Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam, Tập 24, Số đặc biệt 1, 2026: 72-78 https://doi.org/10.31817/tckhnnvn.2026.24.SP01.08
vie.vjas.vn

BƯỚC ĐẦU XÁC ĐỊNH SỰ HIỆN DIỆN CỦA *Gyrovirus homsa2* TRÊN ĐÀN GÀ NUÔI TẠI MỘT SỐ XÃ TRÊN ĐỊA BÀN TỈNH BẮC NINH NĂM 2025

Trần Thị Hương Giang, Lê Văn Trường,
Vũ Thị Ngọc, Đoàn Ngọc Lan, Huỳnh Thị Mỹ Lệ, Đồng Văn Hiếu*

Khoa Thú y, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

**Tác giả liên hệ: dvhieuvet@vnua.edu.vn*

Ngày nhận bài: 03.04.2026 Ngày chấp nhận đăng: 28.08.2026

TÓM TẮT

Nghiên cứu này được thực hiện nhằm xác định sự xuất hiện của *Gyrovirus homsa2* ở gà nuôi tại tỉnh Bắc Ninh. Tổng số 60 mẫu gộp gồm phủ tạng của gà được thu thập từ gà có các biểu hiện như ủ rũ, còi cọc và tiêu chảy tại một số trang trại thuộc 4 xã Tiên Lục, Nhã Nam, Yên Thế và Yên Định thuộc tỉnh Bắc Ninh từ tháng 5/2025 đến tháng 11/2025. Kết quả chẩn đoán bằng phương pháp PCR cho thấy, tỷ lệ dương tính với virus *Gyrovirus homsa2* ở gà tại các xã Tiên Lục, Nhã Nam, Yên Thế và Yên Định lần lượt là 11,11%; 6,67%; 9,09% và 18,75%. Kết quả giải trình tự một phần gen mã hoá protein VP1 cho thấy chủng virus thực địa ở gà thuộc nhóm *Gyrovirus homsa2* và tương đồng trình tự nucleotide với chủng *Gyrovirus* đã được báo cáo ở Trung Quốc năm 2024. Kết quả của nghiên cứu này đã ghi nhận sự hiện diện của *Gyrovirus homsa2* trên gà tại một số xã trên địa bàn tỉnh Bắc Ninh, làm cơ sở cho những nghiên cứu chuyên sâu về *Gyrovirus* sau này.

Từ khóa: giải trình tự gen VP1, tỷ lệ dương tính, Gà nuôi, Gyrovirus homsa2, PCR.

Preliminary Detection of *Gyrovirus homsa2* in Chickens Farmed in Several Districts in Bac Ninh Province, 2025

ABSTRACT

This study was conducted to investigate the presence of *Gyrovirus* in chickens raised in several communes in Bac Ninh province. A total of 60 pooled samples were obtained from chickens exhibiting symptoms of lethargy, poor growth, and diarrhea at farms located in Tien Luc, Nha Nam, Yen The, and Yen Dinh communes of Bac Ninh province from May to November 2025. Polymerase chain reaction (PCR) analysis revealed that the detection rates of chicken *Gyrovirus homsa2* virus was 11.11%, 6.67%, 9.09%, and 18.75% in districts Tien Luc, Nha Nam, Yen The, and Yen Dinh, respectively. The partial sequencing of the VP1 gene regions indicated that the circulating strains in chickens belonged to the *Gyrovirus homsa2* and were genetically close to the Chinese *Gyrovirus homsa2* reported in 2024. These findings provide additional evidence of the presence of *Gyrovirus homsa2* at several districts of Bac Ninh province in chickens and contribute a foundation for further studies on *Gyrovirus*.

Keywords: Bac Ninh, Chickens, *Gyrovirus homsa2*, PCR.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Gyrovirus là một thành viên thuộc họ *Anelloviridae* (Kraberger & cs., 2021). Gyrovirus có cấu trúc hình khối đa diện nhỏ, không có vỏ bọc và chứa bộ gen DNA dạng vòng có kích thước khoảng 2,3kb (Hino & Prasetyo, 2009). Chi *Gyrovirus* ban đầu được phân loại vào họ *Circoviridae*, bao gồm cả Gyrovirus gây bệnh thiếu máu truyền nhiễm ở gà (Chicken anemia virus - CAV), đây là một loại virus được biết đến như một tác nhân gây suy giảm miễn dịch và thiếu máu nghiêm trọng ở gà (Schat, 2009). Tuy nhiên, do các đặc điểm cấu trúc và bộ gen, Uỷ ban Quốc tế về phân loại virus (ICTV) đã xếp lại Gyrovirus vào họ *Anelloviridae* (Rosario & cs., 2017). Hiện nay, chi Gyrovirus bao gồm 14 loài: CAV, *Gyrovirus galga1*

(Gyrovirus ở gia cầm 2), *Gyrovirus homsa1* (Gyrovirus 3), *Gyrovirus homsa3* (Gyrovirus 4), *Gyrovirus homsa4*, *Gyrovirus homsa2*, *Gyrovirus galga2* (Gyrovirus GyV7-SF), *Gyrovirus fulgla1* (Gyrovirus GyV8), *Gyrovirus hydho1* (Gyrovirus ở chim hải âu Ashy storm) và *Gyrovirus myferr1* (Gyrovirus 11), *Gyrovirus anas1* (Gyrovirus 9), *Gyrovirus anas2* (Gyrovirus 13), *Gyrovirus chauna1* (Gyrovirus 10), *Gyrovirus phacco1* (Gyrovirus ở chim trĩ) (ICTV, 2026; Kraberger & cs., 2021).

Gyrovirus homsa2 (GyVh2) ban đầu được phát hiện trong phân của trẻ em ở Tunisia có biểu hiện tiêu chảy không rõ nguyên nhân vào năm 2013 (Phan & cs., 2013). Sau đó, GyVh2 cũng được phát hiện trong phân mèo ở Trung Quốc vào năm 2019 (Niu & cs., 2019). GyVh2 cũng được phát hiện ở gà thương phẩm có xuất xứ từ Brazil vào năm 2021 (Cibulski & cs., 2021). GyVh2 đã được phát hiện ở nhiều loài khác nhau, chẳng hạn như mèo, người, gà và phân bố ở một số quốc gia châu Á và Nam Mỹ (Cibulski & cs., 2021; Phan & cs., 2013; Zhang & cs., 2025). Toàn bộ hệ gen của GyVh2 bao gồm 3 khung đọc mở (ORF) mã hoá protein cấu trúc VP1 (protein cấu trúc chính), VP2 (protein cấu trúc phụ trợ) và protein phi cấu trúc VP3 (Niu & cs., 2019).

Mặc dù vai trò gây bệnh của GyVh2 vẫn chưa được làm sáng tỏ, các nghiên cứu trên những gyrovirus có quan hệ tiến hoá gần, đặc biệt là Gyrovirus homsa 1 (GyH1), cho thấy nhóm virus này có tiềm năng gây bệnh đáng kể trên gia cầm. GyH1 đã được chứng minh có thể liên quan đến bệnh viêm dạ dày tuyến do virus truyền nhiễm (transmissible viral proventriculitis - TVP) và có thể gây thiếu máu truyền nhiễm, suy giảm miễn dịch và viêm lympho hệ thống mạn tính ở gà (Li & cs., 2018; Li & cs., 2021), thậm chí còn có khả năng lây truyền bệnh giữa các loài thông qua chuột (Yuan & cs., 2021). Những phát hiện này cho thấy cần tiếp tục nghiên cứu về Gyrovirus nói chung, GyVh2 nói riêng, đặc biệt khi virus này đã được phát hiện trên nhiều vật chủ và tại nhiều khu vực địa lý khác nhau (Yan & cs., 2023).

Ở Việt Nam, ngoài CAV (Huynh & cs., 2020; Van Dong & cs., 2019), *Gyrovirus galga1* đã được báo cáo ở gà và thú cảnh nuôi tại một số tỉnh miền Bắc Việt Nam (Tran & cs., 2024; Tran & cs., 2026). Tuy nhiên, đến nay chưa có báo cáo khoa học nào về sự hiện diện của GyVh2 trên đàn gà nuôi cũng như các thông tin liên quan đến GyVh2. Trong bối cảnh GyVh2 đã được ghi nhận ở một số quốc gia và có vật chủ rộng, nghiên cứu này tập trung xác định sự có mặt của GyVh2 ở đàn gà nuôi trên một số địa bàn tại tỉnh Bắc Ninh. Kết quả nghiên cứu sẽ cung cấp thông tin khoa học ban đầu về GyVh2 trên đàn gà tại Việt Nam, làm tiền đề cho những nghiên cứu tiếp theo về đặc điểm dịch tễ học của virus.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng và vật liệu

Đối tượng của nghiên cứu: gà nuôi tại một số nông hộ thuộc 04 xã Tiên Lục, Nhã Nam, Yên Thế và Yên Định thuộc tỉnh Bắc Ninh.

Vật liệu sử dụng trong nghiên cứu này gồm: (i) bộ kit tách chiết ADN *Viral Gene-spin™ Viral DNA/RNA Extraction* (iNtRON, Hàn Quốc), (ii) bộ kit PCR *GoTaq Green Master Mix* (Promega, Mỹ), (iii) bộ kit tinh sạch sản phẩm PCR *QIAquick PCR Purification* (QIAgen, Mỹ).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Thu thập và xử lý mẫu

Tổng số 60 mẫu gà đã được thu thập từ các hộ nuôi thuộc các xã Tiên Lục, Nhã Nam, Yên Thế và Yên Định trên địa bàn tỉnh Bắc Ninh trong khoảng thời gian từ tháng 5/2025 đến tháng 11/2025. Bệnh phẩm là mẫu gộp phủ tạng (gan, lách, thận) được thu thập từ những gà có biểu hiện ủ rũ, còi cọc, tiêu chảy theo Quy chuẩn kỹ thuật Quốc gia QCVN 01-83:2011. Các mẫu sau khi thu thập được đồng nhất trong dung dịch đệm phosphate-buffered saline (PBS) 1X với tỷ lệ 10% sử dụng cối chày sứ vô trùng. Hỗn dịch sau đồng nhất được bảo quản ở -80°C tới khi sử dụng.

2.2.2. Phương pháp chiết tách ADN

ADN từ các mẫu đã được đồng nhất được chiết tách bằng bộ thương mại *Viral*

Gene-spin™ Viral DNA/RNA Extraction (iNtRON, Hàn Quốc), theo đúng hướng dẫn của nhà sản xuất. Sau quá trình tách chiết, ADN được hòa tan trong 30µl dung dịch đệm và được bảo quản ở -30°C cho tới khi sử dụng.

2.2.3. Phản ứng polymerase chain reaction (PCR)

Phản ứng PCR sử dụng cặp mồi GyV6-F1 và GyV6-R1 đã được công bố trước đây (Bảng 1) để khuếch đại một phần đoạn gen VP1 của GyVh2 có kích thước 473bp (Niu & cs., 2019).

Cụ thể, tổng số 25µl hỗn hợp phản ứng gồm có 12,5µl GoTaq Green Master Mix (Promega, Mỹ), 1µl mỗi loại mồi xuôi và mồi ngược (10µM) (Bảng 1), 8,5µl nước tinh khiết, và 2µl ADN khuôn mẫu. Phản ứng PCR được thực hiện ở điều kiện 95°C trong 5 phút, 35 chu kỳ gồm 95°C trong 30 giây, 60°C trong 30 giây, 72°C trong 30 giây và hoàn tất phản ứng ở 72°C trong 2 phút. Sản phẩm PCR được điện di trên thạch agarose 1,5% có bổ sung thuốc nhuộm RedSafe™ Nucleic Acid STaining Solution (iNtRON, Hàn Quốc).

2.2.4. Phương pháp giải trình tự, phân tích gen và xây dựng cây phả hệ

Sản phẩm PCR khuếch đại có kích thước 473bp được tinh sạch bằng bộ kit thương mại QIAquick PCR Purification (QIAgen, Mỹ). Sau đó, các sản phẩm này được gửi tới công ty 1st BASE (Malaysia) để tiến hành giải trình tự gen bằng phương pháp Sanger. Trình tự nucleotide thu được được căn chỉnh bằng phần mềm BioEdit tích hợp công cụ CLUSTAL W (Hall, 1999; Thompson & cs., 1994).

Tỷ lệ tương đồng nucleotide được phân tích bằng cách so sánh với các chủng Gyrovirus tham chiếu được công bố trên cơ sở dữ liệu ngân hàng GenBank, sử dụng phần mềm GENETYX v.10 (GENETYX Corp., Tokyo, Nhật Bản) và công cụ BLAST (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi). Cây phả hệ được xây dựng dựa trên các trình tự GyVh2 thu được trong nghiên cứu này cùng với các trình tự Gyrovirus tham chiếu từ GenBank sử dụng phần mềm MEGA 6 (Tamura & cs., 2013).

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

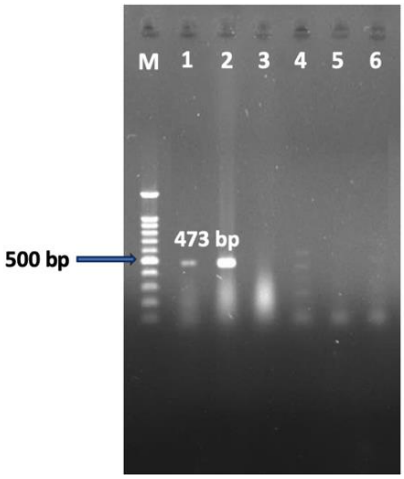
3.1. Kết quả phát hiện virus GyVh2 bằng phản ứng PCR

Kết quả phản ứng PCR thực hiện trên các mẫu bệnh phẩm thu thập tại thực địa cho thấy, sản phẩm PCR khuếch đại xuất hiện dưới dạng một băng duy nhất có kích thước bằng 473bp, không ghi nhận sự xuất hiện của các băng không đặc hiệu, trong khi đó giếng đối chứng âm chỉ bổ sung nước tinh khiết không xuất hiện vạch (Hình 1). Như vậy, có thể sử dụng cặp mồi GyV6-F1/R1 đã được công bố trước đây (Niu & cs., 2019) để phát hiện vật liệu di truyền của chủng virus GyVh2 trong mẫu bệnh phẩm tại nghiên cứu này. Tuy nhiên, trong nghiên cứu này không có mẫu đối chứng dương, do vậy, những mẫu khi chạy phản ứng PCR cho sản phẩm đặc hiệu có kích thước tương đương 473bp đã được gửi giải trình tự để khẳng định chính xác sự có mặt của GyVh2 ở những mẫu kiểm tra (Hình 2). Giản đồ giải trình tự gen được trình bày ở hình 2 cho thấy các tín hiệu nucleotide sắc nét, các đỉnh sóng rõ ràng, tương ứng với từng nucleotide riêng biệt, phản ánh chất lượng dữ liệu trình tự tốt. Do vậy, trình tự thu được là đáng tin cậy để phục vụ cho các phân tích sinh học phân tử tiếp theo.

Kết quả chẩn đoán cho thấy trong tổng số 60 mẫu thu thập từ gà nghi có những dấu hiệu lâm sàng ủ rũ, còi cọc, lười vận động và một số có biểu hiện tiêu chảy, có 7 mẫu (11,67%) đã được xác định dương tính với virus GyVh2 bằng phản ứng PCR. Cụ thể, tỷ lệ dương tính với GyVh2 theo cá thể ở các xã Tiên Lục, Nhã Nam, Yên Thế và Yên Định lần lượt là 11,11%; 6,67%; 9,09% và 18,75% (Bảng 2).

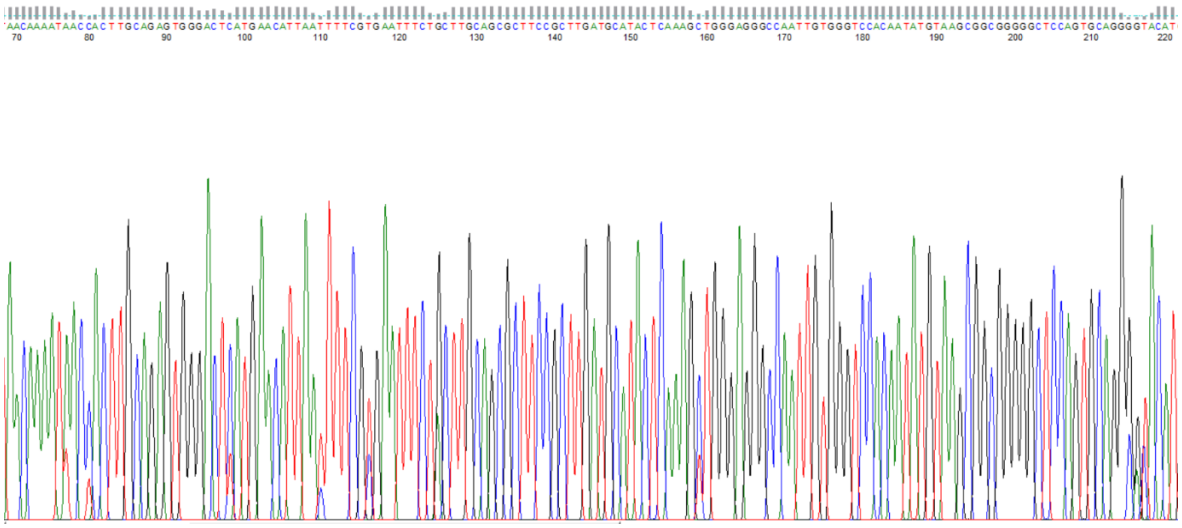
Bảng 1. Thông tin cặp mồi sử dụng trong nghiên cứu để phát hiện GyVh2

Tên mồi	Trình tự nucleotide (5'-3')	Sản phẩm PCR (bp)	Tài liệu tham khảo
GyV6-F1	CTTCCGCGACCACAAACCAC	473	Niu & cs. (2019)
GyV6-R1	GCGGCCATTATAGCGACCTTAG		



Ghi chú: M là thang ADN chuẩn 100bp (CSL-MDNA Cleaver Scientific, Anh); Giếng 1-5: mẫu thực địa; giếng 6: đối chứng âm; vạch sản phẩm PCR đặc hiệu có kích thước 473bp.

Hình 1. Kết quả chẩn đoán GyVh2 ở gà bằng phản ứng PCR



Hình 2. Giản đồ minh hoạ kết quả giải trình tự một phần gen của GyVh2 ở gà

Bảng 2. Kết quả xác định vật liệu di truyền của GyVh2 ở gà theo địa điểm lấy mẫu, cá thể tại tỉnh Bắc Ninh

Xã	Theo cá thể		
	Số mẫu kiểm tra	Số mẫu dương tính	Tỷ lệ (%)
Tiên Lục	18	2	11,11
Nhã Nam	15	1	6,67
Yên Thế	11	1	9,09
Yên Định	16	3	18,75
Tổng	60	7	11,67

Những năm gần đây, GyVh2 đã được phát hiện ở một số vật chủ với phạm vi vật chủ tương đối rộng (người, mèo và loài chim) cho thấy tiềm năng có thể lây truyền chéo giữa các loài. Một

nghiên cứu ở Trung Quốc đã xác định 12/36 trang trại nuôi gà trên 4 tỉnh kiểm tra dương tính với vật liệu di truyền của chủng virus GyVh2 (Zhang & cs., 2025). Nghiên cứu khác cũng đã báo cáo rằng lần đầu phát hiện vật liệu di truyền của GyVh2 trong thịt gà kiểm tra ở Brazil vào năm 2021. GyVh2 đã được báo cáo là lây nhiễm cho gà, nhưng chưa có báo cáo chi tiết nào về các biểu hiện lâm sàng (Cibulski & cs., 2021). Kết quả trong nghiên cứu này cho thấy phát hiện vật liệu di truyền của chủng virus GyVh2 (11,67%) ở gà tại 4 xã khảo sát trên địa bàn tỉnh Bắc Ninh, đặc biệt ghi nhận sự có mặt của GyVh2 tại những đàn gà có biểu hiện còi cọc, tiêu chảy. Tuy nhiên, dung lượng mẫu trong nghiên cứu còn hạn chế đồng thời mẫu được lấy chỉ định ở những gà có biểu hiện còi cọc, tiêu chảy; do đó, cần có thêm những nghiên cứu trong tương lai với dung lượng mẫu lớn hơn và mở rộng phạm vi thu thập mẫu để có thể làm rõ hơn về khả năng gây bệnh của GyVh2 cũng như những đặc điểm dịch tễ học của virus này.

3.2. Kết quả phân tích một phần gen mã hoá protein VP1 của các chủng GyVh2 và cây phả hệ

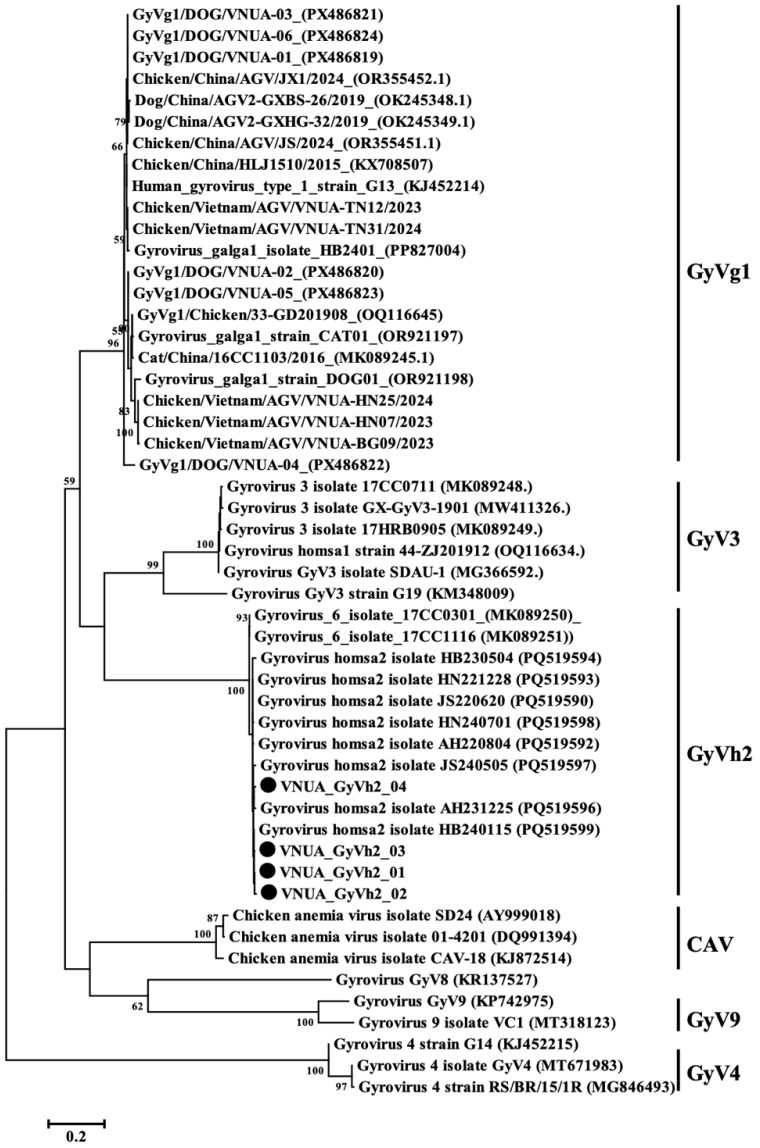
Nghiên cứu này đã giải trình tự 4 mẫu gà dương tính với vật liệu di truyền của GyVh2. Cụ thể, 4 chủng virus trong các mẫu dương tính giải trình tự gen thu thập ở 4 xã Tiên Lục, Nhã Nam, Yên Thế và Yên Định được đặt tên lần lượt là VNUA_GyVh2_01 (PZ816623), VNUA_GyVh2_02 (PZ816624), VNUA_GyVh2_03 (PZ816625) và VNUA_GyVh2_04 (PZ816626). Kết quả tìm kiếm trình tự tương đồng từ cơ sở dữ liệu của GenBank (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi) cho biết trình tự đầu vào (381 nucleotide) giống với các chủng *Gyrovirus homsa2* ở gà đã được công bố ở Trung Quốc năm 2024 (tính tương đồng nucleotide dao động 99,21%-99,74%) dựa vào trình tự gen mã hoá protein VP1 của GyVh2 (Bảng 3). Kết quả này bước đầu xác định 04 chủng *Gyrovirus* trong nghiên cứu này thuộc phân loại GyVh2.

Kết quả so sánh mức độ tương đồng trình tự nucleotide của 4 chủng *Gyrovirus homsa2* trong nghiên cứu này cho thấy, tỷ lệ tương đồng nucleotide giữa 4 chủng dao động từ 98,68-99,47% dựa vào một phần trình tự gen mã hoá protein VP1.

Cây phả hệ được xây dựng dựa trên một phần gen mã hóa protein VP1 của 4 chủng GyVh2 trong nghiên cứu này và một số chủng virus thuộc họ Gyrovirus tham chiếu trên ngân hàng GenBank. Kết quả được thể hiện ở hình 3. Kết quả phân tích cây phả hệ chia thành 7 nhóm Gyrovirus, gồm: *Gyrovirus galga1* (GyVg1), *Gyrovirus homsa1* (GyV3), *Gyrovirus homsa2* (GyVh2), nhóm Gyrovirus gây bệnh thiếu máu truyền nhiễm ở gà (Chicken anemia virus, CAV), *Gyrovirus 4* (GyV4), *Gyrovirus 8*, *Gyrovirus 9* (GyV9). Cụ thể, 4 chủng virus xác định trong nghiên cứu này đều thuộc nhóm *Gyrovirus homsa2* (GyVh2) ở gia cầm và tạo thành một cụm phát sinh chủng loại thống nhất, cho thấy mức độ di truyền cao. Bốn chủng GyVh2 (VNUA_GyVh2_01 - VNUA_GyVh2_04) có mối quan hệ di truyền gần với một số chủng *Gyrovirus homsa2* báo cáo ở Trung Quốc năm 2024 (PQ519596 - PQ519599). Bên cạnh đó, 05 chủng *Gyrovirus galga1* (Chicken/Vietnam/AGV/VNUA-TN12/2023 (PQ154631), Chicken/Vietnam/AGV/VNUA-HN07/2023 (PQ154632), Chicken/Vietnam/AGV/VNUA-TN31/2024 (PQ154633), Chicken/Vietnam/AGV/VNUA-BG09/2023 (PQ154634) và Chicken/Vietnam/AGV/VNUA-HN25/2024 (PQ154635)) đã được báo cáo ở gà và 06 chủng Gyrovirus galga 1 (GyVg1/DOG/VNUA-01 - GyVg1/DOG/VNUA-06 tương ứng với mã số genbank PX486819 - PX486824) ở chó nuôi tại một số tỉnh miền Bắc Việt Nam thuộc nhóm GyVg1, có sự khác biệt di truyền với 04 chủng GyVh2 ghi nhận trong nghiên cứu này (Hình 3) (Tran & cs., 2024; Tran & cs., 2026). Kết quả phân tích nguồn gốc tiến hoá dựa vào cây phả hệ một phần gen mã hoá protein VP1 của GyVh2 kết hợp với kết quả so sánh mức độ tương đồng nucleotide của 04 chủng virus trong nghiên cứu này đã khẳng định sự lưu hành của chủng GyVh2 trên đàn gà nuôi tại một số địa bàn ở tỉnh Bắc Ninh.

Bảng 3. Kết quả so sánh mức độ tương đồng nucleotide (381bp) **giữa các chủng GyVh2 lưu hành trong nghiên cứu này với chủng tham chiếu trên thế giới**

Chủng virus	Phân loại	Chủng virus với mức độ tương đồng nucleotide cao nhất			
		Tên chủng	Quốc gia	Mã số GenBank	Tỷ lệ (%)
VNUA_GyVh2_01	GyVh2	HB240115	Trung Quốc	PQ519599	99,74
VNUA_GyVh2_02	GyVh2	HB240115		PQ519599	99,21
VNUA_GyVh2_03	GyVh2	HB240115		PQ519599	99,74
VNUA_GyVh2_04	GyVh2	JS240505		PQ519597	99,47



Hình 3. Cây phả hệ (phylogenetic tree) **của Gyrovirus dựa vào trình tự một phần gen mã hoá protein VP1. 04 chủng GyVh2 trong nghiên cứu này được đánh dấu bằng hình tròn đen trên cây phả hệ**

4. KẾT LUẬN

Nghiên cứu này lần đầu khẳng định sự có mặt của *Gyrovirus homsa2* trong mẫu gộp thu thập ở những gà nuôi tại một số hộ nuôi trên địa bàn tại tỉnh Bắc Ninh từ tháng 5/2025 đến

tháng 11/2025 với tỷ lệ dương tính là 11,67%. Bước đầu xác định 4 chủng *Gyrovirus homsa2* lưu hành trên đàn gà nuôi tại tỉnh Bắc Ninh có quan hệ di truyền gần với chủng Gyrovirus có nguồn gốc từ Trung Quốc báo cáo năm 2024. Kết quả về sự có mặt của *Gyrovirus homsa2* trên đàn gà bệnh đặt ra yêu cầu về việc thực hiện những nghiên cứu chuyên sâu tập trung phân tích sự lưu hành, đặc điểm di truyền và dịch tễ học của virus này trên đàn gia cầm nuôi tại Việt Nam.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Cibulski S., Alves de Lima D., Fernandes Dos Santos H., Teixeira T.F., Tochetto C., Mayer F.Q. & Roehe P.M. (2021). A plate of viruses: Viral metagenomics of supermarket chicken, pork and beef from Brazil. Virology. 552: 1-9.

Hall T.A. (1999). BioEdit: A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Nucleic Acids Symposium Series. 41: 95-98.

Hino S. & Prasetyo A.A. (2009). Relationship of Torque teno virus to chicken anemia virus. Curr Top Microbiol Immunol. 331: 117-130.

Huynh L.T.M., Nguyen G.V., Do L.D., Dao T.D., Le T.V., Vu N.T. & Cao P.T.B. (2020). Chicken infectious anaemia virus infections in chickens in northern Vietnam: epidemiological features and genetic characterization of the causative agent. Avian Pathol. 49(1): 5-14.

ICTV (2026) ICTV Virus Taxonomy Profile: Anelloviridae 2026. Retrieved from https://ictv.global/report/chapter/anelloviridae/anelloviridae/gyrovirus. on Jul 20, 2026.

Kraberger S., Opriessnig T., Celer V., Maggi F., Okamoto H., Blomström A.L., Cadar D., Harrach B., Biagini P. & Varsani A. (2021). Taxonomic updates for the genus Gyrovirus (family Anelloviridae): recognition of several new members and establishment of species demarcation criteria. Arch Virol. 166(10): 2937-2942.

Li G., Yuan S., He M., Zhao M., Hao X., Song M., Zhang L., Qiao C., Huang L., Zhang L., Li C., Wang G. & Cheng Z. (2018). Emergence of gyrovirus 3 in commercial broiler chickens with transmissible viral proventriculitis. Transbound Emerg Dis. 65(5): 1170-1174.

Li G., Zhou D., Zhao M., Liu Q., Hao X., Yan T., Yuan S., Zhang S. & Cheng Z. (2021). Kinetic analysis of pathogenicity and tissue tropism of gyrovirus 3 in experimentally infected chickens. Vet Res. 52(1): 120.

Niu J.T., Yi S.S., Dong G.Y., Guo Y.B., Zhao Y.L., Huang H.L., Wang K., Hu G.X. & Dong H. (2019). Genomic characterization of diverse Gyroviruses identified in the feces of domestic cats. Sci Rep. 9(1): 13303.

Phan T., Vo N., Sdiri-Loulizi K., Aouni M., Pothier P., Ambert-Balay K., Deng X. & Delwart E. (2013). Divergent gyroviruses in the feces of Tunisian children. Virology. 446(1-2): 346-348.

Rosario K., Breitbart M., Harrach B., Segalés J., Delwart E., Biagini P. & Varsani A. (2017). Revisiting the taxonomy of the family Circoviridae: establishment of the genus Cyclovirus and removal of the genus Gyrovirus. Arch Virol. 162(5): 1447-1463.

Schat K.A. (2009). Chicken anemia virus. Curr Top Microbiol Immunol. 331: 151-183.

Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A. & Kumar S. (2013). MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. Mol Biol Evol. 30(12): 2725-2729.

Thompson J.D., Higgins D.G. & Gibson T.J. (1994). CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic Acids Res. 22(22): 4673-4680.

Tran G.T.H., Huynh L.T.M., Dong H.V., Rattanasrisomporn A., Kayan A., Bui D.A.T. & Rattanasrisomporn J. (2024). Detection and molecular characterization of Gyrovirus galga 1 in chickens in Northern Vietnam ceveals evidence of recombination. Animals (Basel). 15(1): 67.

Tran T.H.G., Rattanasrisomporn A., Anh Tran Bui D., Van Dong H. & Rattanasrisomporn J. (2026). Molecular characterization of Gyrovirus galga 1 in domestic dogs in the North of Vietnam Indicates the presence of recombination events. Int J Mol Sci. 27(3): 1384.

Van Dong H., Tran G.T.H., Van Nguyen G., Dao T.D., Bui V.N., Huynh L.T.M., Takeda Y., Ogawa H. & Imai K. (2019). Chicken anemia virus in northern Vietnam: molecular characterization reveals multiple genotypes and evidence of recombination. Virus Genes. 55(5): 643-653.

Yan T., Zhao M., Sun Y., Zhang S., Zhang X., Liu Q., Li Y. & Cheng Z. (2023). Molecular evolution analysis of three species gyroviruses in China from 2018 to 2019. Virus Res. 326: 199058.

Yuan S., Yan T., Huang L., Hao X., Zhao M., Zhang S., Zhou D. & Cheng Z. (2021). Cross-species pathogenicity of gyrovirus 3 in experimentally infected chickens and mice. Vet Microbiol. 261: 109191.

Zhang Z., Li W., Xu X., Li D., Ji J., Yao L., Bi Y. & Xie Q. (2025). Molecular characterization and recombination analysis of Gyrovirus homsa2 in chickens. Avian Pathol. 54(5): 624-632.