Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam, Tập 24, Số đặc biệt 1, 2026: 20-31 https://doi.org/10.31817/tckhnnvn.2026.24.SP01.03
vie.vjas.vn

ĐỊNH DANH VÀ ĐÁNH GIÁ ĐẶC ĐIỂM DI TRUYỀN CỦA *Taenia taeniaeformis* KÝ SINH Ở MÈO

Nguyễn Thị Hoàng Yến*, Nguyễn Văn Phương, Nguyễn Thị Hồng Chiên, Dương Đức Hiếu, Trần Hải Thanh

Khoa Thú y, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

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

Ngày nhận bài: 04.04.2026 Ngày chấp nhận đăng: 30.07.2026

TÓM TẮT

Taenia taeniaeformis là loài sán dây phổ biến ký sinh ở mèo, có đặc điểm hình thái đặc trưng của giống là biến thiên về số lượng móc đỉnh. Nghiên cứu được thực hiện nhằm định danh và đánh giá đa dạng di truyền nội loài của *T. taeniaeformis ở* mèo nhà dựa trên hai chỉ thị ty thể *cox1* và *nad1*. Chín mẫu sán dây trưởng thành có số lượng móc đỉnh từ 32-48 được phân tích bằng kỹ thuật PCR và giải trình tự. Kết quả cho thấy các trình tự thu được có độ tương đồng nucleotide rất cao với các trình tự tham chiếu trên GenBank, đạt 99,53% đối với *cox1* và 99,78% đối với *nad1*, xác nhận các mẫu thuộc loài *T. taeniaeformis.* Phân tích di truyền cho thấy gen *nad1* có mức biến dị cao hơn *cox1*, thể hiện qua giá trị đa dạng nucleotide cao hơn (π = 0,066 so với 0,017), cho thấy tiềm năng cung cấp độ phân giải tốt hơn trong phân tích cấu trúc quần thể và quan hệ phát sinh loài. Kết quả cũng cho thấy sự đa dạng di truyền của *T. taeniaeformis* không hoàn toàn phụ thuộc vào sự khác biệt về số lượng móc đỉnh. Nghiên cứu bổ sung dữ liệu phân tử quan trọng về *T. taeniaeformis ở* mèo tại Việt Nam.

Từ khóa: *cox1*, mèo, haplotype, *nad1*, *Taenia taeniaeformis*.

Molecular Identification and Genetic Characterization of *Taenia Taeniaeformis* Parasitizing Cats

ABSTRACT

Taenia taeniaeformis is a prevalent tapeworm species that parasitizes felines, distinguished by variability in the number of rostellar hooks, a notable morphological characteristic of the genus. This investigation aimed to identify and assess the intraspecific genetic diversity of *T. taeniaeformis* in domestic cats utilizing two mitochondrial markers, *cox1* and *nad1*. Nine adult tapeworm specimens, possessing 32-48 rostellar hooks, were subjected to PCR amplification and DNA sequencing. The sequences obtained demonstrated a high degree of nucleotide similarity to reference sequences in GenBank, achieving 99.53% for *cox1* and 99.78% for *nad1*, thereby confirming the specimens' classification as *T. taeniaeformis*. Genetic analyses indicated that the *nad1* gene exhibited greater genetic variability than *cox1*, as evidenced by a higher nucleotide diversity value (π = 0.066 versus 0.017), suggesting its enhanced potential for resolving population structure and phylogenetic analyses. The findings also suggested that the genetic diversity of *T. taeniaeformis* was not solely reliant on variations in the number of rostellar hooks. This study contributes significant molecular data on *T. taeniaeformis* in cats in Vietnam.

Keywords: *cox1*, domestic cat, haplotype, *nad1*, *Taenia taeniaeformis*.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Taenia taeniaeformis lần đầu tiên được phát hiện và mô tả vào năm 1786 với tên gọi là *Hydatigera taeniaeformis* (Batsch, 1786). *T. taeniaeformis* phân bố rộng rãi toàn cầu và là loài sán dây duy nhất thuộc giống *Taenia* ký sinh ở mèo.

T. taeniaeformis có đặc điểm điển hình của giống *Taenia*: cơ thể màu trắng, dài 15-60cm (có thể tới 100cm), đầu có 4 giác bám và hai hàng móc đỉnh với 26-48 móc (Fuehrer & cs., 2012;

Matoba & cs., 2003, Al-Jashamy & Islam, 2007; Nguyen & cs., 2025). Cổ rộng, khó quan sát nên còn được gọi là "broad-necked tapeworm" (Al-Jashamy & Islam, 2007). Thân gồm các đốt chưa thành thục, thành thục và đốt chửa, tương tự các loài khác trong giống *Taenia* (Nguyen & cs., 2025).

Vòng đời của *Taenia taeniaeformis* cần hai vật chủ: vật chủ chính là các loài động vật ăn thịt thuộc họ Mèo (linh miêu) và gấu mèo, nơi sán trưởng thành ký sinh ở ruột non (Loos-Frank & Zeyhle, 1982; Pfeiffer & cs., 1997; Matoba & cs., 2003; Lignon & cs., 2024); vật chủ trung gian là các loài gặm nhấm (Ibrahim, 2020; Alvi & cs., 2021; Gupta & cs., 2021; Schuster & cs., 2021; Younis & cs., 2021; Gomez-Puerta & cs., 2023; Yamamoto & cs., 2024). Trong vật chủ trung gian, ấu trùng oncosphere phát triển thành *Strobilocercus fasciolaris* ký sinh chủ yếu ở gan. Chu kỳ phát triển hoàn thành trong khoảng 4-11 tuần.

Các nghiên cứu về *T. taeniaeformis* chủ yếu tập trung ở các vật chủ trung gian (Malsawmtluangi & cs., 2011; Fuehrer & cs., 2012; Ibrahim 2020; Alvi & cs., 2021; Gupta & cs., 2021; Schuster & cs., 2021; Younis & cs., 2021; Gomez-Puerta & cs., 2021; Yamamoto & cs., 2024). Một số ít nghiên cứu phát hiện *T. taeniaeformis* ở một số vật chủ chính thuộc họ mèo như linh miêu, gấu mèo (Loos-Frank & Zeyhle 1982; Pfeiffer & cs., 1997; Matoba & cs., 2003; Lignon & cs., 2024). Hầu như chưa có nghiên cứu nào về *T. taeniaeformis* ở mèo nhà, ngoại trừ nghiên cứu của Nguyen & cs. (2025). Bên cạnh đó, người cũng có thể bị nhiễm sán dây này ở cả giai đoạn ấu trùng (Šterba & cs., 1977; Garin & cs., 2005) và giai đoạn trưởng thành (Ekanayake & cs., 1999).

Một số nghiên cứu đã đánh giá đa dạng di truyền của *T. taeniaeformis*. Phân tích gen *nad1* ghi nhận 13 haplotype với đa dạng haplotype cao (Alvi & cs., 2023), trong khi gen *cox1* cho thấy chỉ 2 haplotype ở châu Mỹ (Rojas & cs., 2024) nhưng tới 35 haplotype ở Đông và Đông Nam Á (Lavikainen & cs., 2016). Tuy nhiên, hầu hết các nghiên cứu sử dụng mẫu từ vật chủ trung gian và chưa làm rõ mối liên hệ giữa số lượng móc đỉnh và đa dạng di truyền ở sán ký sinh trên mèo nhà (Addy & cs., 2024; Alvi & cs., 2023; Rojas & cs., 2024).

Vì vậy, nghiên cứu này sử dụng các mẫu *T. taeniaeformis* trưởng thành từ mèo nhà, đại diện cho các kiểu số lượng móc đỉnh khác nhau, để định danh và đánh giá đa dạng di truyền dựa trên hai gen ty thể *cox1* và *nad1*. Kết quả sẽ góp phần hỗ trợ định danh và đánh giá đa dạng quần thể của loài tại Việt Nam.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu

Sán dây trưởng thành được thu từ ruột non của mèo tại các cơ sở giết mổ mèo tư nhân tại quận Nam Từ Liêm, thành phố Hà Nội từ tháng 11 năm 2024 đến tháng 04 năm 2025.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phương pháp thu mẫu

Sán sau khi phân lập từ ruột mèo được rửa sạch bằng nước sinh lý, bảo quản trong cồn 70% và quan sát dưới kính hiển vi soi nổi để định danh sơ bộ dựa trên đặc điểm hình thái. Các mẫu được xác định thuộc giống *Taenia* nhờ đầu có 4 giác bám, rostellum và móc đỉnh. Có 9 kiểu cá thể với số lượng móc đỉnh dao động từ 32-48 móc (Nguyen & cs., 2025). DNA từ các cá thể đại diện cho các kiểu móc khác nhau được chiết tách để khuếch đại các gen *cox1* và *nad1*, phục vụ đánh giá đa dạng di truyền của *T. taeniaeformis.*

2.2.2. Chiết tách DNA

DNA được chiết tách bằng phương pháp kiềm hóa (Nguyen & cs., 2016). Các mẫu khuếch đại kém được chiết tách lại bằng kit thương mại (BioFact, Hàn Quốc) theo hướng dẫn của nhà sản xuất.

2.2.3. Phản ứng khuếch đại gen - polymerase chain reaction (PCR)

Phản ứng PCR (30µl) gồm Master Mix 2X (Phusa Biochem, Việt Nam), mỗi mồi 0,4mM, DNA khuôn và nước tinh khiết. Điều kiện khuếch đại với cả hai cặp mồi JB3-JB4.5 và

JB11-JB12 theo Bowles & cs. (1992). Sản phẩm PCR được kiểm tra theo Nguyen & cs. (2025).

Thông tin về cặp mồi, đoạn gen đích và kích thước đoạn gen nhân lên được trình bày trong bảng 1.

Để hạn chế nhiễm chéo, các bước tách chiết DNA, chuẩn bị phản ứng PCR và điện di được thực hiện ở các khu vực riêng biệt, sử dụng đầu côn lọc vô trùng và mẫu đối chứng âm (nuclease-free water) trong mỗi đợt PCR.

2.2.4. Giải trình tự gen, xây dựng cây phát sinh loài và đánh giá sự đa dạng di truyền (haplotype)

Các sản phẩm PCR cho băng điện di rõ được lựa chọn để giải trình tự hai chiều bằng chính cặp mồi PCR tại 1st BASE (Selagor, Malaysia). Trình tự thu được được xử lý bằng BioEdit và so sánh với các trình tự trên GenBank bằng công cụ BLAST.

Cây phát sinh loài được xây dựng dựa vào thuật toán Maximum likelihood theo mô hình Kimura 2 - parameter với 1.000 lần lặp lại trên phần mềm MEGA X phiên bản v10.0.05 (Kumar & cs., 2018).

Dữ liệu sau đó tiếp tục được chỉnh sửa và phân tích trên phần mềm DnaSP v6.12.03 (Rozas & cs., 2017). Mạng lưới haplotype được xây dựng bằng phần mềm PopArt dựa trên thuật toán median-joining (Network software v6.12.03; Fluxus Technology Ltd.) (Bandelt & cs., 1999).

Để đánh giá đặc điểm di truyền của *T. taeniaeformis*, 90 trình tự gen *cox1* và 34 trình tự gen *nad1* được sử dụng để phân tích mạng lưới haplotype.

Các trình tự được lựa chọn dựa trên định danh loài, vùng chồng lấp, chất lượng và thông tin nguồn gốc mẫu; các trình tự quá ngắn, chất lượng kém hoặc trùng lặp được loại khỏi phân tích (Burkart, 2000; Bustin & cs., 2009).

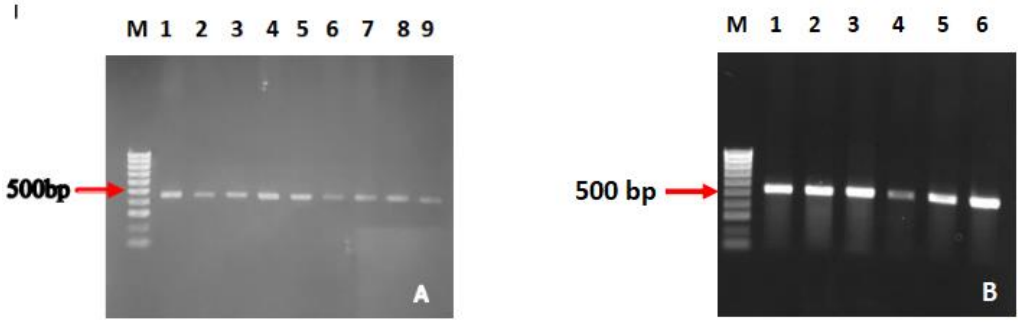
3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

3.1. Kết quả định danh sán dây *Taenia taeniaeformis* ký sinh ở mèo

Kết quả phản ứng PCR cho thấy các đoạn gen *cox1* và *nad1* của 9 cá thể *Taenia* sp. có số lượng móc đỉnh là 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46 và 48 đã được khuếch đại thành công với kích thước mong đợi tương ứng là 450bp và 550bp (Hình 1A, B). Sau khi giải trình tự và chỉnh sửa, các đoạn trình tự thu được có chiều dài tương ứng với gen *cox1* và *nad1* là 435bp và 524bp.

Bảng 1. Thông tin về các cặp mồi được sử dụng trong nghiên cứu

Tên đoạn gen	Tên mồi	Trình tự mồi (5'-3')	Kích thước (bp)
cox1	JB3	TTTTTTGGGCATCCTGAGGTTTAT	~ 450
	JB4.5	TAAAGAAAGAACATAATGAAAATG	
nad1	JB11	AGATTCGTAAGGGGCCTAATA	~ 500
	JB12	ACCACTAACTAATTCACTTTC	



Ghi chú: M: Thang chuẩn, các giếng từ 1-9 (A) và 1-6 (B) là mẫu sán dây thu được từ nghiên cứu.

Hình 1. Hình ảnh điện di sản phẩm PCR khuếch đại đoạn gen *cox1* (A), ***nad1*** (B)

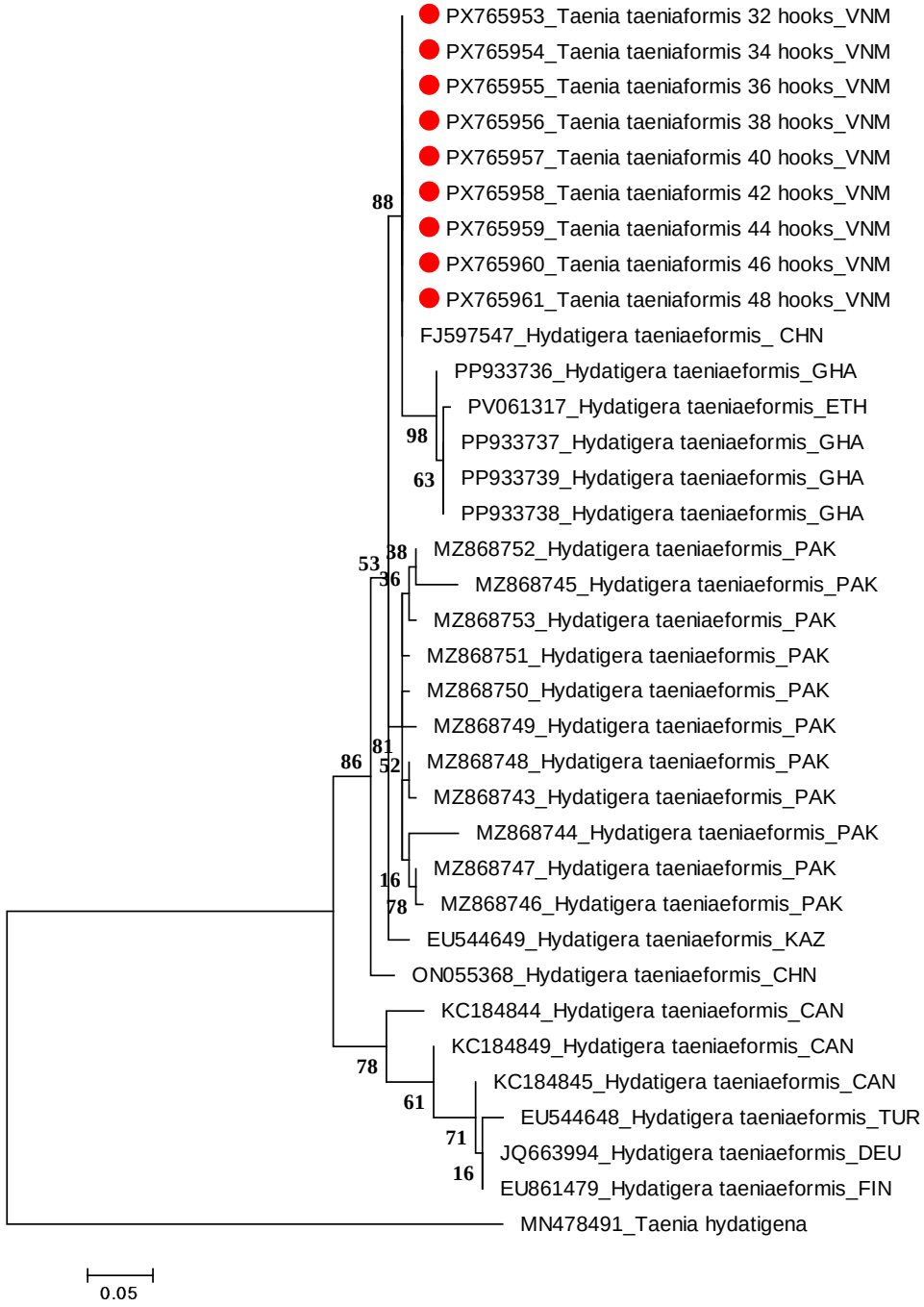


Ghi chú: Các trình tự với ký hiệu vòng tròn đỏ đặc là các trình tự thu được từ nghiên cứu. Các trình tự với ký hiệu hình tam giác màu vàng là các trình tự có nguồn gốc từ Việt Nam được công bố ở nghiên cứu trước (Nguyen & cs., 2025).

Hình 2. Cây phát sinh loài của *Taenia taeniaeformis* được xây dựng từ các trình tự các đoạn gen *cox1*

Các trình tự thu được được so sánh với GenBank, cho thấy độ tương đồng nucleotide cao, đạt tối đa 99,53% đối với gen *cox1* và 99,78% đối với gen *nad1*. Chín trình tự *nad1* đã được nộp lên GenBank (PX765953-PX765961). Đối với *cox1*, chỉ ghi nhận hai kiểu trình tự khác nhau trong 9 mẫu nên hai trình tự đại diện đã được nộp với mã số PX232712 và PX232713.

Dựa vào sơ đồ cây phát sinh loài (Hình 2 và Hình 3) các trình tự thu được từ mẫu sán dây trong nghiên cứu được định danh là *T. taeniaeformis.*



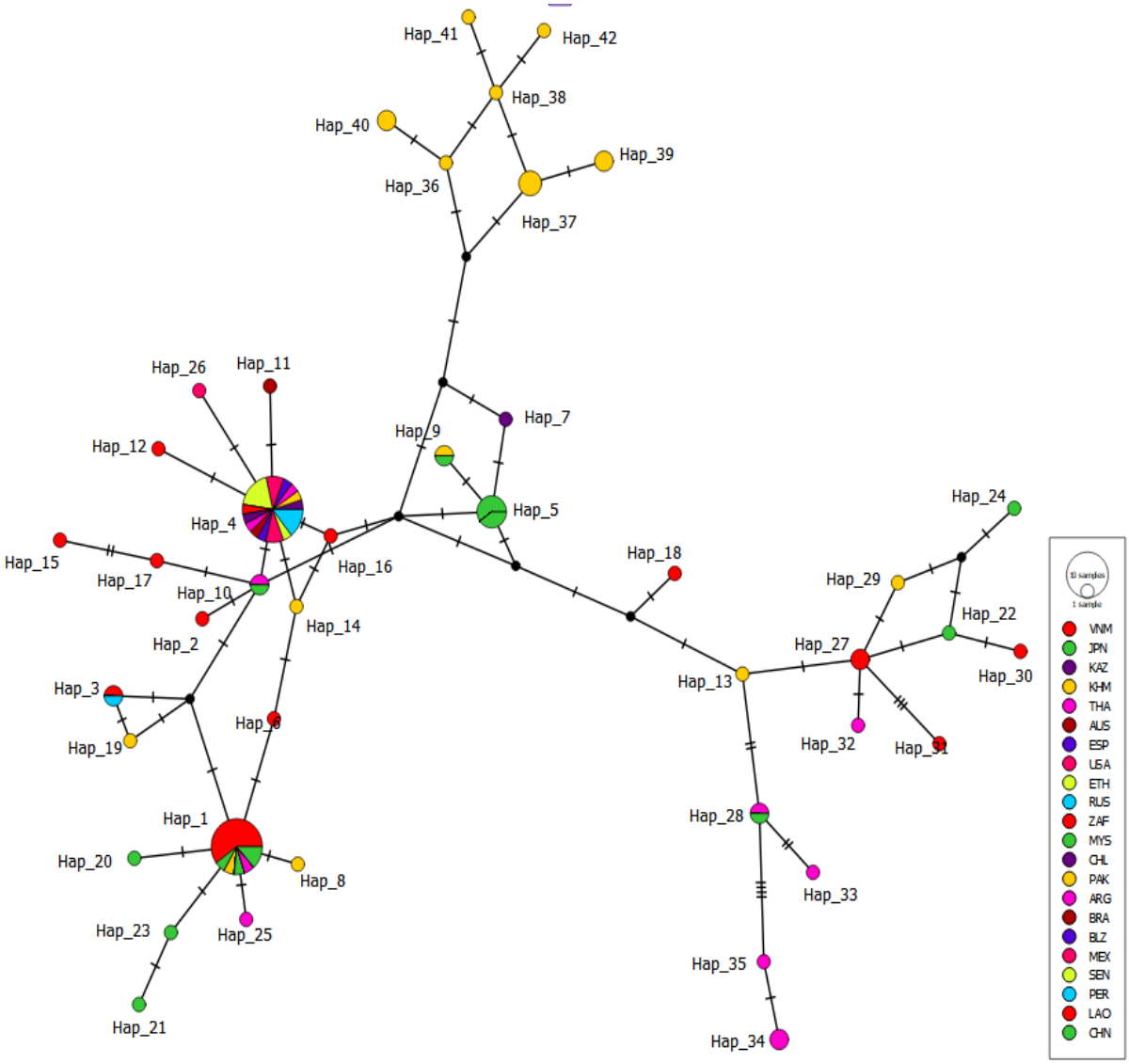
Ghi chú: Các trình tự với ký hiệu vòng tròn đỏ đặc là các trình từ thu được từ nghiên cứu.

Hình 3. Cây phát sinh loài của *Taenia taeniaeformis* được xây dựng từ các trình tự các đoạn gen *nad1*

Bảng 2. So sánh các chỉ số đa dạng di truyền của *Taenia taeniaeformis* dựa trên trình tự nucleotide gen *cox1* và *nad1* thu được trong nghiên cứu hiện tại và từ các nghiên cứu đã công bố trên ngân hàng gen

Tên gen	Nguồn gốc trình tự	N	S	H	p (p)	Hd	K
cox1	Tất cả các trình tự	90	36	42	0,017	0,916	4,704
	Các trình tự có nguồn gốc từ Việt Nam	14	10	6	0,014	0,692	2,242
nad1	Tất cả các trình tự	34	67	22	0,066	0,913	14,463
	Các trình tự có nguồn gốc từ Việt Nam	9	0	0	0,000	-	-

Ghi chú: N: Số lượng trình tự; S: Số vị trí đa hình; H: Số lượng haplotype; p: Nucleotide diversity; Hd: Đa dạng haplotype; K: Số sai khác nucleotide trung bình.



Ghi chú: Kích thước của mỗi haplotype tỷ lệ thuận với số lượng trình tự, và màu sắc biểu thị nguồn gốc của từng trình tự được phân tích.

Hình 4. Mạng lưới haplotype của *Taenia taeniaeformis* được xây dựng từ các trình tự một phần của gen *cox1* (396bp)

3.2. Đánh giá đặc điểm di truyền của *Taenia taeniaeformis* dựa vào các đánh dấu phân tử *cox1*

Phân tích mạng lưới haplotype của 90 trình tự gen *cox1* (396bp) xác định 42 haplotype với 36 vị trí đa hình (Bảng 2). Hai haplotype phổ biến nhất là hap_1 (15 trình tự) và hap_4 (21 trình tự) (Hình 4). Trong đó, hap_1 chủ yếu gồm các trình tự từ Việt Nam (9/15), ngoài ra còn có các trình tự từ Nhật Bản, Campuchia, Malaysia và Trung Quốc. Hap_4 có phân bố địa lý rộng, xuất hiện ở châu Á, châu Âu, châu Mỹ và châu Úc. Trong số 14 trình tự từ Việt Nam, 9 thuộc hap_1, các trình tự còn lại phân bố ở các haplotype đơn lẻ (hap_2, hap_3, hap_15, hap_16 và hap_17). Kết quả cho thấy quần thể *T. taeniaeformis* tại Việt Nam có một haplotype chiếm ưu thế nhưng vẫn tồn tại các haplotype hiếm, phản ánh mức độ đa dạng di truyền trung bình

Phân tích các chỉ số đa dạng di truyền cho thấy quần thể *T. taeniaeformis* trên toàn bộ dữ liệu có đa dạng haplotype cao (Hd = 0,916), trong khi đa dạng nucleotide ở mức thấp (π = 0,017). Giá trị K = 4,704 cho thấy số sai khác nucleotide trung bình giữa các trình tự chỉ khoảng 4-5 nucleotide, phản ánh mức độ khác biệt di truyền tương đối nhỏ giữa các haplotype. Đối với các trình tự có nguồn gốc từ Việt Nam, đa dạng haplotype ở mức trung bình (Hd = 0,692) và đa dạng nucleotide rất thấp (π = 0,014), với số sai khác nucleotide trung bình giữa các trình tự chỉ khoảng 2-3 nucleotide (K = 2,242) (Bảng 2). Kết quả này cho thấy quần thể *T. taeniaeformis* tại Việt Nam có tính đồng nhất di truyền cao hơn so với quần thể tổng thể, đồng thời mức độ biến dị di truyền tương đối hạn chế.

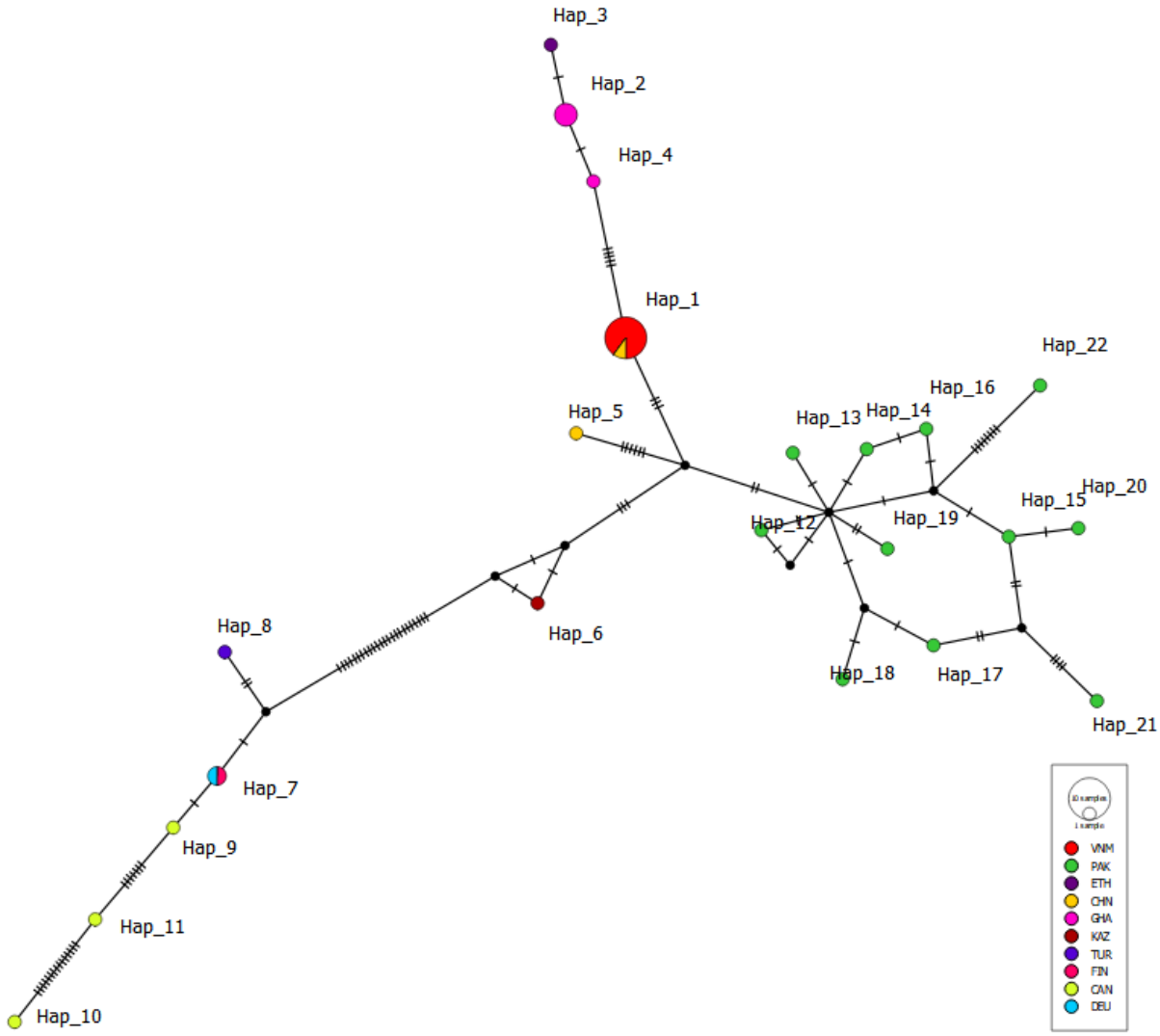
3.3. Đánh giá đặc điểm di truyền của *Taenia taeniaeformis* dựa vào các đánh dấu phân tử *nad1*

Đối với gen *nad1*, trong tổng số 34 trình tự được phân tích (bao gồm 9 trình tự thu được từ nghiên cứu hiện tại và toàn bộ các trình tự hiện có trên ngân hàng gen tại thời điểm nghiên cứu), đã phát hiện 22 haplotype với 67 vị trí đa hình (Bảng 2). Hap_1 chiếm ưu thế với 10 trình tự, trong đó có 9 trình tự thu được từ nghiên cứu này và 1 trình tự có nguồn gốc từ Trung Quốc. Ngoài ra, hap_2 bao gồm 3 trình tự có nguồn gốc từ Ghana, trong khi các haplotype còn lại chỉ ghi nhận 1 trình tự cho mỗi haplotype (Hình 5). Phân tích các chỉ số di truyền cho thấy đa dạng haplotype ở mức cao (Hd = 0,913), phản ánh sự phong phú về số lượng kiểu haplotype trong quần thể. Đồng thời, đa dạng nucleotide tương đối cao (π = 0,066), với số sai khác nucleotide trung bình lớn (K = 14,463), cho thấy mức độ phân hoá di truyền đáng kể giữa các trình tự. Đặc biệt 9 trình tự thu được từ nghiên cứu hiện tại không có vị trí đa hình nào được phát hiện trong tổng số 219 nucleotide, cho thấy tính đồng nhất di truyền cao của quần thể địa phương (Bảng 2).

4. THẢO LUẬN

Mặc dù *T. taeniaeformis* được ghi nhận là loài sán dây có tỷ lệ lưu hành cao nhất ở mèo, với tỷ lệ lên đến 41,98% tại khu vực phía Nam Ba Lan (Wierzbowska & cs., 2020), các dữ liệu về đặc điểm hình thái và phân tử của loài này vẫn còn rất hạn chế. Về hình thái, *T. taeniaeformis* có các đặc điểm tương đồng với các loài thuộc giống *Taenia*, trong đó số lượng móc bám ở đỉnh đầu (móc đỉnh) được ghi nhận dao động từ 26-38 móc (Fuehrer & cs., 2012) hoặc 30-40 móc (Matoba & cs., 2003). Phần lớn các nghiên cứu trước đây được thực hiện trên mẫu vật ở giai đoạn ấu trùng hoặc chỉ quan sát phần đầu của sán trưởng thành (Matoba & cs., 2003; Al-Jashamy & Islam, 2007; Fuehrer & cs., 2012).

Ở nghiên cứu trước, số lượng móc đỉnh ở sán dây trưởng thành *T. taeniaeformis đã được quan sát và phân loại*. Đây cũng là nghiên cứu đầu tiên mô tả đặc điểm hình thái của sán dây trưởng thành *T. taeniaeformis* thu thập từ mèo nuôi (Nguyen & cs., 2025). Kết quả cho thấy số lượng móc đỉnh dao động từ 32-48 móc. Như vậy, khoảng biến thiên số lượng móc đỉnh của *T. taeniaeformis* cần được điều chỉnh và mở rộng trong khoảng từ 26-48 móc. Sự đa dạng về số lượng móc đỉnh cho thấy có thể tồn tại sự đa dạng di truyền giữa các cá thể trong cùng loài *T. taeniaeformis*.



Ghi chú: Kích thước của mỗi haplotype tỷ lệ thuận với số lượng trình tự, và màu sắc biểu thị nguồn gốc của từng trình tự được phân tích.

Hình 5. Mạng lưới haplotype của *Taenia taeniaeformis* được xây dựng từ các trình tự một phần của gen *nad1* (219bp)

Tuy nhiên, kết quả nghiên cứu hiện tại cho thấy trong tổng số 9 trình tự thu được từ các cá thể có sự khác biệt về số lượng móc đỉnh, chỉ có 2 trình tự gen *cox1* ghi nhận sự khác biệt về nucleotide, trong khi cả 9 trình tự gen *nad1* đều xuất hiện biến dị nucleotide. Mặc dù phát hiện sự khác biệt về trình tự nucleotide ở đoạn gen *nad1* có chiều dài 524bp, nhưng trong quá trình xử lý dữ liệu để xây dựng mạng lưới haplotype, chỉ có 219bp được sử dụng cho phân tích. Đây cũng là một hạn chế của nghiên cứu này, do việc sử dụng đoạn trình tự ngắn có thể làm giảm khả năng phát hiện đầy đủ mức độ biến dị di truyền giữa các cá thể. Kết quả này cho thấy việc sử dụng các trình tự có chiều dài lớn hơn sẽ giúp đánh giá sự đa dạng di truyền một cách chính xác và toàn diện hơn (Fan & cs., 2021).

Hiện nay chưa có nhiều nghiên cứu đề cập trực tiếp đến mối liên quan giữa sự đa dạng di truyền và sự khác biệt về số lượng móc đỉnh ở các cá thể cùng loài. Tuy nhiên, một số nghiên cứu trước đây đã ghi nhận sự đa dạng di truyền đáng kể giữa các cá thể có sự khác biệt về chiều

dài và hình thái móc đỉnh ở *T. taeniaformis*, *T. multiceps* và *T. hydatigena* (Azuma & cs., 1995; Rostami & cs., 2013a; Rostami & cs., 2013b; Sarvi & cs., 2019). Từ những kết quả trên có thể cho thấy sự đa dạng di truyền không hoàn toàn phụ thuộc vào sự khác biệt về số lượng móc đỉnh.

Số lượng haplotype cũng như các chỉ số đánh giá đa dạng di truyền phụ thuộc đáng kể vào số lượng trình tự được đưa vào phân tích và độ dài đoạn trình tự sử dụng (Yanagida & cs., 2012; Romig & cs., 2015). Lavikainen & cs. (2016) khi phân tích các trình tự *cox1* có nguồn gốc từ Đông và Đông Nam Á đã ghi nhận tới 35 haplotype, phản ánh mức độ đa dạng di truyền cao và gợi ý quần thể ký sinh trùng tại khu vực này có lịch sử tiến hoá lâu dài cũng như kích thước quần thể lớn. Ngược lại, Rojas & cs. (2024) chỉ phát hiện 2 haplotype ở các mẫu từ châu Mỹ và các thuộc địa của Tây Ban Nha, cho thấy sự đa dạng di truyền thấp hơn đáng kể. Sự khác biệt này có thể liên quan đến lịch sử tiến hoá, sự di chuyển hạn chế của vật chủ, dẫn đến suy giảm biến dị di truyền. Những kết quả này cũng nhấn mạnh vai trò của yếu tố địa lý và lịch sử phát tán trong việc định hình cấu trúc di truyền quần thể của *T. taeniaeformis*. Sự đa dạng di truyền của *T. taeniaeformis* theo yếu tố địa lý cũng được quan sát trong nghiên cứu của Alvi & cs. (2023).

Bên cạnh đó, Addy & cs. (2024), khi phân tích 28 trình tự gen *nad1* có chiều dài 894bp thu được từ Tamale (Ghana), chỉ ghi nhận 4 haplotype với 5 vị trí đa hình, kèm theo đa dạng nucleotide rất thấp (π = 0,0013) và số sai khác nucleotide trung bình chỉ khoảng 1-2 nucleotide. Tuy nhiên, khi kết hợp với các trình tự tham khảo (220bp), mạng lưới haplotype thể hiện cấu trúc dạng hình sao, trong đó các haplotype có xu hướng phân nhóm theo vùng địa lý (Addy & cs., 2024). Những kết quả này cho thấy mức độ biến dị di truyền trong quần thể *T. taeniaeformis* ở phạm vi địa phương tương đối thấp, điều này cũng được quan sát trong nghiên cứu này, phản ánh tính đồng nhất di truyền cao giữa các cá thể, nhưng lại tồn tại sự phân hoá di truyền rõ rệt giữa các quần thể phân bố ở những khu vực địa lý khác nhau.

Các chỉ thị phân tử thuộc bộ gen ty thể thường được sử dụng cho nghiên cứu về đa dạng di truyền trong loài ở các động vật đa bào vì chúng không có hiện tượng tái tổ hợp, cấu trúc tương đối bảo tồn và tốc độ tiến hoá cao (Gasser, 2006; Liu & cs., 2011). Nghiên cứu này lựa chọn hai chỉ thị *cox1* và *nad1* là những chỉ thị phổ biến trong nghiên cứu về định danh và sự đa dạng di truyền của ký sinh trùng. So sánh sự đa dạng di truyền của *T. taeniaeformis* dựa trên hai gen *cox1* và *nad1* trong nghiên cứu này cho thấy cả hai gen đều có mức đa dạng haplotype cao (Hd = 0,916 và 0,913 tương ứng đối với gen *cox1* và *nad1*). Tuy nhiên, giá trị đa dạng nucleotide (π = 0,017) và số sai khác nucleotide trung bình giữa các trình tự (K = 4,704) ở gen *cox1* đều ở mức thấp, trong khi hai chỉ số này ở gen *nad1* đạt mức trung bình và cao hơn đáng kể (π = 0,066 và K = 14,463). Kết quả này cho thấy gen *nad1* có mức độ biến dị cao hơn so với gen *cox1*, từ đó có khả năng cung cấp độ phân giải tốt hơn trong phân tích cấu trúc di truyền và mối quan hệ phát sinh loài của *T. taeniaeformis*. Nhận định này cũng phù hợp với nghiên cứu của Gasser & cs. (1999), trong đó tác giả cho rằng gen *nad1* thể hiện mức độ biến dị cao hơn giữa các loài thuộc giống *Taenia* so với gen *cox1*, đồng thời có tiềm năng trong việc đánh giá cấu trúc di truyền quần thể của các loài thuộc họ Taeniidae.

Sự đa dạng di truyền có thể ảnh hưởng đến đặc điểm dịch tễ học, khả năng gây nhiễm trên vật chủ và hiệu quả của các biện pháp kiểm soát ký sinh trùng, như đã được đề cập trong nghiên cứu về *Echinococcus granulosus* (Carmena & Cardona, 2014). Bên cạnh đó, phân tích bộ gen ty thể của *Taenia saginata* và *T. solium* cho thấy sự đa dạng di truyền nội loài có thể ảnh hưởng đến cơ chế gây bệnh của chúng trên các loài vật chủ khác nhau (Rostami & cs., 2015). Tuy nhiên, vai trò và ý nghĩa của sự đa dạng di truyền ở *T. taeniaeformis* hiện vẫn chưa được hiểu một cách đầy đủ.

5. KẾT LUẬN

Nghiên cứu đã định danh thành công sán dây *T. taeniaeformis* ký sinh ở mèo nuôi tại Việt Nam dựa trên hai chỉ thị ty thể *cox1* và *nad1*, đồng thời đánh giá được đặc điểm đa dạng di truyền nội loài của loài này. Kết quả cho thấy quần thể *T. taeniaeformis* tại đia điểm nghiên cứu có mức độ đồng nhất di truyền cao và sự đa dạng di truyền không hoàn toàn phụ thuộc vào đặc điểm hình thái liên quan đến số lượng móc đỉnh ở mỗi một cá thể. Gen *nad1* thể hiện mức độ biến dị cao hơn *cox1*, cho thấy tiềm năng ứng dụng tốt hơn trong các nghiên cứu về cấu trúc quần thể và quan hệ phát sinh loài. Các nghiên cứu tiếp theo nên mở rộng phạm vi khảo sát trên toàn quốc và ưu tiên sử dụng gen *nad1* cùng các đoạn trình tự dài hơn để nâng cao khả năng phát hiện biến dị di truyền.

LỜI CẢM ƠN

Kết quả nghiên cứu là một phần sản phẩm nghiên cứu của đề tài với mã số là T2025-9-32. Nhóm tác giả xin gửi lời cảm ơn đến Học viện Nông nghiệp Việt Nam đã hỗ trợ kinh phí để hoàn thành nghiên cứu này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Addy F., Abubakari A.R. & Mohammed A.F. (2024). First molecular characterisation of *Hydatigera taeniaeformis* (Cestoda: Taeniidae) from *Rattus rattus* in urban market centres from Tamale, Ghana. BMC Veterinary Research. 20: 441.

Al-Jashamy K. & Islam M.N. (2007). Morphological study of *Taenia taeniaeformis* scolex under scanning electron microscopy using hexamethyldislazane. Annals of Microscopy. 7: 80-83.

Alvi M.A., Alshammari A., Ali R. M.A., Rashid I., Saqib M., Qamar W., Shafeeq M., Askar H., Abdelsater N., Li L., Ashfaq K., Butt A.A., Fu B.Q., Yan H.B. & Jia W.Z. (2023). Molecular characterization of *Hydatigera taeniaeformis* recovered from rats: An update from Pakistan. Pakistan Veterinary Journal. 43(3): 601-605.

Alvi M.A., Li L., Ohiolei J.A,. Ohiolei J.A., Qamar W., Saqib M., Tayyab M.H., Altaf J., Ashfaq K., Hassan A., Jamal M., Wahab A., Alvi A.A., Usman M., Bajwa M.R.K., Fu B.Q., Yan H.B. & Jia W.Z. (2021). *Hydatigera taeniaeformis* in urban rats (*Rattus rattus*) in Faisalabad, Pakistan. Infection. Genetics and Evolution. 92: 104873.

Azuma H., Okamoto M., Oku Y. & Kamiya M. (1995). Intraspecific variation of *Taenia taeniaeformis* as determined by various criteria. Parasitology Research. 81: 103-108.

Bandelt H., Forster P. & Röhl A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. Molecular Biology and Evolution. 16(1): 37-48.

Batsch A.J.G.C. (1786). Naturgeschichte der Bandwurmgattung überhaupt und ihrer 875 Arten insbesondere, nach den neuern Beobachtungen in einem systematischen 876 Auszuge. Johann Jacob Gebauer, Halle.

Bowles J., Blair D. & McManus D.P. (1992). Genetic variants within the genus Echinococcus identified by mitochondrial DNA sequencing. Molecular and Biochemical Parasitology. 54 (2): 165-73.

Bustin S.A., Benes V., Garson J.A., Hellemans J., Heggett J., Kubista M., Mueller R., Nolan T., Pfaffl M.W., Shipley G.L., Vandesompele J. & Wittwer C.T. (2009). The MIQE Guidelines: Minimum Information for Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments. Clinical Chemistry. 55(4): 611-622.

Burkardt H.J. (2000). Standardization and quality control of PCR analyses. Clinical Chemistry and Laboratory Medicine. 38(2): 87-91.

Ekanayake S., Warnasuriya N.D., Samarakoon P.S., Abewickrama H., Kuruppuarachchi N.D. & Dissanaike A.S. (1999). An unusual 'infection' of a child in Sri Lanka, with *Taenia taeniaeformis* of the cat. Annals of Tropical Medicine Parasitology. 93(8): 869-873.

Fan P., Fjeldså J., Liu X., Dong Y., Chang Y., Qu Y., Song G. & Lei F. (2021). An approach for estimating haplotype diversity from sequences with unequal lengths. Methods in Ecology and Evolution. 12(9): 1658-1667.

Fuehrer H.P., Siehs C., Schneider R. & Auer H. (2012). Morphometrical analysis of *Taenia taeniaeformis* and *Taenia crassiceps* in the common vole (*Microtus arvalis*) and the water vole (*Arvicola terrestris*) in Vorarlberg, Austria. Helminthologia. 49(3): 169-173.

Gasser R.B. (2006). Molecular tools-advances, opportunities and prospects. Veterinary Parasitology. 36: 69-89.

Gasser R.B., Zhu X. & McManus D.P. (1999). NADH dehydrogenase subunit 1 and cytochrome *c* oxidase subunit I sequences compared for members of the

genus *Taenia* (Cestoda). International Journal of Parasitoly. 29: 1965-70.

Garin G.F.J., Galán-Puchades T.G., Moulignier A., Robert G., Herán F., Polivka M., Olson P.D., Lorenzo F., Derouin F. & Conn D.B. (2005). Case Report: Human brain abscess due to a tetra-acetabulate plerocercoid metacestode (Cyclophyliidea). American Journal of Tropical Medicine and Hygiene. 72(5): 513-517.

Gomez-Puerta L.A., Vargas-Calla A., Garcia-Leandro M., Jara-Vila J., Rojas-Anticona W., Pacheco J.I., Angulo-Tisoc J.M., Silva W. & Gonzalez A.E. (2021). Identification of wild rodents as intermediate hosts for *Hydatigera taeniaeformis* in Peru. Parasitology Research. 122: 1915-21.

Gupta N., Gupta D.K., Kumar S. & Gupta V. (2021). Scanning electron microscopy of *Cysticercus fasciolaris* (larval *Taenia taeniaeformis* Batsch, 1786) from the wild rat, *Rattus rattus* Linnaeus, 1758, morpho-physiology and risk to human health. Annals Parasitology. 67(1): 31-38.

Ibrahim M.S.N. (2020). A study on parasite fauna of rats and shrews caught at three wet markets in Kuala Terengganu, Malaysia. International Journal of National Sciences. 4(1): 1-13.

Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C. & Tamura K. (2018). Mega X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. Molecular Biology and Evolution. 35(6): 1547-1549.

Lavikainen A., Iwaki T., Haukisalmi V., Konyaev S.V., Casiraghi M., Dokuchaev N.E., Galimberti A., Halajian A., Henttonen H., Ichikawa-Seki M., Itagaki T., Krivopalov A.V., Meri S., Morand S., Näreaho A., Olsson G.E., Ribas A., Terefe Y., Nakao M. (2016). Reappraisal of *Hydatigera taeniaeformis* (Batsch, 1786) (Cestoda: 4 Taeniidae) sensu lato with description of *Hydatigera kamiyai* n. sp. International Journal for Parasitology. 46(5-6): 361-74.

Lignon J.S., dos Santos T.S., Meireles G.R., Martins K.R., Zoia W.A., Soares M.P., Fadrique F.H.C, Cunha R.C., Monteiro S.G., Pappen F.G., Pinto D.M. & Bruhn F.R.P. (2024). First record of *Hydatigera taeniaeformis* in Geoffroy's cat (Leopardus geoffroyi) in Brazil. Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports. 24: 101100.

Liu G.H., Lin R.O., Li M.W., Liu W, Liu Y., Yuan Z.G., Song H.Q., Zhao G.H., Zhang K.X. & Zhu X.Q. (2011). The complete mitochondrial genomes of three cestode species of Taenia infecting animals and humans. Molecular Biology Reports. 38: 2249-56.

Loos-Frank B. & Zeyhle E. (1982). The intestinal helminths of the red fox and some other carnivores in southwest Germany. Zeitschrift fur Parasitenkunde. 67(1): 99-113.

Malsawmtluangi C., Prasad P.K., Biswal D.K. & Tandon V. (2011). Morphological and molecular identification of the metacestode parasitizing the liver of rodent hosts in bamboo growing areas of mizoram, northeast India. Biomedical Informatics. 7(8): 393-399.

Matoba Y., Asano M., Yagi K. & Asakawa M. (2003). Detection of a taeniid species *Taenia taeniaformis* from a feral racoon *Pryocyon lotor* and its epidemiological significance. Mammal Study. 28: 157-160.

Nguyen Y.T.H., Phuong N.V., Hieu D.D. & Chien N.T.H. (2025). Morphological characteristics and molecular identification of Cestode: *Taenia taeniaformis* in domestic cats in Vietnam. International Journal of Veterinary Science. 14(5): 929-935.

Nguyen Y.T.H., Wang Z.Z., Maruyama H., Horii Y., Nonaka N. & Yoshida A. (2016). Evaluation of realtime PCR assay for the detection of *Ascaris suum* contamination in meat and organ meats. Journal of Food Safety. 37: 1-6.

Pfeiffer F., Kuschfeldt S. & Stoye M. (1997). Helminth fauna of the red fox (*Vulpes vulpes* Linne 1758) in south Sachsen-Anhalt--1: Cestodes. Deutsche tierärztliche Wochenschrift. 104(10): 445-448.

Rojas A.C., Bonacic C., Salgado R., Peters L., Fredes D., Rubio A.V., Muñoz-Leal S., Oyarzún-Ruiz P. & Aguirre A.A. (2024). Genetic and biological insights into *Hydatigera taeniaeformis* in invasive black rats from southern Chile. Frontier in Veterinary Science. 11: 1466409.

Romig T., Ebi D. & Wassermann M. (2015). Taxonomy and molecular epidemiology of *Echinococcus granulosus* sensu lato. Veterinary Parasitology. 213: 76-84.

Rostami S., Salavati R., Beech R. N., Babaei1 Z., Sharbatkhori M., Baneshi M. R., Hajialilo E., Shad H. & Harandi M.F. (2013a). Molecular and morphological characterization of the tapeworm *Taenia hydatigena* in sheep from Iran. Journal of Helminthology. 89(2): 150-157.

Rostami S., Beech R.N., Salavati R., Baneshi M.R., Kamyabi H. & Harandi M.F. (2013b). Morphometric analysis of Larval rostellar hooks in *Taenia multiceps* of sheep in Iran and its association with mitochondrial gene variability. Iranian Journal of Parasitology. 8(4): 579-585.

Rozas J., Ferrer-Mata A., Sánchez-Del Barrio J.C., Guirao-Rico S., Librado P., Ramos-Onsins S. E. & Sánchez-Gracia A. (2017). DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data

sets. Molecular Biology and Evolution. 34(12): 3299-3302.

Sarvi S., Behrestaghi L.E., AlizadehA., Hosseini S.A., Gohardieh S., Bastani R., Charati J.Y., Daryani A., Amouei A., Spotin A., Gholami S. (2019). Morphometric, genetic diversity and phylogenetic analysis of *Taenia hydatigena* larval stage in Iranian livestock. Cambridge University Press.

Schuster R.K., Specht P. & Rieger S. (2021). On the helminth fauna of the muskrat (*Ondatra zibethicus* (Linnaeus, 1766)) in the Barnim district of Brandenburg State/Germany. Animals. 11: 2444.

Šterba J., Blažek K. & Baruš V. (1977). Contribution to the pathology of strobilocercosis (*Strobilocercus fasciolaris*) in the liver of man and some animals. Folia Parasitology. 24: 41-46.

Wierzbowska I.A., Korna´s S., Piontek A.M. & Rola K. (2020). The Prevalence of Endoparasites of Free Ranging Cats (*Felis catus*) from Urban Habitats in Southern Poland. Animals 10: 748.

Yamamoto A., Perison P.W.D., Ahmad I.A., Awosolu O., Hsieh T.C., Him N.A.I.I.N., Haziqah F. & Termizi M. (2024). Occurrence and morphological characteristics of *Cysticercus fasciolaris* in wild rodents from Penang, Malaysia. Malays. Journal of Microscopy. 20(1): 12-23.

Yanagida T., Mohammadzadeh T., Kamhawi S., Nakao M, Sadjjadi S.M., Hijjawi N., Abdel-Hafez S.K., Sako Y., Okamoto M. & Ito A. (2012). Genetic polymorphisms of *Echinococcus granulosus* sensu stricto in the Middle East. Parasitology International. 61: 599-603.

Younis A.E., Saad A.I., El-Akhal I.R.M. & Saleh N.M.K. (2021). A parasitological survey of zoonotic cestodes carried by house rats in Aswan, Egypt, reveals cryptic diversity at the molecular level. Veterinary World. 14(8): 2160-2169.