



p-ISSN 2815-648X
p-ISSN 1859-4611
e-ISSN 3030-4717

Tạp chí

KHOA HỌC TÂY NGUYÊN

Tay Nguyen Journal of Science

SÁNG TẠO - CHẤT LƯỢNG - HỘI NHẬP



Vol 20 • No 3, June of 2026

TẠP CHÍ KHOA HỌC TÂY NGUYÊN

TỔNG BIÊN TẬP

PGS.TS. Lê Đức Niêm

PHÓ TỔNG BIÊN TẬP

PGS.TS. Nguyễn Văn Nam

CHỦ TỊCH HỘI ĐỒNG

GS.TS. Nguyễn Anh Dũng

ỦY VIÊN

GS.TS. San-Lang Wang	I Đại học Tamkang, Đài Loan
GS.TS. Lê Thị Thanh Nhân	I Bộ Giáo Dục và Đào tạo
GS.TS. Trương Bá Thanh	I Trường Đại học Kinh tế, Đại học Đà Nẵng
GS.TS. Lê Đức Ngoan	I Trường Đại học Nông lâm, Đại học Huế
GS.TS. Đinh Quang Khiếu	I Trường Đại học Khoa học, Đại học Huế
GS.TS. Đặng Tuấn Đạt	I Trường Đại học Y Dược Buôn Ma Thuật
PGS.TS. Đặng Hà Việt	I Cục Thể dục Thể thao, Bộ Văn hóa Thông tin và Du lịch
PGS.TS. Đoàn Thị Tâm	I Trường Đại học Sư Phạm Thành phố Hồ Chí Minh
PGS.TS. Buôn Krông Thị Tuyết Nhung	I Trường Đại học Tây Nguyên
PGS.TS. Nguyễn Phương Đại Nguyên	I Trường Đại học Tây Nguyên
PGS.TS. Nguyễn Thị Thanh Hương	I Trường Đại học Tây Nguyên
PGS.TS. Trần Quang Hạnh	I Trường Đại học Tây Nguyên
PGS.TS. Phan Văn Trọng	I Trường Đại học Tây Nguyên

TRƯỞNG BAN THƯ KÝ - PHỤ TRÁCH TRỊ SỰ

TS. Nguyễn Đình Sỹ I Phòng KH&QHQT

THÀNH VIÊN BAN THƯ KÝ

CN. Y Zina Ksor	I Phòng KH&QHQT
ThS. Trần Thị Minh Hà	I Phòng KH&QHQT
KS. Lê Thụy Vân Nhi	I Phòng KH&QHQT
TS. Dương Quốc Huy	I Khoa KHTN&CN

ĐỊA CHỈ TÒA SOẠN

Phòng Khoa học & Quan hệ Quốc tế, trường Đại học Tây Nguyên

567 Lê Duẩn, phường Ea Kao, tỉnh Đắk Lắk, Việt Nam

Điện thoại: (84) 262.3853.276 Fax: (84) 262.3825.184

E-mail: tapchikhoahocdhtn@ttn.edu.vn | Website: <https://tnjos.vn>

p-ISSN 1859-4611 & 2815-648X/ e-ISSN 3030-4717

Giấy phép hoạt động báo chí in số 197/GP-BTTTT,
do Bộ trưởng Bộ Thông tin và Truyền thông cấp ngày 06/6/2023
In 50 quyển, khổ 20x29cm. In tại Công ty TNHH một thành viên In Đắk Lắk,
45 Nguyễn Tất Thành, phường Tân An, tỉnh Đắk Lắk.
In xong và nộp lưu chiểu tháng 06 năm 2026.

THỂ LỆ VIẾT BÀI

1. QUY ĐỊNH VỀ VIỆC GỬI BÀI

Bài viết gửi đến Tạp chí Khoa học Tây Nguyên phải đảm bảo chưa từng được công bố hoặc gửi xét duyệt tại bất kỳ tạp chí, hội thảo hay ấn phẩm thông tin nào khác. Tạp chí chấp nhận bài viết bằng hai ngôn ngữ: **tiếng Việt** và **tiếng Anh**, tùy thuộc vào đối tượng nghiên cứu và phạm vi tiếp cận của tác giả. Tác giả cần đảm bảo rằng nội dung bài viết tuân thủ đúng chuẩn mực đạo đức khoa học, không vi phạm các quy định về đạo văn hay sở hữu trí tuệ.

2. YÊU CẦU VỀ NỘI DUNG BÀI VIẾT

Nội dung bài viết cần đảm bảo tính cô đọng và súc tích, nêu bật được những kết quả nghiên cứu chính yếu. Tạp chí chỉ xét duyệt những bài viết có cấu trúc rõ ràng và phù hợp với tiêu chuẩn của từng loại hình bài báo. Tạp chí Khoa học Tây Nguyên đặc biệt hoan nghênh hai loại bài viết chính như sau:

a. Bài báo nghiên cứu (Research Article):

Là bài viết trình bày kết quả chi tiết của một nghiên cứu nguyên gốc, đóng góp vào lĩnh vực khoa học tương ứng. Cấu trúc chính gồm: **Tóm tắt (Abstract)**: Giới thiệu ngắn gọn mục tiêu, phương pháp, kết quả và kết luận. **Giới thiệu (Introduction)**: Trình bày bối cảnh, tầm quan trọng và mục tiêu nghiên cứu. **Vật liệu và Phương pháp (Materials and Methods)**: Mô tả chi tiết vật liệu (dụng cụ, hóa chất, dữ liệu...) và phương pháp thực hiện để đảm bảo người đọc có thể tái hiện lại. **Kết quả và Thảo luận (Results and Discussion)**: Trình bày kết quả qua số liệu, biểu đồ và đánh giá ý nghĩa, so sánh với các nghiên cứu trước. **Kết luận (Conclusion)**: Tóm tắt kết quả chính và đề xuất hướng nghiên cứu hoặc ứng dụng tiếp theo. **Tài liệu tham khảo (References)**: Danh sách tài liệu trích dẫn theo tiêu chuẩn của tạp chí. Bài báo phải minh bạch, đảm bảo tính khoa học và đóng góp giá trị cho cộng đồng học thuật.

b. Bài viết tổng quan (Review Article):

Bài viết tổng quan tập trung vào việc **tổng hợp và đánh giá** các nghiên cứu đã được công bố, đồng thời phản ánh xu hướng nghiên cứu hoặc các vấn đề đang được cộng đồng quan tâm. Tác giả cần trình bày một cách khách quan, có hệ thống và đảm bảo các quan điểm đưa ra được hỗ trợ bởi bằng chứng khoa học rõ ràng. Phần tổng quan nên cung cấp cái nhìn bao quát về chủ đề, chỉ ra những khoảng trống cần được khai thác trong tương lai.

3. YÊU CẦU VỀ ĐỊNH DẠNG BÀI VIẾT

Bài viết cần được trình bày theo đúng quy định về định dạng của tạp chí trên **khổ giấy A4**, tối đa **10 trang**, và tuân thủ các quy cách sau: **Font chữ**: Times New Roman, cỡ chữ 11, giãn dòng đơn. **Lề**: Trên 2 cm, dưới 2 cm, trái 3 cm, phải 2 cm. **Công thức toán học**: Sử dụng **MS Equation** hoặc **MathType** (đặc biệt cho bài thuộc lĩnh vực Toán học và Vật lý). **Hình ảnh và biểu đồ**: Khuyến khích dùng Word Picture để dễ dàng chỉnh sửa. Việc tuân thủ các yêu cầu này giúp đảm bảo sự thống nhất về hình thức và hỗ trợ quá trình biên tập, phản biện được thực hiện nhanh chóng và hiệu quả.

4. THÔNG TIN LIÊN HỆ

Ở cuối bài viết, tác giả hoặc nhóm tác giả cần cung cấp đầy đủ thông tin liên hệ bao gồm: **họ và tên, địa chỉ công tác hoặc nơi làm việc, số điện thoại và email**. Thông tin này giúp tòa soạn và ban biên tập dễ dàng trao đổi, liên hệ trong quá trình phản biện và chỉnh sửa bài viết nếu cần thiết.

5. THÔNG TIN BỔ SUNG VÀ KINH PHÍ PHẢN BIỆN

Tác giả cần tham khảo thêm các quy định chi tiết về **định dạng bài viết, quy trình phản biện và chi phí liên quan** tại mục **Dành cho tác giả** trên trang web chính thức của tạp chí. Tất cả các bài viết sẽ được biên tập và phản biện chặt chẽ với quy trình phản biện hoàn toàn online để đảm bảo chất lượng học thuật cao nhất trước khi xuất bản.



p-ISSN 1859-4611 & 2815-648X/ e-ISSN 3030-4717
TẠP CHÍ KHOA HỌC TÂY NGUYÊN

Địa chỉ: 567 Lê Duẩn, phường Ea Kao, tỉnh Đắk Lắk, Việt Nam
Điện thoại: (+84) 262.385.3276 - Fax: (+84) 262.385.2184
Email: tapchikhoahocdhtn@ttn.edu.vn
Website: www.tnjos.vn

p-ISSN 1859-4611 & 2815-648X/ e-ISSN 3030-4717
TAY NGUYEN JOURNAL OF SCIENCE

Address: 567 Le Duan, Ea Kao ward, Dak Lak province, Viet Nam
Phone: (+84) 262.385.3276 - Fax: (+84) 262.385.2184
Email: tapchikhoahocdhtn@ttn.edu.vn
Website: www.tnjos.vn



TRƯỜNG ĐẠI HỌC TÂY NGUYÊN
TAY NGUYEN UNIVERSITY

Tạp chí **KHOA HỌC TÂY NGUYÊN**

Tay Nguyen Journal of Science

p-ISSN 1859-4611 & 2815-648X/ e-ISSN 2815-6471

Tập 20 - Số 3, tháng 06 năm 2026
Vol 20 - No 3, June of 2026

MỤC LỤC	TABLE OF CONTENTS	Tr./ pp.
KHOA HỌC NÔNG LÂM NGHIỆP	AGRICULTURAL AND FORESTRY SCIENCES	
1. Tổng quan vai trò của hệ vi sinh vật đối với sức khỏe đất <i>Trần Thị Biên Thùy & Nguyễn Văn Minh</i>	The role of microorganisms in soil health: An overview <i>Tran Thi Bien Thuy & Nguyen Van Minh</i>	1
2. Đặc điểm miền chức năng và biến thiên trình tự protein NANB của <i>Pasteurella multocida</i> type D phân lập từ trâu tại tỉnh Đắk Lắk và so sánh với các chủng type B <i>Nguyễn Văn Thái, Trinh Thị Thu Hằng, Nguyễn Ngọc Đình, Nguyễn Văn Trọng & Vũ Khắc Hùng</i>	Functional domain characteristics and sequence variation of the NANB protein of <i>Pasteurella multocida</i> type D isolated from buffaloes in Dak Lak province and comparison with type B strains <i>Nguyen Van Thai, Trinh Thi Thu Hang, Nguyen Ngoc Dinh, Nguyen Van Trong & Vu Khac Hung</i>	15
3. Ảnh hưởng của nồng độ dung dịch và chu kỳ phun đến sinh trưởng của khoai tây (<i>Solanum tuberosum</i> L.) trồng khí canh trong điều kiện nhà màng tại Trường Đại học Tây Nguyên <i>Nguyễn Tuấn, Lê Minh Tân, Nguyễn Hữu Kiên & Chung Như Anh</i>	Effects of nutrient solution concentration and spraying interval on the growth of aeroponically grown potato (<i>Solanum tuberosum</i> L.) under greenhouse conditions at Tay Nguyen University <i>Nguyen Tuan, Le Minh Tan, Nguyen Huu Kien & Chung Như Anh</i>	27
KHOA HỌC TỰ NHIÊN VÀ CÔNG NGHỆ	NATURAL SCIENCES AND TECHNOLOGY	
4. Ảnh hưởng của nhiệt độ và thời gian xử lý nhiệt đến chất lượng cau (<i>Areca catechu</i> L.) sấy khô tại tỉnh Đắk Lắk <i>Trần Thị Thắm Hà, Nguyễn Thị Thoa, Trần Thị Hoàng Anh, Phạm Văn Thao, Võ Thị Thùy Dung, Trương Minh Hằng, Nguyễn Thị Kim Oanh, Nguyễn Thị Thu Thủy, Phan Thanh Bình, Nguyễn Đình Sỹ & Trần Văn Cường</i>	Effects of heat treatment temperature and time on the quality of dried <i>Areca catechu</i> L. nut in Dak Lak province <i>Tran Thi Tham Ha, Nguyen Thi Thoa, Tran Thi Hoang Anh, Pham Van Thao, Vo Thi Thuy Dung, Truong Minh Hang, Nguyen Thi Kim Oanh, Nguyen Thi Thu Thuy, Phan Thanh Binh, Nguyen Dinh Sy & Tran Van Cuong</i>	34
5. Khảo sát pha trễ của quá trình ngưng tụ sợi amyloid – beta bằng mô hình điểm mạng <i>Phạm Ngọc Hà, Nguyễn Thị Mai Trâm & Phùng Nguyễn Thái Hằng</i>	Investigation of the lag phase in amyloid-beta aggregation using a lattice model <i>Phạm Ngọc Hà, Nguyễn Thị Mai Trâm & Phùng Nguyễn Thái Hằng</i>	43
KHOA HỌC SỨC KHỎE	HEALTH SCIENCES	
6. Đặc điểm rối loạn thông khí trên hô hấp ký và các yếu tố liên quan ở bệnh nhân bệnh phổi mạn tính tại Bệnh viện Trường Đại học Tây Nguyên năm 2025 <i>Tổng Nguyễn Bình & Trương Thị Thúy Trinh</i>	Characteristics of ventilatory disorders and associated factors in patients with chronic respiratory disease at Tay Nguyen University's Hospital in 2025 <i>Tong Nguyen Binh & Truong Thi Thuy Trinh</i>	56
7. Tương tác giữa tế bào u và vi mô trường khối u: vai trò của TILs trong cơ chế miễn dịch ở các phân nhóm phân tử ung thư vú <i>Nguyễn Thị Hoàng An, Trần Thị Bích Dân, Lê Thị Thùy Ngân, Trần Thị Thanh Nhân & Nguyễn Công Tâm</i>	Interaction between tumor cells and the tumor microenvironment: the role of TILs in immune mechanisms in molecular subtypes of breast cancer <i>Nguyen Thi Hoang An, Tran Thi Bich Dan, Le Thi Thuy Ngan, Tran Thi Thanh Nhan & Nguyen Cong Tam</i>	62

KHOA HỌC XÃ HỘI VÀ NHÂN VĂN	SOCIAL SCIENCES AND HUMANITIES
8. Xây dựng tiến trình dạy học dự án theo tiếp cận Ethno-STEM cho chủ đề “Nhà dài sinh thái và điện mặt trời” <i>Nguyễn Thị Thanh Phương, Phùng Thị Tố Loan, Dương Thị Thanh Dung & Đặng Việt Anh</i>	Developing an Ethno-STEM project-based learning process on the theme “Ecological longhouse and solar power” <i>Nguyen Thi Thanh Phuong, Phung Thi To Loan, Duong Thi Thanh Dung & Dang Viet Anh</i> 69
9. Empirical investigation of Digital Transformation at Prudential Vietnam <i>Thái Thanh Hà</i>	Nghiên cứu thực nghiệm về chuyển đổi số tại Prudential Việt Nam <i>Thai Thanh Ha</i> 78
10. Thực trạng tình hình việc làm sinh viên tốt nghiệp của Trường Đại học Tây Nguyên giai đoạn 2023 – 2025, giải pháp nâng cao tỷ lệ việc làm của sinh viên tốt nghiệp <i>Huỳnh Văn Quốc & Lý Ngọc Tuyên</i>	The current employment situation of graduates from Tay Nguyen University in the 2023 – 2025 period, and proposed solutions to improve graduate employment rates <i>Huynh Van Quoc & Ly Ngoc Tuyen</i> 87
11. Chứng nhận bền vững giúp cải thiện năng suất hay mở rộng quy mô sản xuất? Bằng chứng từ các hệ thống cà phê chứng nhận tại Tây Nguyên, Việt Nam <i>Phan Thị Thúy & Lê Thị Hoàng Oanh</i>	Does sustainability certification improve productivity or expand production scale? Evidence from certified coffee systems in Vietnam’s central highlands <i>Phan Thi Thuy & Le Thi Hoang Oanh</i> 93
12. Tổ chức ngày hội STEM trong các trường phổ thông theo định hướng phát triển năng lực học sinh <i>Đinh Thị Xuân Thảo & Mai Đường Thế Huy</i>	STEM festival organization in general education schools for student competency development <i>Dinh Thi Xuan Thao & Mai Duong The Huy</i> 102

ĐẶC ĐIỂM MIỀN CHỨC NĂNG VÀ BIẾN THIÊN TRÌNH TỰ PROTEIN NANB CỦA PASTEURELLA MULTOCIDA TYPE D PHÂN LẬP TỪ TRÂU TẠI TỈNH ĐẮK LẮK VÀ SO SÁNH VỚI CÁC CHỦNG TYPE B

Nguyễn Văn Thái¹, Trình Thị Thu Hằng², Nguyễn Ngọc Đình¹,
Nguyễn Văn Trọng¹, Vũ Khắc Hùng²

Ngày nhận bài: 05/02/2026; Ngày phản biện thông qua: 20/05/2026; Ngày duyệt đăng: 01/06/2026

TÓM TẮT

Trong bối cảnh dữ liệu phân tử về *Pasteurella multocida* type D phân lập từ trâu tại Đắk Lắk còn hạn chế, nghiên cứu này phân tích protein neuraminidase NanB của một chủng type D, ký hiệu EH32, và so sánh với hai chủng type B gồm PM248 và chủng Iran dùng sản xuất vaccine. Trình tự NanB được rút trích từ dữ liệu giải trình tự toàn hệ gen; dự đoán peptide tín hiệu bằng SignalP-5.0, kiến trúc miền được chú giải bằng InterProScan và biến thiên acid amin được đánh giá bằng căn chỉnh đa trình tự. Kết quả cho thấy NanB của cả ba chủng đều mang peptide tín hiệu Sec/SPI với vị trí cắt bảo tồn tại 25/26 (TFG|QI) và có khung kiến trúc miền sialidase ở nửa đầu chuỗi cùng miền β -barrel autotransporter ở C-terminal. Trong phạm vi so sánh với allele NanB của hai chủng type B PM248/Iran, NanB của EH32 có mức độ đồng nhất tổng thể 87,2% tại các vị trí so sánh trực tiếp, trong đó biến thiên tập trung chủ yếu ở vùng passenger/sialidase (PID 76,2%) kèm các indel ngắn, trong khi vùng autotransporter bảo tồn cao (PID 97,7%). Trong phạm vi dữ liệu của nghiên cứu này, các biến thiên ghi nhận ở NanB của chủng EH32 tập trung chủ yếu tại vùng passenger/sialidase, gợi ý đây là vùng cần ưu tiên đánh giá thêm về chức năng sialidase, tính kháng nguyên và thích nghi niêm mạc bằng mô hình hóa cấu trúc 3D hoặc thí nghiệm chức năng.

Từ khóa: autotransporter; Đắk Lắk, NanB, *Pasteurella multocida*, trâu, sialidase.

1. MỞ ĐẦU

Bệnh tụ huyết trùng do *Pasteurella multocida* (*P. multocida*) gây ra là bệnh truyền nhiễm cấp tính quan trọng trên trâu bò, có thể gây chết nhanh và thiệt hại kinh tế đáng kể, đặc biệt ở các vùng nhiệt đới và cận nhiệt đới (Lestari et al., 2025). Tại Tây Nguyên, trong đó có Đắk Lắk, điều kiện chăn nuôi nông hộ và sự tiếp xúc giữa nhiều loài vật nuôi có thể làm tăng nguy cơ lưu hành các bệnh truyền nhiễm trên đàn gia súc. Đối với bệnh tụ huyết trùng, các yếu tố như điều kiện môi trường, mùa vụ và quản lý đàn được ghi nhận là có liên quan đến nguy cơ phát sinh và lan truyền bệnh ở trâu bò tại các vùng nhiệt đới (De Alwis, 1999; Lestari et al., 2025; WOA, 2021). Vaccine vẫn là biện pháp phòng bệnh chủ lực; tuy nhiên, hiệu quả bảo hộ thay đổi tùy điều kiện sử dụng, loại vaccine, đáp ứng miễn dịch của vật chủ và đặc điểm của các chủng *P. multocida* đang lưu hành tại địa phương (Tesfaye et al., 2025).

P. multocida là vi khuẩn Gram âm có phổ vật chủ rộng, đa dạng về capsular type và mang nhiều yếu tố độc lực tham gia bám dính, xâm nhập, né tránh miễn dịch và thu nhận dinh dưỡng trong cơ thể vật chủ (Ewers et al., 2006). Ở trâu bò, ngoài các chủng thuộc type B và type A thường gắn với

bệnh cảnh điển hình, các chủng type D cũng đã được ghi nhận trong trường hợp viêm đường hô hấp và nhiễm khuẩn huyết, cho thấy sự đa dạng của tác nhân và khả năng tồn tại những biến thể thích nghi khác nhau (Gharibi et al., 2016; Sarangi et al., 2014; Shayegh et al., 2010). Do đó, việc khảo sát các yếu tố phân tử của chủng type D phân lập từ trâu có ý nghĩa trong mô tả đặc điểm ban đầu của chủng lưu hành.

Ở Việt Nam, bệnh tụ huyết trùng trên trâu bò chủ yếu được ghi nhận liên quan đến *P. multocida* type B, trong khi dữ liệu về sự hiện diện và đặc điểm phân tử của các chủng type D trên trâu còn hạn chế.

Trong các yếu tố độc lực của vi khuẩn, nhóm enzyme tiết/ngoại bào như neuraminidase (sialidase) được quan tâm vì liên quan đến thích nghi và tương tác với bề mặt niêm mạc. NanB là neuraminidase của *P. multocida*, có khả năng thủy phân cơ chất chứa acid sialic từ glycoprotein của vật chủ, qua đó có thể hỗ trợ vi khuẩn thích nghi trên bề mặt niêm mạc (Mizan et al., 2000; Nugroho et al., 2022). Do NanB liên quan trực tiếp đến tương tác vi khuẩn-vật chủ và có vùng passenger dễ biến thiên, protein này được lựa chọn làm đối tượng phân tích chuyên sâu để làm rõ khác biệt phân tử

¹Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học Tây Nguyên;

²Bộ môn Công nghệ Sinh học, Phân viện Thú y miền Trung;

Tác giả liên hệ: Nguyễn Văn Thái; Email: Nguyenvanthai@ttn.edu.vn.

giữa chủng EH32 type D và các chủng type B.

Từ những cơ sở trên, nghiên cứu này phân tích đặc điểm peptide tín hiệu, kiến trúc miền chức năng và biến thiên trình tự protein NanB của một chủng *P. multocida* EH32 (type D) phân lập từ trâu tại Đắk Lắk, đồng thời so sánh với hai chủng type B gồm PM248 và chủng Iran dùng trong sản xuất vaccine.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu

Dữ liệu đầu vào của nghiên cứu gồm dữ liệu WGS paired-end 150 bp của ba chủng *P. multocida*: EH32 type D, PM248 type B phân lập từ trâu tại Đắk Lắk và DNA chủng Iran type B dùng trong sản xuất vaccine. Từ dữ liệu WGS, bộ gen được lắp ráp, chú giải vùng mã hóa protein (coding sequence, CDS) và rút trích trình tự protein NanB để phục vụ dự đoán peptide tín hiệu, chú giải miền chức năng và so sánh biến thiên acid amin.

Chủng EH32 type D trong nghiên cứu này là một chủng phân lập từ trâu tại Đắk Lắk và được mô tả trong nghiên cứu trước (Nguyen et al., 2025) leading to rapid deaths and significant economic losses. In Vietnam, recurrent HS outbreaks have been reported, yet most studies have solely focused on bacterial isolation or species-level identification. Comprehensive molecular data, including capsular typing, lipopolysaccharide (LPS).

2.2. Phương pháp

2.2.1. Lắp ráp và chú giải hệ gen từ dữ liệu WGS

Gen/protein độc lực được xác định dựa trên dữ liệu giải trình tự toàn hệ gen (Whole Genome Sequencing-WGS) đoạn ngắn paired-end 150 bp (150PE) của ba chủng EH32, PM248 và chủng Iran. Dữ liệu thô được lắp ráp bằng Unicycler v0.4.8 (Wick et al., 2017) để tạo các contig đại diện cho bộ gen từng chủng; sau đó bộ gen lắp ráp được chú giải tự động bằng Prokka v1.14.6 nhằm dự đoán và gán nhãn các vùng mã hóa (coding sequence, CDS), rRNA, tRNA và các đặc trưng di truyền khác (Seemann, 2014). Các tệp đầu ra (GFF, GBK, FFN) được dùng làm nguồn dữ liệu chuẩn cho các bước truy xuất gen và phân tích tiếp theo.

2.2.2. Xác định và rút trích gen/protein mục tiêu từ bộ gen lắp ráp

Phần mềm Geneious Prime v2023.1.2 (Biomatters Ltd., 2023; Kearse et al., 2012) được dùng để xác định vị trí bắt cặp của các cặp môi trên trình tự bộ gen lắp ráp của từng chủng. Một cặp môi được xem là bắt cặp hợp lệ khi môi xuôi và

môi ngược bắt cặp đúng hướng trên cùng một contig, khoảng cách giữa hai vị trí môi tạo ra sản phẩm PCR tiềm năng có kích thước phù hợp với thiết kế, và chất lượng bắt cặp đạt ngưỡng chấp nhận theo thiết lập của Geneious Prime. Từ vùng trình tự (amplicon) suy ra, các vùng CDS trong kết quả chú giải Prokka được đối chiếu theo tọa độ; CDS bao phủ hoàn toàn vùng amplicon được rút trích làm đại diện cho gen mục tiêu. Với mỗi gen, ghi nhận tên gen, locus_tag, tọa độ bắt đầu-kết thúc trên contig, chiều (strand), độ dài CDS/protein, và xuất ra trình tự nucleotide/protein tương ứng. Các trình tự CDS/protein rút trích được xuất ra định dạng FASTA để phục vụ các phân tích so sánh và chú giải.

2.2.3. Dự đoán peptide tín hiệu và xác định vùng protein trưởng thành

Trình tự acid amin của các protein được chuẩn hóa định dạng FASTA và được dự đoán peptide tín hiệu bằng công cụ trực tuyến SignalP-5.0 (Almagro Armenteros et al., 2019; DUT Health Tech, n.d.). Một trình tự được xem là có peptide tín hiệu khi SignalP-5.0 dự đoán loại peptide tín hiệu (trụ tiên Sec/SPI) có likelihood cao nhất và có vị trí cắt rõ ràng (Almagro Armenteros et al., 2019). Vị trí cắt dự đoán được dùng để phân tách peptide tín hiệu (trước vị trí cắt) và vùng protein trưởng thành (sau vị trí cắt); vùng protein trưởng thành được sử dụng cho các phân tích so sánh/bảo tồn nhằm giảm ảnh hưởng của đoạn tín hiệu xuất tiết.

2.2.4. Chú giải miền chức năng và xây dựng kiến trúc miền protein

Nhận diện miền chức năng, họ protein và các đặc trưng cấu trúc được thực hiện bằng InterProScan trên máy chủ web của InterPro/EMBL-EBI (EMBL-EBI, n.d.; Jones et al., 2014), chạy ở chế độ mặc định cho protein. InterProScan đối sánh trình tự với các cơ sở dữ liệu thành viên (như Pfam, SMART, CDD, SUPERFAMILY, CATH-Gene3D, PANTHER...) để gán họ protein và xác định tọa độ miền/repeat. Các thông tin đầu ra được trích gồm: mã InterPro (IPR)/ mã cơ sở dữ liệu thành viên, tên miền/họ, và tọa độ bắt đầu-kết thúc của từng miền trên chuỗi (Blum et al., 2025; Jones et al., 2014). Kết quả được tải về ở định dạng TSV và sử dụng để (i) xây dựng sơ đồ kiến trúc miền (domain architecture), (ii) so sánh sự hiện diện/vắng mặt và sự dịch chuyển biên miền giữa các chủng, và (iii) diễn giải biến dị acid amin theo vùng chức năng/miền cấu trúc (Jones et al., 2014). Tọa độ miền được trích từ output GFF, và file XML được dùng để đối chiếu accession/entry khi cần (Jones et al., 2014). Dự đoán peptide tín hiệu được kiểm chứng chéo bằng Phobius (Almagro

Armenteros et al., 2019; Käll et al., 2004).

Trong trường hợp các trình tự trùng hoàn toàn giữa một số chủng, InterProScan có thể chỉ hiển thị/ghi nhận một trình tự đại diện; khi đó, các kết quả chú giải miền được hiểu là áp dụng cho các trình tự đồng nhất đó và được sử dụng cho phân tích so sánh tiếp theo (Käll et al., 2004).

2.2.5. Phân tích căn chỉnh đa trình tự và thống kê biến dị acid amin

2.2.5.1. Căn chỉnh đa trình tự và kiểm tra chất lượng căn chỉnh

Đối với từng protein, các trình tự acid amin căn chỉnh đa trình tự (Multiple Sequence Alignment–MSA) bằng thuật toán ClustalW (multiple alignment) tích hợp trong phần mềm BioEdit v7.7.1 (Hall, 1999; Thompson et al., 1994). Kết quả căn chỉnh đa trình tự được kiểm tra trực quan để phát hiện các vùng kém tin cậy, các cụm chèn/xóa dài hoặc các bất thường do sai định dạng hoặc trình tự bị cắt.

2.2.5.2. Xác định nhóm trình tự trùng hoàn toàn

Từ file MSA của từng protein, các trình tự được phân nhóm dựa trên mức tương đồng. Những trình tự có độ đồng nhất 100% (không khác nhau ở bất kỳ vị trí nào sau khi căn chỉnh đa trình tự) được xem là thuộc cùng một allele và được ghi nhận thành các cụm “trùng hoàn toàn”. Khi có nhiều chủng trùng allele, một trình tự đại diện được sử dụng cho mục đích trình bày; đồng thời danh sách các chủng trùng allele được lưu để phục vụ diễn giải so sánh giữa nhóm type B (chủng Iran/PM248) với chủng phân lập EH32 (type D).

2.2.5.3. Tính tỷ lệ tương đồng và thống kê biến dị

Đối với protein mục tiêu, các chỉ số so sánh được tính theo cột căn chỉnh để đảm bảo có thể tái lập kết quả.

Quy ước cột so sánh trực tiếp: một cột căn chỉnh được xem là so sánh trực tiếp khi cả hai trình tự đều có acid amin (aa) tại cột đó (không có gap “–” ở bất kỳ trình tự nào). Gọi N_{direct} là số cột so sánh trực tiếp.

Tính phần trăm tương đồng (pairwise percent identity, PID): PID được tính trên các cột so sánh trực tiếp nhằm phản ánh mức độ đồng nhất amino acid trên phần chuỗi được đối sánh trực tiếp. Gọi là số cột so sánh trực tiếp có acid amin giống nhau, khi đó:

$$PID(\%) = N_{ident}/N_{direct} \times 100$$

Đếm substitutions: một substitution được ghi nhận tại cột so sánh trực tiếp khi acid amin của EH32 khác acid amin của trình tự đối sánh (Iran/PM248). Tổng số substitution được ký hiệu , trong đó:

$$N_{sub} = N_{direct} - N_{ident}$$

Đếm indel (insertions/deletions) theo cột căn chỉnh: indel được xác định dựa trên các cột có gap: Insertion (EH32): cột mà EH32 có acid amin trong khi Iran/PM248 là gap (–). Deletion (EH32): cột mà EH32 là gap (–) trong khi Iran/PM248 có acid amin.

2.2.5.4. Đối chiếu biến dị trình tự với kiến trúc miền protein

Các vị trí substitutions/indel quan sát được trong MSA của mỗi protein được đối chiếu với kiến trúc miền/dải chức năng thu được từ InterProScan nhằm đánh giá ý nghĩa chức năng (Blum et al., 2025; Johnson et al., 2013).

2.3. Xử lý số liệu

Tỷ lệ đồng nhất trình tự được tính bằng hàm pid() trong gói Biostrings trên R v4.4.3 (R Core Team, 2025); các giá trị được xuất và trình bày dưới dạng bảng/ma trận tương đồng.

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả xác định gen độc lực

Dựa trên dữ liệu giải trình tự toàn hệ gen (Whole Genome Sequencing, WGS), bộ gen của ba chủng *P. multocida* EH32 (type D), PM248 (type B) và chủng Iran (type B) được lắp ráp, chú giải các vùng mã hóa (coding sequences–CDS). Kết quả cho thấy cả ba chủng đều hiện diện đầy đủ các gen/nhóm gen độc lực được khảo sát gồm: *nanB*, *ompH*, *oma87*, *exbB–TonB*, *hgbA*, *sodA* và *sodC*. Ở mỗi gen, vùng CDS tương ứng bao phủ hoàn toàn vùng amplicon dự kiến, do đó được ghi nhận là “có” ở cả ba chủng.

Trong phạm vi 7 gen độc lực khảo sát, không ghi nhận khác biệt kiểu “có/mất gen” giữa chủng EH32 (type D) và hai chủng type B (Iran/PM248). Việc toàn bộ các gen khảo sát đều hiện diện ở EH32, PM248 và Iran cho thấy rằng đây là nhóm gen độc lực quan trọng thường gặp ở *P. multocida*. Các nghiên cứu hệ gen gần đây cũng cho thấy độc lực của *P. multocida* liên quan đến nhiều nhóm yếu tố, bao gồm vỏ nang, lipopolysaccharide (LPS), adhesin/fimbriae, protein màng ngoài, protein thu nhận sắt, hệ chuyển hóa acid sialic và các yếu tố né tránh miễn dịch; trong đó có các gen như *nanB/nanH*, *ompH*, *oma87*, *hgbA*, *exbBD–TonB* và *sodA/sodC* (Cao et al., 2024; Tesfaye et al., 2025) whole genome sequencing (WGS là những nhóm gen thường được quan tâm trong sinh bệnh học và nghiên cứu vaccine/kháng nguyên (Tefsaye et al., 2025).

Tuy nhiên, sự có hay không có gen chỉ phản ánh khả năng hiện diện về mặt di truyền, chưa đủ để suy luận khác biệt độc lực giữa chủng type D

và hai chủng type B trong nghiên cứu này. Sự khác biệt, nếu có, thường nằm ở: biến thiên trình tự/allele, biên miền/kiến trúc protein, hoặc điều hòa biểu hiện trong điều kiện thiếu sắt/stress của vật chủ (Luo et al., 1999).

Trong số các gen hiện diện ở cả ba chủng, *nanB* được ưu tiên phân tích chuyên sâu do NanB là neuraminidase liên quan trực tiếp vào quá trình thích nghi niêm mạc và tương tác giữa vi khuẩn với vật chủ (Mizan et al., 2000).

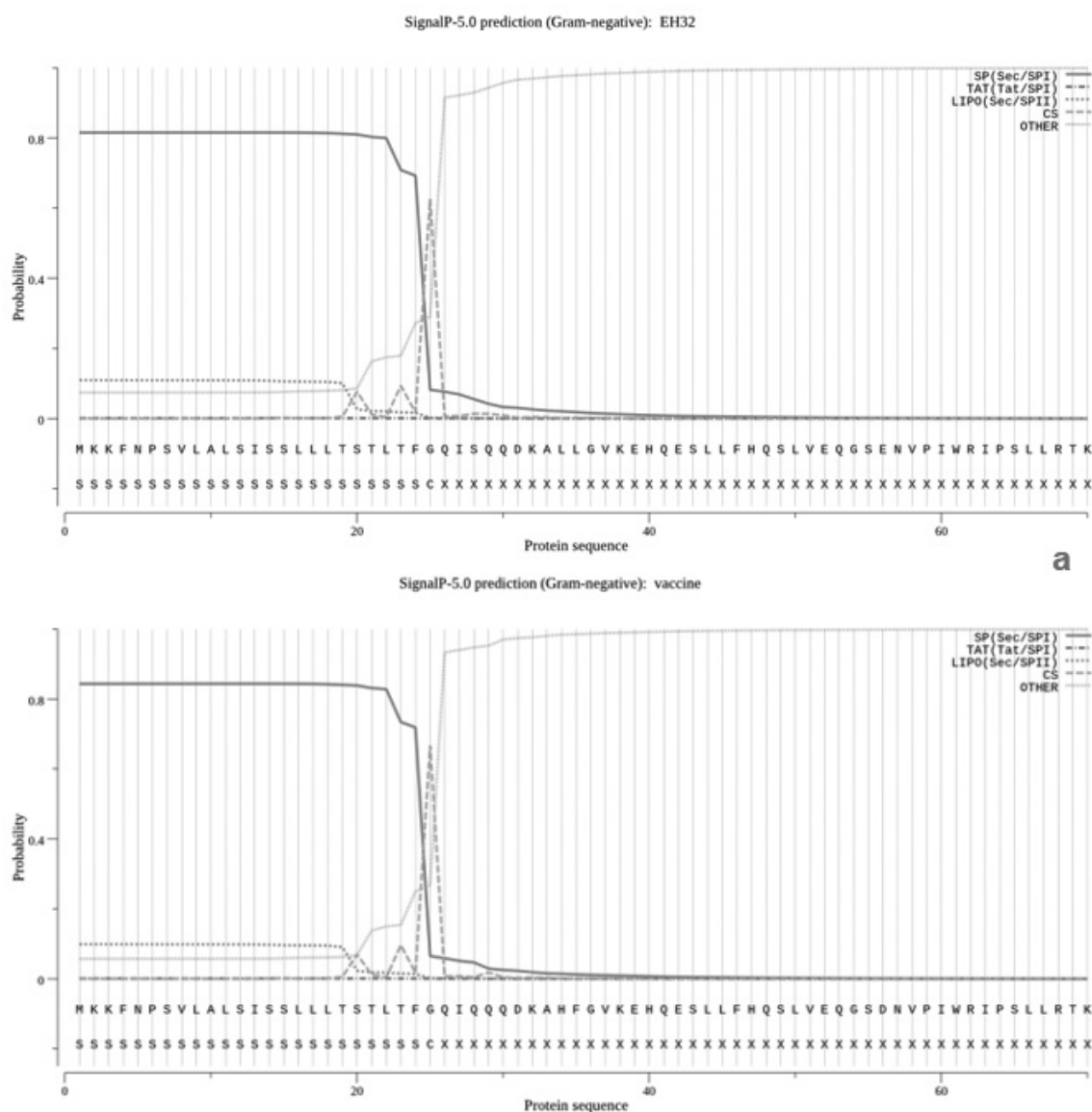
Đồng thời, NanB thuộc nhóm protein ngoại bào kiểu autotransporter, trong đó vùng passenger thường được trình diện ra bề mặt tế bào vi khuẩn và có thể tham gia tương tác với vật chủ (Clarke et al., 2022; Leo et al., 2012). Vì vậy, NanB được lựa chọn làm đối tượng phù hợp để phân tích chuyên sâu về peptide tín hiệu, kiến trúc miền và biến thiên trình tự.

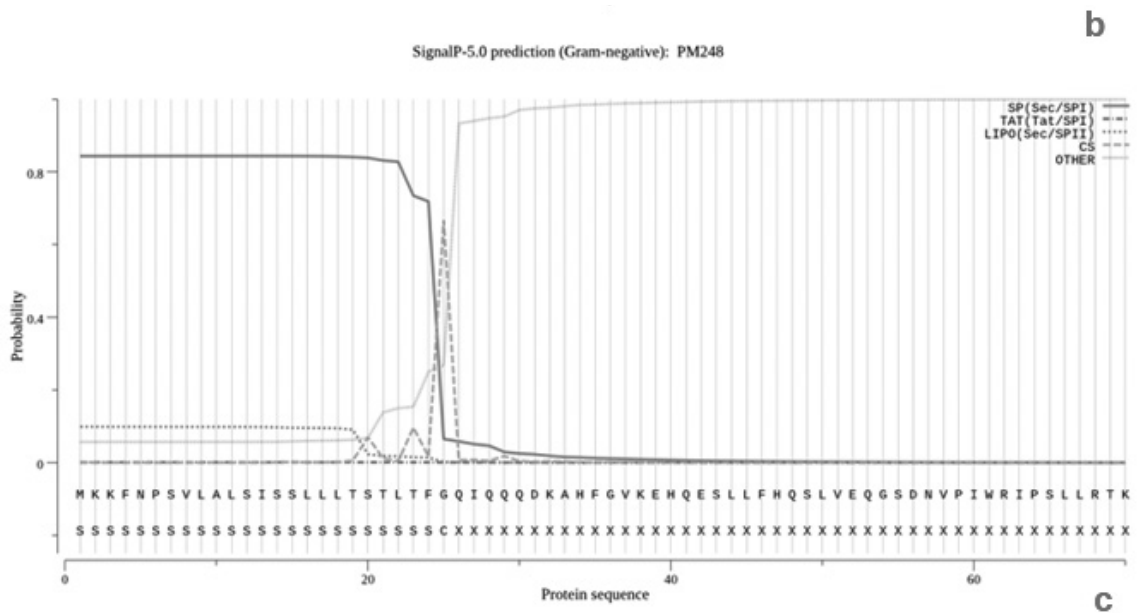
3.2. So sánh protein NanB của chủng EH32 với chủng Iran và chủng PM248

3.2.1. Dự đoán peptide tín hiệu và vùng protein trưởng thành

Phân tích protein NanB bằng SignalP-5.0 (mô hình Gram-negative) cho thấy cả 3 chủng *P. multocida* EH32, PM248 và chủng Iran dùng trong sản xuất vaccine đều được dự đoán mang peptide tín hiệu đường Sec cắt bởi signal peptidase I (Sec/SPI). Ở cả ba chủng, vị trí cắt được dự đoán giữa acid amin 25 và 26 với motif giống nhau (TFG|QI) (Hình 1).

Độ tin cậy dự đoán vị trí cắt (cleavage site, CS) của EH32 là 0,6254 thấp hơn so với PM248 (0,6664) và chủng Iran (0,6664). Độ tin cậy (likelihood) cho nhóm signal peptide (Sec/SPI) lần lượt là 0,8151 (chủng EH32); 0,8433 (chủng PM248) và 0,8433 (chủng Iran). Các nhóm dự đoán khác như Tat/SPI rất thấp ($\leq 0,0012$). Như vậy, NanB của ba chủng đều có đặc điểm N-terminal phù hợp với peptide tín hiệu Sec/SPI và có điểm cắt đồng nhất (Bảng 1).





Hình 1. Dự đoán peptide tín hiệu (Sec/SPI) của protein NanB của *P. multocida* bằng SignalP-5.0 (Gram-negative), với vị trí cắt dự đoán tại 25/26 (TFG|QI).

Ghi chú: EH32 (a), vaccine (b) và PM248 (c)

Bảng 1. Kết quả dự đoán peptide tín hiệu protein NanB

Chủng	Dự đoán định vị/đường tiết	Peptide tín hiệu (Sec/SPI)	Peptide tín hiệu (Tat/SPI)	Lipoprotein (Sec/SPI)	Khác	Vị trí cắt peptide tín hiệu
Iran	SP(Sec/SPI)	0,8433	0,0009	0,0987	0,0571	CS pos: 25–26. TFG–QI. Pr: 0,6664
EH32	SP(Sec/SPI)	0,8151	0,0012	0,1094	0,0742	CS pos: 25–26. TFG–QI. Pr: 0,6254
PM248	SP(Sec/SPI)	0,8433	0,0009	0,0987	0,0571	CS pos: 25–26. TFG–QI. Pr: 0,6664

Về chiều dài protein, NanB của EH32 dài 1060 acid amin (aa), trong khi NanB của chủng Iran dài 1055 aa, cho thấy protein NanB của EH32 dài hơn 5 aa. Dù có khác biệt chiều dài tổng thể, vùng peptide tín hiệu (1–25 aa) và vị trí cắt (25/26) vẫn không thay đổi theo dự đoán SignalP-5.0.

Kết quả SignalP-5.0 cho thấy NanB của EH32 (type D) và hai chủng type B (PM248 và Iran) bảo tồn hoàn toàn kiểu peptide tín hiệu và điểm cắt (Sec/SPI; cắt tại 25/26; motif TFG|QI). Điều này cho thấy cơ chế định hướng xuất tiết của NanB qua hệ Sec ổn định ở ba chủng *P. multocida* được so sánh, bất kể khác biệt về type huyết thanh (D so với B), nguồn gốc (thực địa so với vaccine) và khác biệt chiều dài protein. Kết quả này phù hợp với các mô tả cổ điển khi phân tích sialidase của *P. multocida*, trong đó trình tự NanB được báo cáo có N-terminal signal sequence và thuộc nhóm protein được xuất tiết/định vị thông qua hệ Sec (Mizan et al., 2000). Đồng thời, các nghiên cứu gần đây về

autotransporter/sialidase cũng xếp NanB của *P. multocida* vào nhóm tiết kiểu autotransporter (type V), vốn điển hình có peptide tín hiệu Sec ở đầu N để qua màng trong trước khi miền “passenger” thực hiện chức năng (Clarke et al., 2022).

3.2.2. Kiến trúc miền và mô hình autotransporter của NanB

Kết quả InterProScan cho thấy NanB của chủng EH32 và chủng Iran/PM248 có kiến trúc miền (domain architecture) tương đồng, gồm: peptide tín hiệu ở đầu N, vùng sialidase được chú giải ở nửa đầu chuỗi + miền β -barrel autotransporter ở C-terminal (Bảng 2).

Peptide tín hiệu và vùng định vị ngoài bào tương: ở cả chủng EH32 và chủng Iran/PM248, Phobius ghi nhận peptide tín hiệu 1–25 aa, đồng thời phân chia thành N-region (1–6), H-region (7–18) và C-region (19–25). Sau vùng 1–25, Phobius chú giải toàn bộ phần còn lại là Non_Cytoplasmic_Domain, tương ứng 26–1060 (EH32) và 26–1055

(Iran/PM248) (Bảng 2).

InterProScan ghi nhận đồng thời nhiều thư viện chú giải hội tụ vào chức năng sialidase/neuraminidase ở cả ba chủng: CDD (cd15482; Sialidase_non-viral): EH32 48–536, Iran/PM248 48–531. SUPERFAMILY (sialidase superfamily): EH32 48–542, Iran/PM248 48–537. PANTHER (sialidase family): EH32 47–540, Iran/PM248 47–534. Gene3D (khối sialidase): EH32 61–524, Iran/PM248 61–519. Gene3D (Trans-sialidase domain 3; IPR023364): EH32 189–275, Iran/PM248 182–266. Pfam (sialidase; PF13088/IPR011040): EH32 280–518, Iran/PM248 271–514 (Bảng 2). Như vậy, lõi miền sialidase của NanB được nhận diện nhất quán giữa chủng EH32 và chủng Iran/PM248, với biên miền chỉ dịch nhẹ vài acid amin

giữa các chủng.

Ở nửa sau protein, nhiều thư viện độc lập đồng thời nhận diện miền autotransporter β -domain: Gene3D (autotransporter β -domain superfamily; IPR036709): EH32 759–1060, Iran/PM248 754–1055. SUPERFAMILY (autotransporter β -domain superfamily): EH32 777–1060, Iran/PM248 772–1055. Pfam (PF03797; autotransporter β -domain): EH32 827–1035, Iran/PM248 822–1030. SMART (SM00869; IPR005546): EH32 802–1050, Iran/PM248 797–1045. ProSiteProfiles (PS51208; IPR005546): EH32 798–1060, Iran/PM248 793–1055 (Bảng 2). Các kết quả này cho thấy phần C-terminal của NanB ở cả hai chủng có đặc trưng của β -barrel autotransporter, và ranh giới miền phù hợp với chiều dài tổng thể của mỗi chuỗi.

Bảng 2. Tóm tắt các miền chức năng (domain) của protein NanB ở EH32 (type D) và Iran/PM248 (type B) theo kết quả InterProScan

Nhóm miền	EH32 (aa)	Iran/PM248 (aa)	Nguồn nhận diện trong InterProScan
Signal peptide	1–25	1–25	PHOBIUS; SignalP – noTM (Gram–)
N/H/C-region của signal peptide	1–6/7–18/19–25	1–6/7–18/19–25	PHOBIUS
Non-cytoplasmic domain	26–1060	26–1055	PHOBIUS
Sialidase family (IPR026856)	47–540	47–534	PANTHER
Sialidase superfamily (IPR036278)	48–542	48–537	SUPERFAMILY
Sialidase_non-viral (cd15482)	48–536	48–531	CDD
Gene3D (khối sialidase)	61–524	61–519	GENE3D
Trans-sialidase, domain 3 (IPR023364)	189–275	182–266	GENE3D
Sialidase (IPR011040; PF13088)	280–518	271–514	PFAM
Autotransporter β -domain superfamily (IPR036709)	759–1060; 777–1060	754–1055; 772–1055	GENE3D; SUPERFAMILY
Autotransporter β -domain (IPR005546)	798–1060 (+ các biên khác 802–1055; 827–1035)	793–1055 (797–1045; 822–1030)	PFAM; SMART; PROSITE

Khi đối chiếu với đặc điểm chung của các protein autotransporter type V ở vi khuẩn Gram âm, kiến trúc NanB của các chủng trong nghiên cứu này phù hợp với mô hình gồm peptide tín hiệu ở đầu N, vùng passenger mang chức năng sinh học, vùng nối/linker và miền β -barrel ở đầu C. Theo các nghiên cứu trước, peptide tín hiệu giúp protein đi qua màng trong theo hệ Sec, trong khi miền β -barrel C-terminal tham gia neo giữ và hỗ trợ trình diện vùng passenger ra màng ngoài (Clarke et al., 2022; Harris, 2010; Leo et al., 2012) the role of early life experiences in future disease risk is gaining attention. The Barker hypothesis proposes fetal origins of adult disease, with consistent evidence demonstrating the deleterious consequences

of birth weight outside the normal range. In this study, we investigate the role of birth weight in CVD risk prediction. Methods and Results—The Women’s Health Initiative (WHI. Vì vậy, việc NanB của EH32 và Iran/PM248 đều bảo tồn peptide tín hiệu Sec/SPI và miền β -barrel cho thấy cơ chế xuất tiết/định vị màng ngoài của NanB có khả năng được duy trì giữa các chủng.

Đáng chú ý, vùng passenger/sialidase là khu vực mang chức năng neuraminidase, liên quan đến khai thác acid sialic từ glycoprotein của vật chủ và hỗ trợ vi khuẩn thích nghi với bề mặt niêm mạc. Kết quả này phù hợp với mô tả của Mizan et al. (2000) which may contribute to colonization of the respiratory tract or the production of lesions in an

active infection. We have cloned and sequenced a sialidase gene, nanH, from a fowl cholera isolate of *P. multocida*. Sequence analysis of NanH revealed that it exhibited significant amino acid sequence homology with many microbial sialidases. Insertional inactivation of nanH resulted in a mutant strain that was not deficient in sialidase production. However, this mutant exhibited reduced enzyme activity and growth rate on 2-3' sialyl lactose compared to the wild type. Subsequently, we demonstrated the presence of two sialidases by cloning another sialidase gene that differed from nanH in DNA sequence and substrate specificity. NanB demonstrated activity on both 2-3' and 2-6' sialyl lactose, while NanH demonstrated activity only on 2-3' sialyl lactose. Neither enzyme liberated sialic acid from colominic acid (2-8' sialyl lactose, trong đó NanB của *P. multocida* được xác định là sialidase có khả năng tác động lên cơ chất chứa acid sialic. Do đó, sự bảo tồn lỗi sialidase ở cả EH32 và Iran/PM248 cho thấy các chủng này vẫn duy trì khung chức năng cơ bản của NanB.

Bên cạnh hai miền chính, vùng nối/linker nằm giữa vùng passenger/sialidase và miền β -barrel cũng cần được lưu ý. Về mặt cấu trúc, vùng này có thể đóng vai trò trung gian giúp duy trì khoảng cách, độ linh động và định hướng trình diện của vùng passenger trước khi protein được neo qua β -barrel ở màng ngoài, phù hợp với cơ chế chung của các protein autotransporter type V (Clarke et al., 2022; Harris, 2010; Leo et al., 2012) the role of early life experiences in future disease risk is gaining attention. The Barker hypothesis proposes fetal origins of adult disease, with consistent evidence demonstrating the deleterious consequences of birth weight outside the normal range. In this study, we investigate the role of birth weight in CVD risk prediction. Methods and Results—The Women's Health Initiative (WHI. Trong nghiên cứu này, các khác biệt lớn không nằm ở việc mất hay xuất hiện thêm miền mới, mà chủ yếu thể hiện ở sự biến thiên trình tự trong vùng passenger/si-

alidase, trong khi vùng C-terminal autotransporter được bảo tồn cao. Mô hình này phù hợp với nhận định chung về autotransporter, trong đó vùng passenger thường biến thiên hơn do liên quan đến tương tác vật chủ, còn miền β -barrel có xu hướng bảo tồn hơn vì đảm nhiệm chức năng cấu trúc và vận chuyển (Clarke et al., 2022; Leo et al., 2012)

Các chú giải sialidase được nhận diện bởi nhiều thư viện (CDD, SUPERFAMILY, PANTHER, Gene3D, Pfam) và có tọa độ chồng lấp cao giữa hai chủng. Điều này củng cố rằng NanB của EH32 và Iran/PM248 đều duy trì lõi miền neuraminidase. Sự khác biệt ranh giới miền chỉ ở mức vài acid amin phù hợp với biến thiên nhỏ hoặc khác biệt căn chỉnh cục bộ và không cho thấy sự thay đổi “có/không” của miền sialidase.

Như vậy, kết quả InterProScan cho thấy NanB của EH32 và Iran/PM248 duy trì khung miền chức năng chính, gồm vùng passenger/sialidase và miền β -barrel autotransporter. Do không ghi nhận sự thay đổi có/mất miền, các khác biệt đáng chú ý hơn cần được xem xét ở mức biến thiên trình tự chi tiết trong vùng passenger/sialidase.

3.2.3. So sánh trình tự và thống kê biến dị theo vùng chức năng

Tập căn chỉnh gồm 3 trình tự NanB với chiều dài không có gap lần lượt là 1055 aa (Iran), 1055 aa (PM248) và 1060 aa (EH32). Trên toàn bộ chiều dài căn chỉnh, chủng PM248 trùng khớp hoàn toàn với chủng Iran tại tất cả 1055/1055 vị trí so sánh được, không ghi nhận thay thế acid amin hay indel. Kết quả này xác nhận NanB của PM248 và chủng Iran (Iran) là đồng nhất trong dữ liệu căn chỉnh (Hình 2).

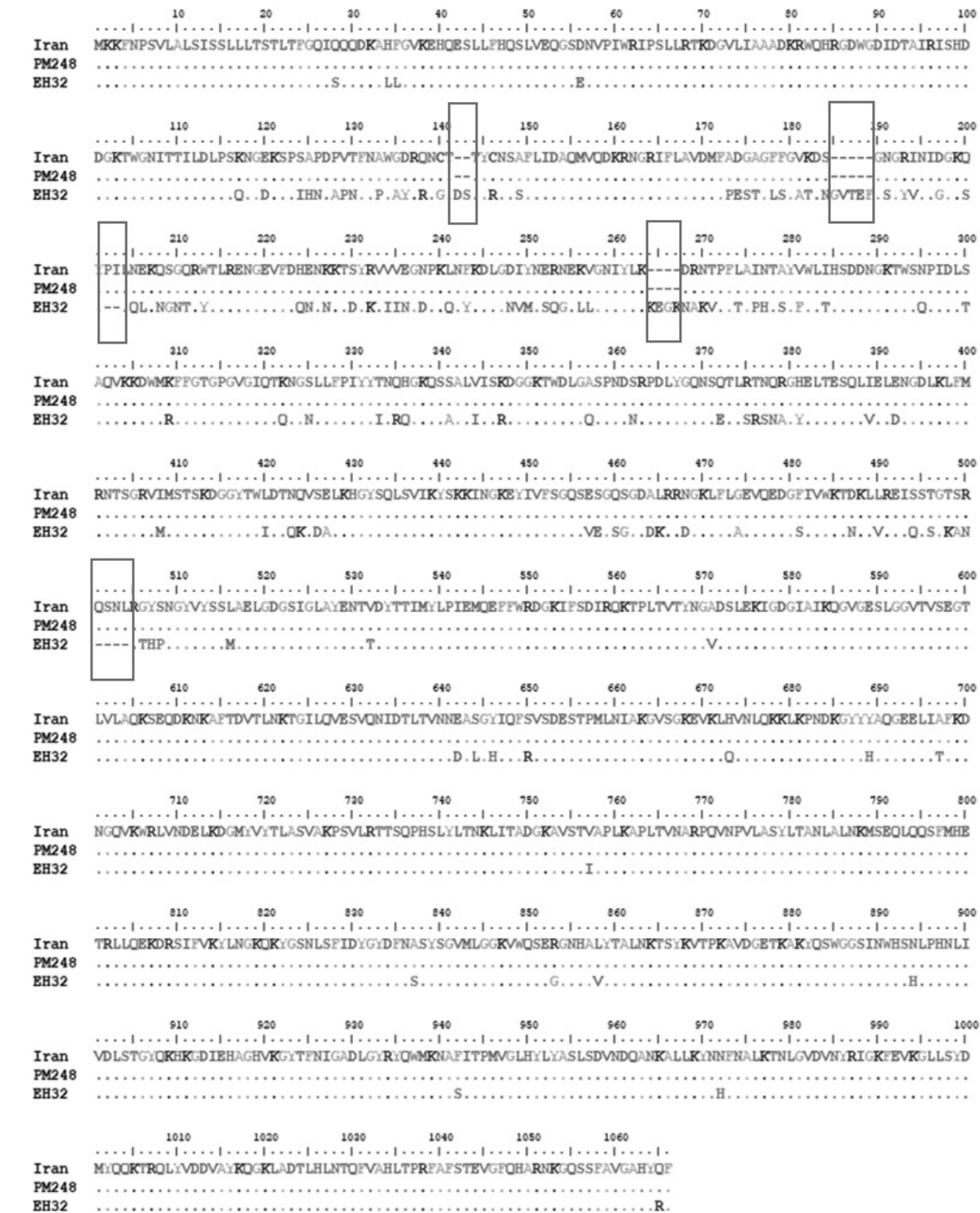
So sánh EH32 với Iran/PM248 trên các cột căn chỉnh mà cả hai chuỗi đều có acid amin (không tính các vị trí có gap) cho thấy: có 1049 vị trí so sánh trực tiếp; có 915/1049 vị trí giống nhau, tương ứng 87,2% đồng nhất; có 134 vị trí thay thế acid amin (Bảng 3).

Bảng 3. So sánh biến thiên trình tự acid amin của protein NanB giữa EH32 (type D) và chủng Iran (type B) theo từng vùng chức năng

Vùng (chủng Iran)	Tọa độ (aa)	Vị trí so sánh trực tiếp*	Thay thế	Chèn (EH32)	Xóa (EH32)	PID (%)
Signal peptide (SP)	1–25	25	0	0	0	100,0
Mature N-terminus (sau SP, trước sialidase)	26–47	22	3	0	0	86,4
Passenger/sialidase region	48–537	484	115	11	6	76,2
Mid-region (giữa sialidase và AT)	538–753	216	9	0	0	95,8

Vùng (chủng Iran)	Tọa độ (aa)	Vị trí so sánh trực tiếp*	Thay thế	Chèn (EH32)	Xóa (EH32)	PID (%)
Autotransporter region (AT sf)	754–1055	302	7	0	0	97,7
Tổng	1–1055	1049	134	11	6	87,2

Ghi chú: * “vị trí so sánh trực tiếp” là số cột mà cả EH32 và Iran đều có aa (không tính cột có gap ở một trong hai chuỗi).



Hình 2. Căn chỉnh đa trình tự (MSA) trình tự acid amin protein NanB giữa các chủng *P. multocida* type B (PM248/Iran) và type D (EH32), cho thấy các vị trí biến thiên và vùng bảo tồn theo chiều dài chuỗi

Ngoài các thay thế, căn chỉnh ghi nhận indel tạo chênh lệch chiều dài giữa EH32 và Iran/PM248: EH32 có tổng cộng 11 acid amin “chèn” (Iran có gap ở các cột tương ứng) và 6 acid amin “mất” (EH32 có gap ở các vị trí mà Iran có acid amin) (Bảng 3).

Trong vùng peptide tín hiệu 1–25 aa, EH32 giống hoàn toàn với Iran/PM248 (25/25 vị trí đồng nhất). Như vậy, khác biệt giữa EH32 và nhóm type B bắt đầu từ sau vị trí cắt peptide tín hiệu.

Khi phân tích theo vùng chức năng (quy chiếu theo kiến trúc miền đã chú giải), biến thiên giữa EH32 và Iran/PM248 tập trung chủ yếu ở nửa đầu chuỗi: vùng sialidase superfamily (48–537 aa) có 484 vị trí so sánh trực tiếp, trong đó 369 vị trí đồng nhất (76,2%), và ghi nhận 115 thay thế acid amin (Bảng 3). Toàn bộ 3 cụm chèn và 2 cụm mất của EH32 đều nằm trong vùng passenger: chèn 2 aa sau vị trí 141 (giữa 141–142); chèn 5 aa sau vị trí 184 (giữa 184–189); chèn 4 aa sau vị trí 263 (giữa 263–266); mất 2 aa tại vị trí 202–203; và mất 4 aa tại vị trí 501–504 (Hình 2).

Các vùng phía sau sialidase nhìn chung bảo tồn rõ rệt: vùng autotransporter superfamily (754–1055 aa) đạt 97,7% đồng nhất (295/302), chỉ có 7 aa thay thế.

NanB của chủng EH32 thể hiện sự khác biệt so với hai chủng type B (Iran/PM248) được khảo sát chủ yếu ở những điểm sau:

Khác biệt ở vùng passenger/sialidase: Biến thiên của EH32 tập trung chủ yếu ở vùng passenger/sialidase. Đây là vùng có khả năng tham gia trình diện kháng nguyên bề mặt và tương tác với vật chủ (Harris, 2010). Tuy nhiên, giả thuyết này cần được kiểm chứng thêm bằng mô hình hóa cấu trúc 3D, phân tích epitop và thí nghiệm chức năng.

Bảo tồn cao vùng C-terminal và duy trì mô-đun autotransporter. Vùng C-terminal, đặc biệt là miền β -barrel autotransporter được bảo tồn rất cao (97,7%) và không có indel. Điều này nhất quán với vai trò cấu trúc của mô-đun β -barrel trong neo/định vị màng ngoài và vận chuyển autotransporter, vốn thường chịu áp lực bảo tồn để đảm bảo tính toàn vẹn của cơ chế bài tiết và lắp ráp màng (Leo et al., 2012).

Indel ngắn là các vị trí biến thiên đáng chú ý trong vùng passenger/sialidase. Ở chủng EH32, ba cụm chèn và hai cụm mất đều nằm trong vùng passenger/sialidase. Mặc dù tổng chênh lệch chiều dài chỉ là +5 aa, các indel ngắn có thể ảnh hưởng đến cấu trúc cục bộ, độ linh động và vùng phơi bày bề mặt của protein, đặc biệt khi chúng nằm ở các đoạn nối hoặc vòng bề mặt (Jilani et al., 2022;

Miton & Tokuriki, 2022; Topolska et al., 2025)

Do tập trung trong vùng sialidase/passenger, 5 cụm indel này có thể được xem là các vị trí biến thiên tiềm năng để phân biệt EH32 với hai chủng type B được khảo sát; tuy nhiên, giá trị chỉ thị phân tử cần được kiểm chứng trên số lượng chủng lớn hơn.

Như vậy, trong phạm vi so sánh với allele của hai chủng type B được khảo sát, chủng EH32 type D có biến thiên trình tự tập trung chủ yếu ở vùng passenger/sialidase, trong khi vùng C-terminal được bảo tồn rõ rệt. Trình tự NanB của PM248 và chủng Iran trùng khớp hoàn toàn trong dữ liệu căn chỉnh của nghiên cứu này; tuy nhiên, kết quả này chỉ phản ánh hai chủng type B được phân tích và chưa đủ cơ sở để đại diện cho toàn bộ nhóm *P. multocida* type B.

Cần lưu ý rằng nghiên cứu này chỉ phân tích một chủng type D là EH32, do đó các đặc điểm biến thiên NanB ghi nhận được phản ánh đặc điểm của chủng EH32 trong điều kiện so sánh với hai chủng type B, chưa đủ cơ sở để khái quát cho toàn bộ nhóm *P. multocida* type D. Việc đánh giá tính ổn định và mức độ đại diện của các đặc điểm này cần được thực hiện trên số lượng chủng type D lớn hơn trong các nghiên cứu tiếp theo.

Mặc dù các biến thiên trình tự và các cụm indel trong vùng passenger/sialidase là những vị trí đáng chú ý, nghiên cứu hiện tại chưa thực hiện mô hình hóa cấu trúc 3D, dự đoán epitop hoặc thí nghiệm miễn dịch học để xác định trực tiếp ảnh hưởng của các biến thiên này đến vùng nhận diện của kháng thể. Do đó, các nhận định liên quan đến tính kháng nguyên cần được hiểu là giả thuyết sinh học, cần được kiểm chứng thêm bằng mô hình cấu trúc 3D, phân tích epitop và thí nghiệm chức năng/miễn dịch trong các nghiên cứu tiếp theo. Bên cạnh đó, việc mở rộng so sánh trên nhiều allele NanB từ các chủng type D và các type khác sẽ cần thiết để xác định liệu các đặc điểm ghi nhận ở EH32 là biến thiên riêng của chủng, đặc điểm ổn định của nhóm type D, hay chỉ phản ánh sự đa dạng trình tự trong quần thể *P. multocida* lưu hành tại Đắk Lắk.

Theo hiểu biết của nhóm tác giả, nghiên cứu này cung cấp một trong những dữ liệu phân tử đầu tiên về kiến trúc miền và biến thiên trình tự protein NanB của chủng *P. multocida* type D phân lập từ trâu tại Đắk Lắk.

4. KẾT LUẬN

Protein NanB của các chủng EH32, PM248 và chủng Iran đều mang peptide tín hiệu Sec/SPI với vị trí cắt bảo tồn 25/26 (TFG|QI) và có kiến trúc miền chung gồm vùng sialidase/passenger cùng miền β -

barrel autotransporter ở đầu C-terminal. Trong phạm vi so sánh với allele NanB của PM248 và chủng Iran, NanB của EH32 type D có biến thiên chủ yếu tại vùng passenger/sialidase, kèm các indel ngắn, trong khi miền autotransporter được bảo tồn cao. Các biến thiên này là những vị trí đáng chú ý, nhưng cần được kiểm chứng thêm bằng mô hình hóa cấu trúc 3D, phân tích epitop, thực nghiệm chức năng và so sánh

trên nhiều chủng type D hơn trước khi suy luận về ý nghĩa kháng nguyên hoặc vaccine.

Lời cảm ơn

Nhóm tác giả trân trọng cảm ơn Bộ Giáo dục và Đào tạo đã cấp kinh phí cho nghiên cứu này. Mã số B2024-TTN-04.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Almagro A.J.J. et al. (2019). SignalP 5.0 improves signal peptide predictions using deep neural networks. *Nature Biotechnology*, 37(4), 420–423. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0036-z>
- Blum, M. et al. (2025). InterPro: The protein sequence classification resource in 2025. *Nucleic Acids Research*, 53(D1), D444–D456. <https://doi.org/10.1093/nar/gkae1082>
- Cao, X., et al. (2024). Pathogenicity and Genomic Characteristics Analysis of *Pasteurella multocida* Serotype A Isolated from Argali Hybrid Sheep. *Microorganisms*, 12(6), 1072. <https://doi.org/10.3390/MICROORGANISMS12061072>
- Clarke, K.R. et al. (2022). Phylogenetic Classification and Functional Review of Autotransporters. *Frontiers in Immunology*, 13(July), 1–20. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.921272>
- De Alwis, M.C.L. (1999). Haemorrhagic septicaemia. In *Australian Centre for International Agricultural Research (ACIAR)* (Vol. 57). Brown Prior Anderson, Melbourne.
- Ewers, C. et al. (2006). Virulence genotype of *Pasteurella multocida* strains isolated from different hosts with various disease status. *Veterinary Microbiology*, 114(3–4), 304–317. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2005.12.012>
- Gharibi, D. et al. (2016). Isolation, molecular characterization and antibiotic susceptibility pattern of *Pasteurella multocida* isolated from cattle and buffalo from Ahwaz, Iran. *Archives of Razi Institute*, 72(2), 93–100. <https://doi.org/10.22092/ari.2017.109838>
- 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.
- Harper, M. et al. (2006). *Pasteurella multocida* pathogenesis: 125 years after Pasteur. *FEMS Microbiology Letters*, 265(1), 1–10. <https://doi.org/10.1111/J.1574-6968.2006.00442.X>
- Harris D.B. (2010). Type V Secretion: the Autotransporter and Two-Partner Secretion Pathways. *EcoSal Plus*, 4(1), 1–30. <https://doi.org/10.1053/j.gastro.2019.03.013>
- Jilani, M., et al. (2022). Elucidating the Structural Impacts of Protein InDels. *Biomolecules*, 12(10), 1435. <https://doi.org/10.3390/BIOM12101435>
- Johnson, T.J. et al. (2013). Comparative genome analysis of an avirulent and two virulent strains of avian *Pasteurella multocida* reveals candidate genes involved in fitness and pathogenicity. *BMC Microbiology*, 13(1). <https://doi.org/10.1186/1471-2180-13-106>
- Jones, P. et al. (2014). InterProScan 5: Genome-scale protein function classification. *Bioinformatics*, 30(9), 1236–1240. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu031>
- Käll, L. et al. (2004). A combined transmembrane topology and signal peptide prediction method. *Journal of Molecular Biology*, 338(5), 1027–1036. <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2004.03.016>
- Kearse, M. et al. (2012). Geneious Basic: An integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, 28(12), 1647–1649. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts199>
- Leo, J.C. et al. (2012). Type V secretion: Mechanism(S) of autotransport through the bacterial outer membrane. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 367(1592), 1088–1101. <https://doi.org/10.1098/rstb.2011.0208>
- Lestari, T.D. et al. (2025). Hemorrhagic septicemia: A major threat to livestock health. *Open Veterinary*

- Journal*, 15(2), 519–532. <https://doi.org/10.5455/OVJ.2025.V15.I2.3>
- Luo, Y. et al. (1999). Sequence analysis of *Pasteurella multocida* major outer membrane protein (OmpH) and application of synthetic peptides in vaccination of chickens against homologous strain challenge. *Vaccine*, 17(7–8), 821–831. [https://doi.org/10.1016/S0264-410X\(98\)00266-7](https://doi.org/10.1016/S0264-410X(98)00266-7)
- Miton, C.M., and Tokuriki, N. (2022). Insertions and Deletions (Indels): A Missing Piece of the Protein Engineering Jigsaw. *Biochemistry*, 62(2), 148–157. <https://doi.org/10.1021/ACS.BIOCHEM.2C00188>
- Mizan, S. et al. (2000). Cloning and characterization of sialidases with 2-6' and 2-3' sialyl lactose specificity from *Pasteurella multocida*. *Journal of Bacteriology*, 182(24), 6874–6883. <https://doi.org/10.1128/JB.182.24.6874-6883.2000>
- Nugroho, C.M.H. et al. (2022). Screening and purification of NanB sialidase from *Pasteurella multocida* with activity in hydrolyzing sialic acid Neu5Aca2-6Gal and Neu5Aca2-3Gal. *Scientific Reports*, 12, 9681. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-13635-x>
- Nguyen, T.V. et al. (2025). Comprehensive capsular, lipopolysaccharide, virulence, and antimicrobial resistance profiling of *Pasteurella multocida* isolated from buffaloes in Vietnam: First report of capsular type D and predominant L2 genotype. *Veterinary World*, 18(12), 4069–4081. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2025.4069-4081>
- R Core Team. (2025). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>
- Sarangi, L.N. et al. (2014). Virulence genotyping of *Pasteurella multocida* isolated from multiple hosts from India. *Scientific World Journal*, 2014, 1–10. <https://doi.org/10.1155/2014/814109>
- Seemann, T. (2014). Prokka: rapid prokaryotic genome annotation. *Bioinformatics*, 30(14), 2068–2069. <https://doi.org/10.1093/BIOINFORMATICS/BTU153>
- Shayegh, J. et al. (2010). Potential of *Pasteurella multocida* isolated from healthy and diseased cattle and buffaloes in induction of diseases. *Bulletin of the Veterinary Institute in Pulawy*, 54(3), 299–304.
- Tesfaye, A.B. et al. (2025). Advances in *Pasteurella multocida* Vaccine Development: From Conventional to Next-Generation Strategies. *Vaccines*, 13(10), 1–20. <https://doi.org/10.3390/vaccines13101034>
- Thompson, J.D. et al. (1994). CLUSTAL W: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22(22), 4673–4680. <https://doi.org/10.1093/nar/22.22.4673>
- Topolska, M. et al. (2025). Deep indel mutagenesis reveals the impact of amino acid insertions and deletions on protein stability and function. *Nature Communications* 2025 16:1, 16(1), 2617-. <https://doi.org/10.1038/s41467-025-57510-5>
- Wick, R.R. et al. (2017). Unicycler: Resolving bacterial genome assemblies from short and long sequencing reads. *PLOS Computational Biology*, 13(6), e1005595. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PCBI.1005595>
- WOAH. (2021). Haemorrhagic Septicaemia (*Pasteurella multocida* serotypes 6:B and 6:E). In *OIE Terrestrial Manual 2021* (pp. 1–16).
- DTU Health Tech (n.d.) SignalP–5.0: Signal peptide and cleavage sites in gram+, gram- and eukaryotic amino acid sequences. Available at: <https://services.healthtech.dtu.dk/services/SignalP-5.0/> (Accessed: 22 September 2025).
- EMBL–EBI (n.d.) InterPro. Available at: <https://www.ebi.ac.uk/interpro/> (Accessed: 22 September 2025).

**FUNCTIONAL DOMAIN CHARACTERISTICS AND SEQUENCE VARIATION OF
THE NANB PROTEIN OF PASTEURELLA MULTOCIDA
TYPE D ISOLATED FROM BUFFALOES IN DAK LAK PROVINCE
AND COMPARISON WITH TYPE B STRAINS**

**Nguyen Van Thai¹, Trinh Thi Thu Hang², Nguyen Ngoc Dinh¹,
Nguyen Van Trong¹, Vu Khac Hung²**

Received Date: 05/02/2026; Revised Date: 20/05/2026; Accepted for Publication: 01/06/2026

ABSTRACT

In the context of limited molecular data on *Pasteurella multocida* type D isolated from buffaloes in Dak Lak province, this study analyzed the neuraminidase NanB protein of a type D strain, designated EH32, and compared it with two type B strains, PM248 and the Iranian strain used for vaccine production. NanB sequences were extracted from whole-genome sequencing data; signal peptides were predicted using SignalP-5.0, domain architecture was annotated using InterProScan, and amino acid variation was assessed by multiple sequence alignment. The results showed that NanB from all three strains contained a Sec/SPI signal peptide with a conserved cleavage site at position 25/26 (TFG|QI), and shared a domain architecture consisting of an N-terminal sialidase region and a C-terminal β -barrel autotransporter domain. Within the scope of comparison with the two type B strains, PM248 and Iran, NanB from EH32 exhibited an overall identity of 87.2% across directly comparable sites. Variation was mainly concentrated in the passenger/sialidase region, with a PID of 76.2% and several short indels, whereas the autotransporter region was highly conserved, with a PID of 97.7%. Within the scope of the present dataset, the sequence variations observed in NanB from EH32 were predominantly localized to the passenger/sialidase region. This finding highlights this region as a priority target for further investigation of its potential roles in sialidase activity, antigenicity, and mucosal adaptation through 3D structural modeling and functional assays.

Keywords: autotransporter, Dak Lak, NanB, *Pasteurella multocida*, buffaloes, sialidase.

¹Faculty of Agriculture, Tay Nguyen University;

²Department of Biotechnology, Institute of Veterinary Research and Development of Central Vietnam;

Corresponding author: Nguyen Van Thai; Email: nguyenvanthai@ttn.edu.vn.