Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam, Tập 24, Số đặc biệt 1, 2026: 51-61 https://doi.org/10.31817/tckhnnvn.2026.24.SP01.06
vie.vjas.vn

ĐỊNH DANH VÀ ĐÁNH GIÁ ĐẶC ĐIỂM DI TRUYỀN CỦA SÁN DÂY *Taenia hydatigena* DỰA VÀO CÁC ĐÁNH DẤU TY THỂ *COX1* và *12S* rRNA

Nguyễn Thị Hoàng Yến*, Nguyễn Văn Phương, Dương Đức Hiếu

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: 31.07.2026

TÓM TẮT

Taenia hydatigena là loài sán dây ký sinh ở chó, có ý nghĩa quan trọng trong thú y do ấu trùng *Cysticercus tenuicollis* gây thiệt hại kinh tế đáng kể ở vật chủ trung gian. Nghiên cứu này nhằm định danh và đánh giá đặc điểm di truyền của *T. hydatigena* ký sinh ở chó tại Hà Nội dựa trên hai chỉ thị ty thể *cox1* và *12S* rRNA. Sán dây trưởng thành được thu thập, chiết tách DNA, khuếch đại gen bằng PCR và giải trình tự. Kết quả cho thấy các trình tự *cox1* và *12S* rRNA có độ tương đồng 100% với các trình tự tham chiếu trên GenBank, xác nhận mẫu nghiên cứu là *T. hydatigena*. Dựa trên 100 trình tự gen *cox1* và 104 trình tự gen *12S* rRNA, nghiên cứu xác định được lần lượt 13 và 49 haplotype. Chỉ số đa dạng di truyền cho thấy gen *12S* rRNA có mức độ biến dị cao hơn gen *cox1* (Hd = 0,863 so với 0,442; π = 0,068 so với 0,020). Mạng lưới haplotype có cấu trúc hình sao với một haplotype trung tâm chiếm ưu thế, gợi ý sự mở rộng quần thể gần đây từ nguồn gốc chung. Bên cạnh đó, xuất hiện một vài haplotype phân tách thành cụm di truyền riêng, phản ánh sự phân hoá di truyền của loài này. Kết quả nghiên cứu cung cấp dữ liệu quan trọng cho các nghiên cứu dịch tễ học phân tử của *T. hydatigena*.

Từ khóa: *12S rRNA, cox1, chó,* haplotype*, Taenia hydatigena*.

Molecular Identification and Genetic Characterization of *Taenia hydatigena* Tapeworms Based on the Mitochondrial Markers *cox1* and *12S* rRNA

ABSTRACT

Taenia hydatigena is a tapeworm species parasitizing dogs and is of important veterinary significance because its larval stage, *Cysticercus tenuicollis*, causes considerable economic losses in intermediate hosts. This study aimed to identify and evaluate the genetic characteristics of *T. hydatigena* parasitizing dogs in Hanoi based on two mitochondrial markers, *cox1* and *12S* rRNA. Adult tapeworms were collected, followed by DNA extraction, PCR amplification, and sequencing. The obtained *cox1* and *12S* rRNA sequences showed 100% nucleotide identity with reference sequences deposited in GenBank, confirming the species as *T. hydatigena*. Based on 100 *cox1* gene sequences and 104 sequences of *12S* rRNA gene, a total of 13 and 49 haplotypes were identified, respectively. Genetic diversity indices indicated that the *12S* rRNA gene exhibited a higher level of variation than the *cox1* gene (Hd = 0.863 vs. 0.442; π = 0.068 vs. 0.020). The haplotype network displayed a star-like structure with one dominant central haplotype, suggesting a recent population expansion from a common ancestor. In addition, several haplotypes formed distinct genetic clusters, indicating genetic differentiation of this species. The findings provide important molecular data for future epidemiological studies of *T. hydatigena*.

Keywords: *12S* rRNA, *cox1*, dog, haplotype, *Taenia hydatigena.*

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Taenia hydatigena lần đầu tiên được mô tả bởi Pallas (1766), sau đó phân loại bởi Verster (1979) và được miêu tả bởi Edwards & Herbert (1981). *T. hydatigena* phân bố rộng rãi trên toàn thế giới. Chó và các động vật ăn thịt thuộc họ Canidae là vật chủ chính (Soulsby, 1982), đôi khi ghi nhận thấy ở mèo (Karamon & cs., 2019). Vật chủ trung gian của *T. hydatigena* rất đa

dạng, bao gồm động vật nhai lại (dê, cừu, trâu, bò), ngựa và lợn (Nguyễn Thị Kim Lan & cs., 2011; Nguyen & cs., 2016; Abbas & cs., 2021; El-Beskawy & cs., 2021; Ng-Nguyen & cs., 2021; Wakid & Alsulami, 2022; Karakoc & cs., 2024). Các vật chủ này bị nhiễm khi ăn phải trứng chứa phôi sáu móc (oncosphere). Trong vật chủ trung gian, oncosphere phát triển thành ấu trùng gây nhiễm gọi là *Cysticercus tenuicollis,* thường ký sinh ở màng bụng và màng treo ruột, gan, đôi khi được tìm thấy ở phổi, thận, não, buồng trứng, tử cung, ống dẫn trứng, cổ tử cung và âm đạo (Scala & cs., 2015).

Tỷ lệ lưu hành *Taenia hydatigena* ở chó rất biến động (0,7-89,5%) tuỳ thuộc vào khu vực địa lý và phương pháp chẩn đoán. Nhiều nghiên cứu cho thấy tỷ lệ nhiễm ấu trùng *C. tenuicollis* ở vật chủ trung gian như dê và cừu khá cao tại nhiều khu vực trên thế giới, gồm 63,9% ở châu Phi (Wondimu & cs., 2011), 55,5% ở châu Á (Oryan & cs., 2012), 39% ở Nam Mỹ (Morais & cs., 2017) và 14,6% ở châu Âu (Scala & cs., 2015). Mặc dù *T. hydatigena* không phải ký sinh trùng lây truyền sang người, nhưng ấu trùng *C. tenuicollis* gây thiệt hại kinh tế đáng kể do làm giảm giá trị phủ tạng và gây chết ở động vật non (Wondimu & cs., 2011; Scala & cs., 2015; Scala & cs., 2016).

Tại Việt Nam, *T. hydatigena* đã được ghi nhận ở chó với tỷ lệ lưu hành 4,99-35,14% tại một số khu vực như Tây Nguyên, đồng bằng sông Cửu Long và Phú Thọ (Nguyễn Thị Kim Lan & cs., 2011; Nguyễn Phi Bằng & cs., 2018, Ng-Nguyen & cs., 2021). Lợn được xem là vật chủ trung gian quan trọng, với tỷ lệ nhiễm ấu trùng *C. tenuicollis* dao động từ 18,0-31,8% (Huan, 1994; Nguyễn Thị Kim Lan & cs., 2011; Nguyen & cs., 2020). Nghiên cứu trước đây chủ yếu sử dụng kỹ thuật sinh học phân tử như PCR (polymerase chain reaction) để định danh ký sinh trùng, tuy nhiên chưa có nghiên cứu nào đánh giá sự đa dạng di truyền của loài sán dây này ở Việt Nam.

Mặc dù các phương pháp dựa vào DNA thường không được sử dụng trong việc kiểm soát sát sinh, nhưng chúng là công cụ cần thiết để hiểu rõ hơn bản chất và ý nghĩa của sự đa dạng di truyền giữa các cá thể trong cùng một loài, đặc biệt khi chúng ký sinh ở các vật chủ khác nhau (Lavikainen & cs., 2013). Bên cạnh đó, phân tích trình tự DNA các mẫu sán dây trưởng thành *T. hydatigen* và ấu trùng *C. tenuicollis* giúp làm sáng tỏ mô hình lưu hành của ký sinh trùng này giữa vật chủ chính và vật chủ trung gian của chúng, từ đó góp phần xây dựng chiến lược kiểm soát hiệu quả (Abbas & cs., 2021). Dữ liệu trình tự DNA ty thể được sử dụng rộng rãi để xác định cấu trúc di truyền của quần thể động vật, trong đó có sán dây họ taniidae, do có tỷ lệ tái tổ hợp thấp. Bên cạnh đó, chúng còn hữu ích trong nghiên cứu mối quan hệ tiến hoá giữa các nhóm phân loại và có giá trị trong việc phân biệt các loài sán dây ký sinh (Jibat & cs., 2008; Liu & cs., 2012; Li & cs., 2013). Vì vậy, nghiên cứu này được tiến hành nhằm định danh và so sánh sự đa dạng di truyền của *T. hydatigena* thu được từ chó tại Hà Nội với các phân lập *T. hydatigena* tham khảo dựa vào hai chỉ thị phân tử ty thể là *cox1* và *12S* rRNA.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu

Sán dây trưởng thành thu được từ cơ sở giết mổ chó tại khu vực chợ Bún, xã Đa Tốn, huyện Gia Lâm (nay là xã Gia Lâm) vào tháng 02 năm 2020 và các cơ sở giết mổ chó tại khu vực Nam Từ Liêm, thành phố Hà Nội từ tháng 11 năm 2024 đến tháng 04 năm 2025. Sán sau khi phân lập từ ruột chó được rửa sạch nhiều lần trong nước sinh lý để loại bỏ tạp chất. Sau đó chúng được bảo quản trong cồn 70%.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Chiết tách DNA

DNA được chiết tách bằng bộ kit thương mại (BioFact, Daejeon, Hàn Quốc). Khoảng 50mg mô cắt từ sán dây trưởng thành, sử dụng dao phẫu thuật vô trùng, được chuyển vào ống Eppendorf 1,5ml. Quy trình chiết tách được thực hiện theo hướng dẫn của nhà sản xuất, với một điều chỉnh nhỏ ở bước ly giải tế bào: thay vì ủ 10 phút theo hướng dẫn, mẫu được ủ trong 30 phút nhằm đảm bảo quá trình phân hủy tế bào diễn ra hoàn toàn.

2.2.2. Phản ứng khuếch đại gen

Phản ứng (Polymerase Chain Reaction - PCR) được sử dụng để khuếch đại một phần đoạn gen ty thể chytochrome *c* oxydase subunit 1 (*cox1*) và *12S* ribosomal RNA (*12S* rRNA) với kích thước mong đợi tương ứng là 450bp và 380bp. Trình tự cặp mồi sử dụng trong nghiên cứu được trình bày tại bảng 1. Thành phần phản ứng PCR gồm 15µl Master mix 2X (Phusa Biochem, Việt Nam), 0,75µl cho mỗi loại mồi xuôi và mồi ngược (nồng độ cuối cùng của mồi đạt 0,4mM) (Phusa Biochem, Việt Nam), 11,5µl nước tinh khiết (DW-distilled water) và 2µl DNA khuôn. Điều kiện khuếch đại của phản ứng PCR đối với gen *cox1* như sau: biến tính ban đầu ở 94°C trong 5 phút; 30 chu kỳ gồm 94°C trong 30 giây, 55°C trong 30 giây, 70°C trong 30 giây; bước kéo dài cuối cùng ở 72°C trong 5 phút (Bowles & cs., 1992). Đối với gen *12S* rRNA: 95°C trong 5 phút; 50 chu kỳ gồm 55°C trong 90 giây, 73°C trong 2 phút; 72°C trong 5 phút (Dinkel & cs., 1998).

Kết quả của quá trình khuếch đại gen được kiểm tra bằng cách điện di trên thạch 1% (bổ sung chất nhuộm DNA - GelRed (Biotium, Fremont, CA)) ở điều kiện 135V trong 30 phút. Kích thước của sản phẩm PCR được ước tính sử dụng thang 100bp (BioFact, Daejeon, Republic Korea).

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

Sản phẩm PCR được giải trình tự hai chiều sử dụng cùng cặp mồi trong phản ứng PCR. Quá trình giải trình tự được thực hiện bởi công ty 1st BASE (Selangor, Malaysia). Trình tự DNA thu được sẽ được xử lý bằng phần mềm BioEdit và so sánh với các trình tự được công bố trên ngân hàng gen thông qua công cụ tìm kiếm Blast.

Cây phát sinh loài được xây dựng dựa theo thuật toán Maximum likelihood 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. hydatigena*, 100 trình tự gen *cox1* và 104 trình tự gen *12S* rRNA bao gồm trình từ từ nghiên cứu và các trình tự tham khảo được lấy từ ngân hàng gen (GenBank) thông qua công cụ tìm kiếm NCBI (National Center for Biotechnology Information) được sử dụng để phân tích mạng lưới haplotype.

3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

3.1. Kết quả định danh sán dây *Taenia hydatigena* ký sinh ở mèo dựa vào trình tự đoạn gen *cox1* và *12S* rRNA

Trong quá trình thu mẫu tại các cơ sở giết mổ chó, chúng tôi chỉ thu được một mẫu sán dây trưởng thành tại chợ Bún (Đa Tốn, Gia Lâm, Hà Nội) có đặc điểm hình thái phù hợp với giống *Taenia*. Kết quả PCR cho thấy đoạn gen *cox1* và *12S* rRNA được khuếch đại thành công với kích thước tương ứng là khoảng 450 và 380bp. Sau khi xử lý dữ liệu giải trình tự bằng phần mềm BioEdit, thu được đoạn trình tự có chiều dài 444 và 374bp tương ứng với gen *cox1* và *12S* rRNA.

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

Tên gen	Trình tự các cặp mồi	Kích thước (bp)	Tài liệu tham khảo
cox1	JB3: 5'-TTTTTTGGGCATCCTGAGGTTTAT-3'	~ 450	Bowles & cs. (1992)
	JB4.5: 5'-TAAAGAAAGAACATAATGAAAATG-3'		
12S rRNA	P60F: 5'-TTAAGATATATGTGGTACAGGATTAGATACCC-3'	~ 380	Dinkel & cs. (1998)
	P375R: 5'-AACCGAGGGTGACGGGCGGTGTGTACC-3'		

So sánh với các trình tự trên ngân hàng gen cho thấy trình tự gen *cox1* thu được có độ tương đồng nucleotide đạt 100% với các trình tự mang mã số MW316681, MW323443, MW336933 và MN478491. Bên cạnh đó, trình tự gen *12S* rRNA cũng có độ tương đồng nucleotide đạt 100% với các trình tự có mã số AB027135 và FJ608745. Ngoài ra, dựa trên phân tích cây phát sinh loài (Hình 1A và B), mẫu sán dây trong nghiên cứu được định danh là *Taenia hydatigena*. Hai trình tự thu được từ nghiên cứu này đã được nộp lên Ngân hàng Gen (GenBank) và được cấp mã số truy cập PZ142488 đối với gen *cox1* và PZ195890 đối với gen *12S* rRNA.



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

Hình 1A. Cây phát sinh loài của *Taenia hydatigena* được xây dựng dựa vào trình tự các đoạn gen *cox1* sử dụng thuật toán Maximum likelihood với 1.000 lần lặp lại trên phần mềm MEGA X



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

Hình 1B. Cây phát sinh loài của *Taenia hydatigena* được xây dựng dựa vào trình tự các đoạn gen *12S* rRNA sử dụng thuật toán Maximum likelihood với 1.000 lần lặp lại trên phần mềm MEGA X

3.2. Phân tích mạng lưới haplotype và các chỉ số đa dạng di truyền của *Taenia hydatigena* dựa vào đoạn gen *cox1*

Trong tổng số 100 trình tự đoạn gen *cox1* có chiều dài 294 nucleotide được đưa vào phân tích, xác định được 13 haplotype với 144 vị trí đa hình (Bảng 2, Hình 2A và B). Nhìn chung, các haplotype (Hap) được chia thành 2 cụm chính, trong đó Hap_3 chiếm ưu thế với số lượng các trình tự là cao nhất (gồm có 74 trình tự, trong đó có trình tự thu được từ nghiên cứu này,

chiếm 74,00%); cụm haplotype chính thứ 2 gồm có 11 trình tự là Hap_01 (chiếm 11,00%). Bên cạnh đó, sự tồn tại của một vài haplotype biệt lập với số lượng mẫu ít hơn (hap_2 và hap_13). Mạng lưới haplotype quan sát được có cấu trúc hình sao với Hap_1 ở vị trí trung tâm và các haplotype khác liên kết xung quanh.

Đáng chú ý, các haplotype không cho thấy tính đặc hiệu rõ ràng theo vật chủ, hap_3 bao gồm các trình tự phân lập từ 6/7 loài vật chủ được đưa vào phân tích (Hình 2A). Đồng thời haplotype này cũng cho thấy các trình tự có nguồn gốc từ nhiều vùng địa lý khác nhau (3/4 châu lục) (Hình 2B).

Phân tích các chỉ số đa dạng di truyền cho thấy quần thể *T. hydatigena* có đa dạng haplotype ở mức trung bình thấp (Hd = 0,442), cho thấy xác suất hai trình tự bất kỳ khác nhau về haplotype không cao; đồng thời đa dạng nucleotide ở mức trung bình (π = 0,020); giá trị K = 5,960 cho thấy số sai khác nucleotide trung bình giữa các trình tự chỉ khoảng 5-6 nucleotide.

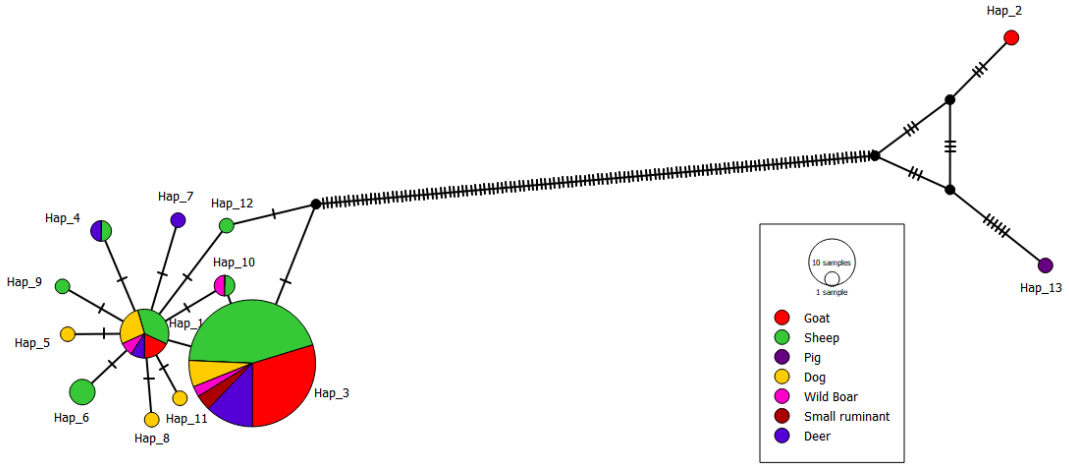
3.3. Phân tích mạng lưới haplotype và các chỉ số đa dạng di truyền của *Taenia hydatigena* dựa vào đoạn gen *12S* rRNA

Tổng số 104 trình tự từ đoạn gen *12S* rRNA có độ dài 281bp được đưa vào phân tích đã xác định được 49 haplotype (H) với 99 vị trí đa hình (S) (Bảng 3). Mạng lưới haplotype cho thấy sự tồn tại của hai cụm di truyền chính: cụm thứ nhất tập trung quanh haplotype trung tâm (Hap_1) và các haplotype xung quanh tạo thành cấu trúc hình sao. Trong đó hap_1 chủ yếu bao gồm các mẫu từ cừu (38/104 trình tự, chiếm 36,5%) và dê (14/104, chiếm 13,5%) và có 1 trình tự phân lập từ chó và đó là trình tự thu được từ nghiên cứu này; cụm thứ hai bao gồm chủ yếu các mẫu từ chó. Hai cụm di truyền này cách biệt bởi khoảng cách đột biến lớn (Hình 3).

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

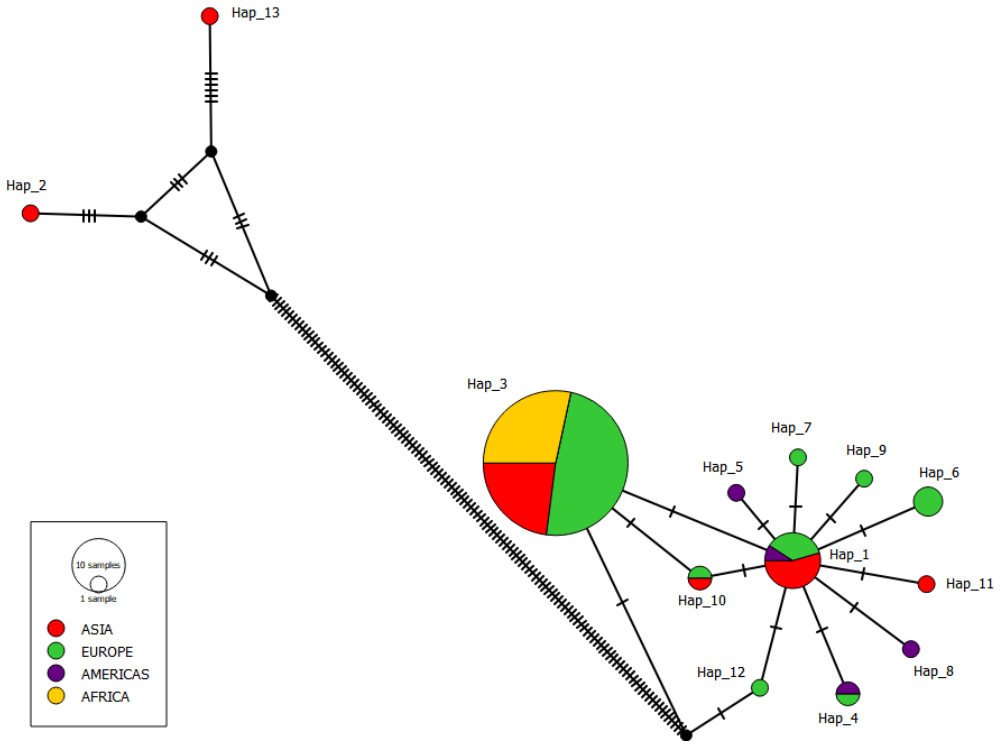
N	S	H	p (p)	Hd	K
100	144	13	0,020	0,442	5,960

Ghi chú: N: Số lượng trình tự; S: Số vị trí đa hình; H: Số lượng haplotype; p: Đa dạng nucleotide; 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 theo vật chủ của từng trình tự được phân tích.

Hình 2A. Mạng lưới haplotype của *Taenia hydatigena* được xây dựng từ các trình tự một phần của gen *cox1* (294bp)



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

Hình 2B. Mạng lưới haplotype của *Taenia hydatigena* được xây dựng từ các trình tự một phần của gen *cox1* (294bp)

Bảng 3. Các chỉ số đa dạng di truyền của *Taenia hydatigena* dựa trên trình tự nucleotide gen *12S* rRNA thu được trong nghiên cứu hiện tại và từ các nghiên cứu đã công bố trên ngân hàng gen

N	S	H	p (p)	Hd	K
104	99	49	0,068	0,863	19,01

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

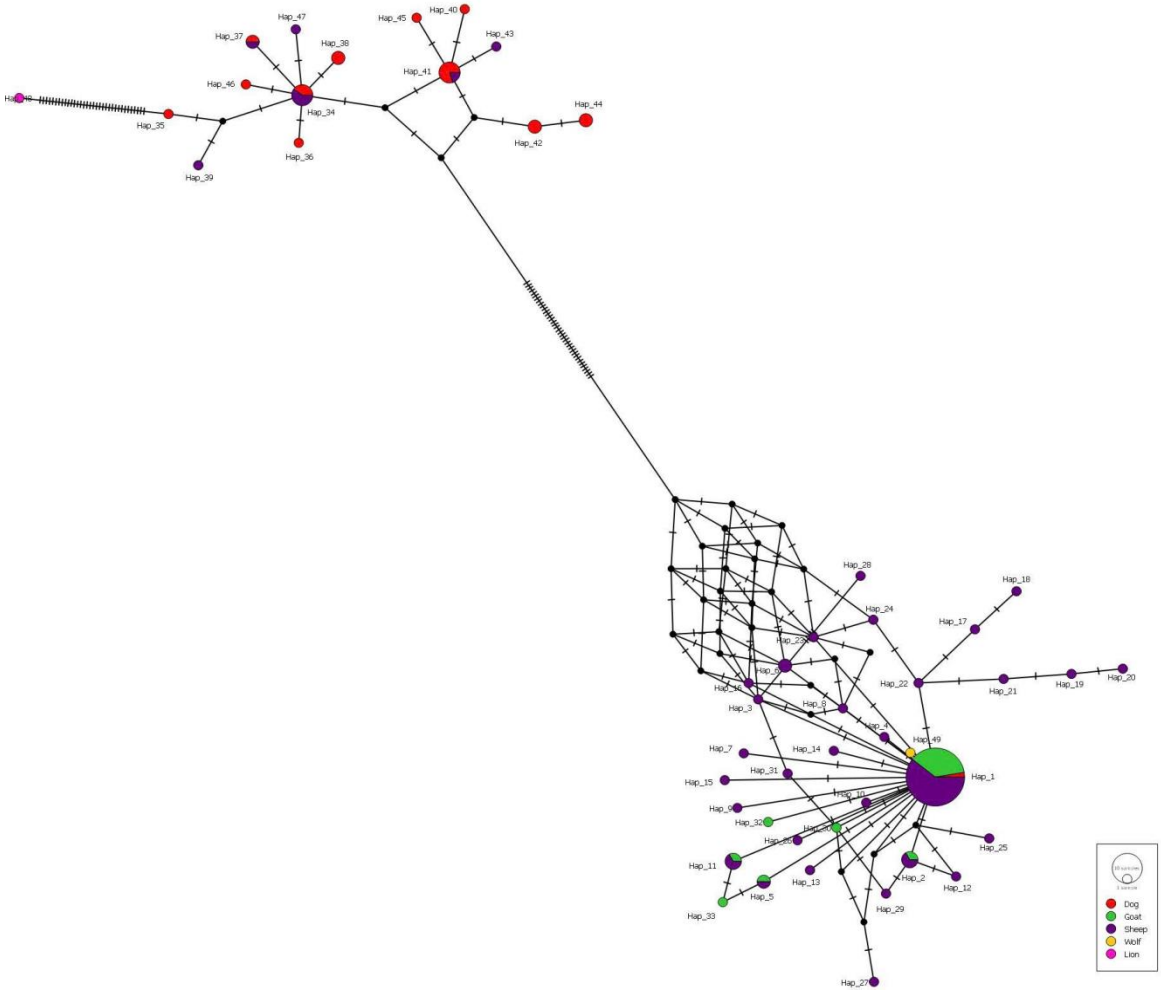
Phân tích các chỉ số đa dạng di truyền cho thấy, đa dang haplotype cao (Hd = 0,863), trong khi đa dạng nucleotide ở mức tương đối cao (π = 0,068) cho thấy mức độ sai khác trung bình đáng kể giữa các trình tự. Điều này được củng cố thêm nhờ giá trị K (K = 19,01) - số lượng nucleotide sai khác trung bình giữa hai trình tự bất kỳ là 19,01 nucleotide.

4. THẢO LUẬN

Taenia hydatigena là một trong số các loài sán dây phân bố rộng rãi trên thế giới. Vòng đời phát triển phức tạp với sự tham gia của vật chủ chính là các động vật ăn thịt thuộc họ Canidae và vật chủ trung gian là các động vật có xương sống như động vật nhai lại, lợn, đôi khi gặp cả ở ngựa (Nguyen & cs., 2016; Taylor & cs., 2007; Abbas & cs., 2021). Mặc dù không thuộc nhóm ký sinh trùng truyền lây từ động vật sang người, sán dây này đã gây thiệt hại kinh tế đáng kể cho các quốc gia chăn nuôi dê và cừu phát triển ((Wondimu & cs., 2011; Scala & cs., 2015). Ở Việt Nam, *T. hydatigena* được báo cáo ở chó với tỷ lệ nhiễm là 4,99, 10,31 và 35,14% (Nguyễn Thị Kim Lan & cs., 2011; Ng-Nguyen

& cs., 2021). Khác với nhiều quốc gia trên thế giới, vật chủ trung gian của *T. hydatigena* ở Việt Nam là lợn và trâu, bò. Tỷ lệ phát hiện ấu trùng *C. tenuicollis* ở các vật chủ này từ 7,6 - 25,12% (Nguyễn Thị Kim Lan & cs., 2011; Nguyen & cs., 2016; Ng-Nguyen & cs., 2021). Mặc dù một vài nghiên cứu về *T. hydatigena* ở Việt Nam đã được tiến hành, tuy nhiên những dữ liệu về phân tử của *T. hydatigena* ở khu vực này còn hạn chế. Trong nghiên cứu này chúng tôi chỉ thu thập được một sán dây trưởng thành và hai đánh dấu ty thể là *cox1* và *12S* rRNA đã được sử dụng để định danh và đánh giá đặc điểm di truyền của *T. hydatigena* từ trình tự phân lập được với các trình tự thu thập được từ ngân hàng gen. Các trình tự thu được từ nghiên cứu này đã được nộp lên ngân hàng gen, làm dữ liệu tham khảo cho các nghiên cứu kế cận.

Trong số các chỉ thị phân tử ty thể được sử dụng để định danh cũng như đánh giá đặc điểm di truyền, *cox1* được sử dụng khá phổ biến trong các nghiên cứu. Tính đến tháng 11 năm 2020 có khoảng 20 trong số 30 nghiên cứu sử dụng chỉ thị này để định danh và đánh giá đặc điểm di truyền của *T. hydatigena* (Abbas & cs., 2021). Số lượng các trình tự gen *cox1* được đưa vào phân tích dao động từ 2 đến 100, với số lượng haplotype được xác định từ 2, 4, 8 và 9 tuỳ theo mỗi nghiên cứu. Đối với gen *12S* rRNA, có 2/30 nghiên cứu sử dụng và một trong số đó xác định 6 haplotype khi sử dụng chỉ thị này (Abbas & cs., 2021).



Ghị 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 3. Mạng lưới haplotype của *Taenia taeniaeformis* được xây dựng từ các trình tự một phần của gen *nad1* (281bp)

Số lượng haplotype và các chỉ số đa dạng di truyền phụ thuộc đáng kể vào số lượng trình tự đưa vào phân tích và độ dài đoạn trình tự sử dụng (Yanagida & cs., 2012; Romig & cs., 2015). Trong nghiên cứu này, 13 và 49 haplotype đã được xác định tương ứng với số lượng trình tự gen *cox1* và *12S* rRNA là 100 và 104, độ đài đoạn trình tự tương ứng là 294 và 281 bp. Từ kết quả phân tích ở trên cho thấy, các chỉ số di truyền như số lượng haplotype (H), đa dạng haplotype (Hd), đa dạng nucleotide (π), số sai khác nucleotide trung bình (K) khi sử dụng gen *12S* rRNA để phân tích đều cao hơn so với gen *cox1*. Điều này chứng tỏ gen *12S* rRNA thể hiện mức độ biến dị di truyền cao hơn so với gen *cox1*. Kết quả này tương đồng với các nghiên cứu của Rostami & cs. (2015) và Abbas & cs. (2021).

Mặc dù không có đầy đủ thông tin trình tự của sán dây này phân lập từ các loài vật chủ, đặc biệt là lợn và trâu, bò, tuy nhiên khi phân tích mạng lưới haplotype của *T. hydatigena* dựa vào gen *cox1* thấy: không có tính đặc hiệu rõ ràng theo vật chủ, cùng một haplotype có thể xuất hiện các trình tự có nguồn gốc từ nhiều loài vật chủ khác nhau (Hình 2A). Điều này phản ánh phạm vi vật chủ rộng lớn của *T. hydatigena*, phù hợp với chu trình sinh học của sán dây này. Tuy nhiên, khi sử dụng gen *12S* rRNA cho kết quả ngược lại, đa phần các trình tự phân lập từ chó có khoảng cách đột biến rất xa với các trình tự có nguồn gốc từ các loài vật chủ trung gian như cừu và dê (Hình 3). Kết quả này có đặc điểm tương đồng với nghiên cứu của Ohiolei & cs. (2021) khi ông tìm thấy một nhóm haplotype bao gồm đa số các trình tự phân lập từ chó và nhóm còn lại chứa đa số các trình tự phân lập từ cừu, có thể gợi ý xu hướng liên kết giữa kiểu gen ký sinh trùng với vật chủ hoặc sự phân hoá quần thể liên quan đến vật chủ, mặc dù chưa đủ bằng chứng để khẳng định tính đặc hiệu vật chủ. Kết quả này một lần nữa chứng minh gen *12S* rRNA thể hiện mức độ biến dị di truyền cao hơn so với gen *cox1*.

Bên cạnh đó, khi phân tích mạng lưới haplotype của *Taenia hydatigena* theo khu vực địa lý, các haplotype không có sự phân tách rõ ràng, một haplotype mang các trình tự có nguồn gốc từ nhiều khu vực (châu Á, châu Âu và châu Phi), hoặc một haplotype đóng vai trò là một nút trung gian quan trọng kết nối nhiều haplotype vệ tinh có nguồn gốc địa lý khác nhau (Hình 3). Điều này có thể liên quan đến sự di chuyển, buôn bán động vật và các hoạt động chăn nuôi, góp phần làm lan truyền ký sinh trùng giữa các khu vực (Rostami & cs., 2015; Giannelli & cs., 2024).

Ohiolei & cs. (2021) cho rằng: có thể tồn tại một haplotype trung tâm hoặc một haplotype phân bố rộng của *T. hydatigena* vẫn chưa rõ ràng. Kết quả trong nghiên cứu sử dụng các trình tự có nguồn gốc từ nhiều loài vật chủ và nhiều khu vực địa lý khác nhau cho thấy sự tồn tại của một haplotype trung tâm với nhiều haplotype xung quanh giống cấu trúc hình sao giống như trong nghiên cứu của Boufana & cs. (2015). Cấu trúc dạng hình sao này gợi ý sự mở rộng quần thể gần đây từ một haplotype tổ tiên chung, với quá trình tích luỹ các đột biến thứ cấp theo thời gian. Sự hiện diện của nhiều haplotype đơn lẻ xung quanh haplotype trung tâm cũng phản ánh mức độ đa dạng di truyền cao, phù hợp với chỉ số Hd và π đã phân tích (Bảng 2 và 3). Tuy nhiên, chúng tôi quan sát thấy có một vài haplotype có khoảng cách rất xa với cụm haplotype chính (gen *cox1*) và các haplotype được tạo thành từ các trình tự được phân lập từ chó (gen 12S rRNA), các trình tự này đều có nguồn gốc từ châu Á. Điều này phản ánh có thể có hai cụm haplotype riêng biệt đang tồn tại của *T. hydatigena*, nguyên nhân có thể do sự vắng mặt của dòng gen giữa hai nhóm, dẫn đến sự phân hoá di truyền (Ohiolei & cs., 2021).

5. KẾT LUẬN

Nghiên cứu đã bổ sung dữ liệu về định danh phân tử sán dây *Taenia hydatigena* ký sinh ở chó tại Việt Nam thông qua hai chỉ thị phân tử *cox1* và *12S* rRNA. Kết quả phân tích đặc điểm di truyền dựa trên hai chỉ thị này cho thấy *T. hydatigena* có mức độ đa dạng di truyền tương đối cao, trong đó gen *12S* rRNA biểu hiện mức độ biến dị lớn hơn so với gen *cox1*. Ngoài ra, nghiên cứu cũng ghi nhận khả năng tồn tại hai cụm haplotype riêng biệt, gợi ý sự phân hoá di

truyền của loài này. Tuy nhiên, cần có thêm các nghiên cứu với số lượng mẫu lớn hơn (đặc biệt ở Việt Nam), từ nhiều khu vực địa lý và vật chủ khác nhau để xác nhận giả thuyết này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Abbas I., El-Alfy E-S., Janecek-Erfurth E. & Strube C. (2021). Molecular characterization of *Cysticercus enuicollis* isolates from sheep in the Nile Delta, Egypt and a review on *Taenia hydatigena* infections worldwide. Parasitology. 148: 913-933.

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

Boufana B., Scala A., Lahmar S., Pointing S., Craig P.S., Dessì G., Zidda A., Pipia A.P. & Varcasia A. (2015) A preliminary investigation into the genetic variation and population structure of *Taenia hydatigena* from Sardinia, Italy. Veterinary Parasitology. 214: 67-74.

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.

Dinkel A., von Nickisch-Rosenegk M., Bilger B., Merli M., Lucius R. & Romig T. (1998). Detection of *Echinococcus multilocularis* in the definitive host: Coprodiagnosis by PCR as an alternative to necropsy. Journal of Clinical Microbiology. 36(7): 1871-1876.

Edwards G.T. & Herbert I.V. (1981). Some quantitative characters used in the identification of *Taenia hydatigena*, *T. ovis*, *T. pisiformis* and *T. multiceps* adult worms, and *T. multiceps* metacestodes. Journal of Helminthology. 55(1): 1-8.

El-Beskawy M., Felefel W. & Elkamshishi M.M. (2021). *Taenia hydatigena* from natural infection in small ruminants to experimentally infected dogs in Egypt. Advances and Animal Veterinary Sciences. 9(10): 1732-1738.

Giannelli A., Schnyder M., Wright I. & Charlier J. (2024). Control of companion animal parasites and impact on One Health. One Health. 18.

Huan L.V. (1994). Giun sán ký sinh ở một số tỉnh phía Nam và biện pháp phòng ngừa. Luận án tiến sĩ. Viện Thú y Quốc gia.

Jibat T., Ejeta G., Asfaw Y. & Wudie A. (2008). Causes of abattoir condemnation in apparently healthy slaughtered sheep and goats at HELMEX abattoir, Debre Zeit, Ethiopia. Revue de Médecine Vétérinaire. 159(5): 305.

Karakoc S., Kesik H.K., Celik F., Selcuk M.A., Kilinc S.G. & Simsek S. (2024). Genetic diversity and haplotypes of *Cysticercus tenuicollis* isolates from slaughtered sheep and goats in Elazig and Bingol provinces of Turkey. Veterinary Medicine and Science. 10: e1411.

Karamon J., Sroka J., Dąbrowska J., Bilska-Zając E., Zdybel J., Kochanowski M., Różycki M. & Cencek T. (2019). First report of *Echinococcus multilocularis* in cats in Poland: a monitoring study in cats and dogs from a rural area and animal shelter in a highly endemic region. Parasites and Vectors. 12: 313.

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., Haukisalmi V., Deksne G., Holmala K., Lejeune M., Isomursu M., Jokelainen P., Näreaho A., Laakkonen J. & Hoberg E. (2013). Molecular identification of *Taenia* spp. in the Eurasian lynx (*Lynx lynx*) from Finland. Parasitology. 140(5): 653-662.

Li W.H., Jia W.Z., Qu Z.G., Xie Z.Z., Luo J.X., Yin H., Sun X.L., Blaga R. & Fu B.Q. (2013). Molecular characterization of *Taenia multiceps* isolates from Gansu province, China by sequencing of mitochondrial cytochrome *C* oxidase subunit 1. The Korean Journal of Parasitology. 51(2): 197.

Liu G.H., Li C., Li J. Y., Zhou D.H., Xiong R.C., Lin R.Q., Zou F.C. & Zhu X.Q. (2012). Characterization of the complete mitochondrial genome sequence of *Spirometra erinaceieuropaei* (Cestoda: Diphyllobothriidae) from China. International Journal of Biological Sciences. 8(5): 640.

Morais D.F.D., Vilela V.L.R., Feitosa T.F., Santos V.M.D., Gouveia V.R., Athayde A.C.R. & Azevêdo S.S.D. (2017). Prevalence and risk factors for *Cysticercus tenuicollis* in goats and sheep in Paraíba, northeastern Brazil. Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária. 26: 235-238.

Nguyen M.T.T., Gabriël S., Abatih E.N. & Dorny P. (2016). A systematic review on the global occurrence of *Taenia hydatigena* in pigs and cattle. Veterinary Parasitology. 226: 97-103.

Nguyễn Phi Bằng, Nguyễn Hồ Bảo Trân & Nguyễn Hữu Hưng. (2018). Đặc điểm hình thái học và sinh học phân tử của loài sán dây chủ yếu gây tác hại trên chó tại một số tỉnh Đồng bằng sông Cửu Long. Tạp chí khoa học trường Đại học Cần Thơ. 54(6B): 49-56.

Nguyễn Thị Kim Lan, Nguyễn Thị Quyên & Phạm Công Hoạt (2011). Xác định tương quan giữa tỷ lệ nhiễm sán dây *Teania hydatigena* trưởng thành ở

chó và tỷ lệ nhiễm ấu sán *Cysticercus tenuicollis* ở trâu, bò, lợn - thử nghiệm thuốc tẩy sán dây cho chó. Tạp chí Khoa học Kỹ thuật Thú y. 28(6): 60-65.

Ng-Nguyen D., Nguyen T.V., Nguyen T.V., Nguyen H.Q. & Nguyen V.A.T. (2021). Prevalence and risk factors of *Taenia hydatigena* in dogs, pigs, and cattle in the Central Highlands of Vietnam. Parasitology Research. 120: 3245-3253.

Oryan A., Goorgipour S., Moazeni M. & Shirian S. (2012). Abattoir prevalence, organ distribution, public health and economic importance of major metacestodes in sheep, goats and cattle in Fars, southern Iran. Tropical Biomedicine. 29: 349-359.

Ohiolei J.A., Yan H.B., Li L., Li W.H., Wu Y.D., Alvi M.A., Zhang N. Z., Fu B.Q., Wang X.L. & Jia W.Z. (2021). A new molecular nomenclature for *Taenia hydatigena*: mitochondrial DNA sequences reveal sufficient diversity suggesting the assignment of major haplotype divisions. Parasitology. 148: 311-326.

Pallas P.S. (1766). Elenchus Zoophytorum. Francofurt: Varrentrapp.

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., Babaei Z., Sharbatkhori M. & Harandi M.F. (2015). Genetic variability of *Taenia saginata* inferred from mitochondrial DNA sequences. Parasitology Research. 114: 1365-1376.

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.

Scala A., Urrai G., Varcasia A., Nicolussi P., Mulas M., Goddi L., Pipia A.P., Sanna G., Genchi M. & Bandino E. (2016). Acute visceral cysticercosis by *Taenia hydatigena* in lambs and treatment with praziquantel. Journal of Helminthology. 90: 113-116.

Scala A., Pipia A. P., Dore F., Sanna G., Tamponi C., Marrosu R., Bandino E., Carmona C., Boufana B. & Varcasia A. (2015). Epidemiological updates and economic losses due to *Taenia hydatigena* in sheep from Sardinia, Italy. Parasitology Research. 114: 3137-3143.

Soulsby E.J.L. (1982). Helminths, Arthropods and Protozoa of Domesticated Animals, 7th edn. Baillière Tindall, London. 809pp.

Taylor M.A., Coop R.L. & Wall R.L. (2007). Veterinary Parasitology, 3rd Ed. Black Well Science Ltd, Iowa, USA. pp. 210-211.

Verster A. (1979). Gastro-intestinal helminths of domestic dogs in the Republic of South Africa. Onderstepoort Journal of Veterinary Research. 46(2): 79-82.

Wondimu A., Abera D. & Hailu Y. (2011). A study on the prevalence, distribution and economic importance of *Cysticercus tenuicollis* in visceral organs of small ruminants slaughtered at an abattoir in Ethiopia. Journal of Veterinary Medicine and Animal Health. 3: 67-74.

Wakid M.H. & Alsulami M.N. (2022). Genotyping of *Taenia hydatigena* isolated from sheep and goats in KSA based on *cox1* gene. Saudi Journal of Biological Sciences. 29: 1270-1275.

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.