xem là tác nhân gây dịch bệnh xuất huyết do *Aeromonas* di động (motile *Aeromonas* septicemia, MAS) trên cá, với các triệu chứng điển hình như vết đỏ, hoại tử mô, lở loét và xuất huyết. Phương pháp thông dụng hiện nay được dùng để phát hiện *A. hydrophila* trong các mẫu cá bệnh là phản ứng PCR với cặp mồi đặc hiệu cho gen *aroA*. Tuy nhiên, gen *aroA* hiện diện ở nhiều loài *Aeromonas* spp. khác có độc lực cao, như *A. dhakensis*, *A. veronii*, *A. jandaei*, *A. caviae*, *A. sobria*, *A. bestiarum*, *A. dhakensis* và *A. schubertii*. Do đó, việc khẳng định lại kết quả định danh *A. hydrophila* bằng cách giải trình tự gen *gyrB* là điều cần thiết. Trong nghiên cứu này, 76 chủng *A. hydrophila* dương tính bằng phản ứng PCR trên gen *aroA* được chọn để giải trình tự gen *gyrB*. Kết quả BLAST cho thấy chỉ có 29/76 chủng được khẳng định là *A. hydrophila*; cho thấy tỷ lệ chẩn đoán *A. hydrophila* sai của phương pháp PCR này là 61,8%. Tiếp theo, sự hiện diện của vùng C13R2 và khả năng sử dụng *myo*-inositol (các đặc tính đặc trưng của chủng *A. hydrophila* độc lực cao, vAh) được tìm thấy trên 29 chủng *A. hydrophila* này. Dữ liệu Multilocus Sequence Typing (MLST, căn cứ trên 7 gen housekeeping) của ba chủng vAh đại diện được phân tích bằng kỹ thuật giải trình tự thế hệ mới và khẳng định kiểu trình tự của chúng là ST251. Đây là kiểu trình tự của dòng *A. hydrophila* độc lực cao có khả năng gây dịch bệnh xuất huyết trên cá với tổn thất lớn, đã được công bố ở Trung Quốc (1989) và Mỹ (2009). Nghiên cứu này sẽ là công trình đầu tiên công bố về chủng vAh gây bệnh trên cá tra Việt Nam (*Pangasianodon hypophthalmus*). Độc lực của các chủng vAh này đang được so sánh với các chủng *A. hydrophila* độc lực thấp trên cá tra.

Từ khóa: *Aeromonas hydrophila*, *Aeromonas*, *aroA*, *gyrB*, cá tra.

IDENTIFICATION OF HYPERVIRULENT *AEROMONAS HYDROPHILA* FOR THE FIRST TIME IN VIETNAMESE CATFISH (*PANGASIANODON HYPOPTHALMUS*)

**Ngo Huynh Phuong Thao¹, Vu Thi Thanh Huong¹, Le Thi Thu Thao¹,
Bui Nguyen Chi Hieu¹, Nguyen Duc Hoang², Channarong Rodkhum³, Mark Liles⁴**

¹ Division of Aquacultural Biotechnology, Biotechnology Center of Ho Chi Minh city

² Vietnam National University Ho Chi Minh City - University of Science

³ Chulalongkorn university, Thailand

⁴ Auburn university, Alabama, United States

SUMMARY

Aeromonas hydrophila is determined as the etiological agent of motile *Aeromonas* septicemia (MAS) in fish with typical symptoms such as red sores, necrosis, ulceration and hemorrhagic septicemia. Common diagnostic technique for detecting *A. hydrophila* in diseased fish is PCR method targeting *aroA* gene. However, *aroA* gene is also present in other virulent *Aeromonas* spp., e.g. *A. dhakensis*, *A. veronii*, *A. jandaei*, *A. caviae*, *A. sobria*, *A. bestiarum*, *A. dhakensis*, and *A. schubertii*. Therefore, the confirmation of identifying *A. hydrophila* by sequencing *gyrB* gene is necessary. In the current study, 76 *A. hydrophila* isolates, which were positive in PCR targeting *aroA* gene, were selected for *gyrB* sequencing. BLAST showed that 29/76 isolates were confirmed as *A. hydrophila*; indicating that *A. hydrophila* misidentification rate of this PCR method was 61,8%. Next, the presence of C13R2 region and the capability of using *myo*-inositol (unique characteristics of hypervirulent *A. hydrophila*, vAh) were found in all these 29 isolates. Multilocus Sequence Typing (MLST, using 7 housekeeping genes) database of three representative vAh isolates were analysed by next-generation sequencing and found their sequence type as ST251. This is the sequence type of vAh strains causing MAS with huge loss that have been reported in China (1989) and United States (2009). This study is the first publication of vAh infecting Vietnamese catfish (*Pangasianodon hypophthalmus*). The hypervirulence of these vAh isolates is being compared to that of other regular *A. hydrophila* in Tra catfish.

Keywords: *Aeromonas hydrophila*, *Aeromonas*, *aroA*, *gyrB*, catfish.

^{*} Author for correspondence: Tel. 0909242053; Email: nhpthao.snn@tphcm.gov.vn