

ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỪU PHAN RANG DỰA VÀO TRÌNH TỰ NUCLEOTIDE GEN COI Ở TY THỂ

Nguyễn Ngọc Tấn^{1*}, Lê Văn Lộc¹, Lê Tấn Lợi¹, Trần Thị Vũ¹ và Hoàng Tuấn Thành¹

Ngày nhận báo cáo: 30/10/2021 – Ngày nhận bài phản biện 28/11/2021

Ngày bài báo được chấp nhận đăng 30/11/2021

TÓM TẮT

Mục tiêu của nghiên cứu này nhằm bước đầu khảo sát đa dạng di truyền nucleotide thuộc trình tự vùng gen COI (cytochrome oxidase subunit 1) trên ty thể của cừu Phan Rang nuôi tại Ninh Thuận. Cặp mồi được thiết kế để khuếch đại đoạn gen mục tiêu có kích thước khoảng 882bp. Hai mươi mẫu cá thể cừu đã được phân tích và kết quả cho thấy tỷ lệ thành phần các loại nucleotide Adenine (A)=27,7%; Thymine (T)=31,2%; Cytosine (C)=23,9%; Guanine (G)=17,2% và chỉ số đa dạng nucleotide (p) là 0,002. Có 10 vị trí biến đổi đa hình nucleotide và 4 haplotype đã quan sát được với chỉ số đa dạng haplotype (Hd) là 0,500±0,122. Khoảng cách di truyền giữa cừu thuần Arab và cừu lai Úc là lớn nhất ($d=0,00386±0,00060$), kế đến là giữa nhóm cừu lai Arab và cừu thuần Arab ($0,00342±0,00034$) hoặc cừu Phan Rang và cừu thuần Arab ($d=0,00334±0,00003$) và thấp nhất giữa cừu Phan Rang với cừu lai Úc ($d=0,00103±0,0002$) hoặc cừu lai Arab ($d=0,00111±0,00022$). Kết quả cây di truyền cho thấy hầu hết các cá thể cừu Phan Rang tập trung thành 01 nhánh lớn và có quan hệ gần với nhóm cừu Châu Á. Việc gia tăng dung lượng mẫu và mở rộng vùng thu nhận mẫu để phân tích là điều cần thiết cho nghiên cứu tiếp theo.

Từ khóa: Cừu Phan Rang, hệ gen ty thể, gen cytochrome oxidase subunit 1 (COI), đa dạng di truyền.

ABSTRACT

Genetic diversity of Phan Rang sheep on mitochondrial cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene based on nucleotide sequencing

The aim of this study was to investigate the genetic diversity of Phan Rang sheep at Ninh Thuan province of Vietnam based on mitochondrial cytochrome oxidase subunit 1 gene (COI) by nucleotide sequencing. The primers were designed to amplify the target gene with 882 bp in size. The sequences from 20 individual samples have been used to analyze the nucleotide diversity, genetic distance and reconstruct the phylogenetic tree. The results showed that the percentage of nucleotide was Adenine (27.7%), Thymine (31.2%), Cytosine (23.9%), Guanine (17.2%) and the nucleotide diversity (p) was 0.002. There were 10 polymorphic sites and 4 haplotypes were found and the haplotype diversity (Hd) was 0.500±0.122. The genetic distance value between hybrid Australian sheep (AuHS) and Arabian pure breed sheep (ArS) was the highest ($d=0.00386±0.00060$), then lower in between hybrid Arabian (ArHS) and ArS ($0.00342±0.00034$) or between Phan Rang sheep (PRS) and ArS ($d=0.00334±0.00003$), while this value was lowest in between PRS and AuHS ($d=0.00103±0.0002$) or ArHS ($d=0.00111±0.00022$). The results of phylogenetic tree demonstrated that most of Phan Rang sheep grouped into one clade and more closer to Asian sheep. Increasing sample size and expanding the geography for collecting the samples for further analysis are required.

Keywords: Phan Rang sheep, mitochondrial DNA, COI gene, genetic diversity.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Ninh Thuận là vùng có điều kiện khí hậu kiểu bán sa mạc (semi-arid) khá khắc nghiệt,

thuộc cực Nam Trung bộ. Điều thú vị là nơi đây tồn tại đầy đủ bộ ba gia súc nhai lại: Dê - Cừu và Bò/Trâu, tạo được sự đa dạng sinh học của họ gia súc nhai lại. Theo số liệu Cục Chăn nuôi (1/1/2021) cả nước có khoảng 114.000 con cừu, trong đó chủ yếu tập trung chủ yếu tại Ninh Thuận (107.129 con), con cừu được xem là con vật nuôi bản địa và được đặt tên là cừu Phan Rang vào những thập niên 90 của thế kỷ

¹ Trường Đại học Nông Lâm Tp. Hồ Chí Minh

² Phân viện Chăn nuôi Nam Bộ

* Tác giả liên hệ: TS. Nguyễn Ngọc Tấn, Giảng viên chính. Khoa Khoa học Sinh học – Trường Đại học Nông Lâm Tp. Hồ Chí Minh; Điện thoại: 0948 993 338; Email: nntan@hcmuaf.edu.vn

XX nhưng đặc điểm di truyền và nguồn gốc cừu Phan Rang vẫn chưa được sáng tỏ. Cừu đóng vai trò quan trọng trong việc cung cấp nguồn thực phẩm, len sợi (Ganbold và ctv, 2019), kinh tế nông nghiệp (Cai và ctv, 2018; Budisatria và ctv, 2019), hoặc các hoạt động tôn giáo hay văn hóa truyền thống (Tawaf và ctv, 2011; Ibrahim và ctv, 2019a,b). Hệ gen ty thể (mtDNA) được di truyền theo dòng mẹ (Wan và ctv, 2012; Choudhary và ctv, 2016), là nguồn thích hợp cho nhận biết di truyền, xác định sự thay đổi di truyền để minh chứng cho quan hệ phân loài giữa các quần thể hay giống thông qua sử dụng bất kỳ loại mô nào của cá thể đều có thể thu nhận nguồn mtDNA cho phân tích (Kunda và ctv, 2015, 2017; Ibis và ctv, 2017) hoặc dùng để đánh giá quan hệ di truyền ở mức phân tử (He và ctv, 2011), cấu trúc di truyền quần thể (Kunda và ctv, 2015), phân biệt sự khác nhau trong các nhóm có quan hệ di truyền gần nhau (Iidzuka và Aranishi, 2008). Vùng gen COI được sử dụng rộng rãi để đánh giá ở mức độ phân tử về đa dạng di truyền do thể hiện tiềm năng mạnh mẽ để nhận diện những bí ẩn trong loài (Hebert và ctv, 2003), cải thiện hiểu biết của con người về địa sinh học, đa dạng sinh học và tính bảo tồn cao của loài (Waugh, 2007; Breton và ctv, 2014), tỷ lệ thay thế nucleotide cũng như đánh giá được mức độ du nhập và tiến hóa giống/loài (Shi và Ye, 2007; Wan và ctv, 2012; Choudhary và ctv, 2016). Ở Việt Nam, đã có các nghiên cứu di truyền dựa vào mtDNA vùng D-loop được tiến hành trên các đối tượng khác nhau như chó Phú Quốc (Trần Hoàng Dũng và ctv, 2016), gà (Ngo Thi Kim Cuc và ctv, 2011), dê bản địa Ninh Thuận (Nguyễn Ngọc Tấn và ctv, 2018), trâu bản địa Việt nam (Nguyễn Ngọc Tấn và ctv, 2020) nhưng chưa có nhiều nghiên cứu trên gene COI, đặc biệt trên đối tượng cừu Phan Rang tại Ninh Thuận. Vì thế, mục tiêu của nghiên cứu này nhằm nhận biết sự khác biệt di truyền cừu Phan Rang nuôi tại Ninh Thuận dựa vào vùng gen COI trên ty thể làm cơ sở dữ liệu ban đầu cho việc nghiên cứu nguồn gốc và quan hệ di truyền cừu Phan Rang theo dòng mẹ.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu, hóa chất, thời gian và địa điểm

Mẫu: Mẫu máu cừu Phan Rang được thu nhận tại một số địa phương (Ninh Hải, Ninh Phước) của tỉnh Ninh Thuận, được ký hiệu PRS. Sử dụng mẫu cừu Arab thuần nhập ngoại (ArS), các mẫu cừu lai Arab và lai Úc (không rõ nguồn gốc bố, mẹ) được nhận diện bởi ký hiệu ArHS và AuHS được nuôi trên cùng địa bàn làm nguồn tham chiếu. Ký hiệu mẫu gồm ký tự và số, các ký tự nhận diện nhóm giống và số nhận diện cá thể mẫu thu nhận.

Hóa chất: Phản ứng khuếch đại PCR được thực hiện bằng bộ kit DreamTaq™ Green PCR Master Mix 2X (Thermo Scientific-Mỹ). Hóa chất điện di gồm Agarose 1,5% (Bioline), GelRed 0,1X (TBR), ladder 100bp (Thermo Scientific-Mỹ), dung dịch đệm TBE 0,5X (Việt Nam).

Thời gian và địa điểm: Từ tháng 6/2021 đến tháng 10/2021, tại Khoa Khoa học Sinh học-Trường Đại học Nông Lâm Tp. Hồ Chí Minh.

2.2. Phương pháp

Thiết kế môi: Cặp môi được thiết kế bằng phần mềm Primer3 dựa trên mạch khuôn có mã số truy cập KP702285.1. Trình tự (5'-3') môi xuôi AACCGCACATGCATTTGTAA và môi ngược AGCCTCCGACTGTGAAAAGA, nằm toàn bộ trên vùng gen COI của mtDNA.

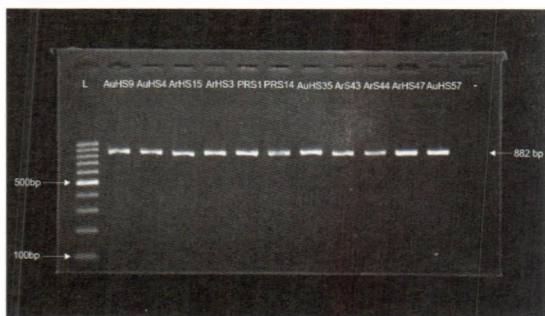
Khuếch đại đoạn gen bằng PCR: Kích thước sản phẩm khuếch đại là 882bp. Phản ứng PCR (20µl) chứa các thành phần: 10µl Master Mix 2X, 0,8µl mỗi primer, 1,6µl DNA khuôn mẫu và 6,8µl H₂O. Chu trình nhiệt được thực hiện theo các bước: (1) 95°C trong 3 phút; (2) 95°C trong 30 giây; (3) 59°C trong 30 giây; (4) 72°C trong 45 giây; (5) lặp lại 35 chu kỳ từ bước 2 đến 4; (6) 72°C trong 7 phút và (7) giữ nhiệt độ 4°C trong 10 phút bằng máy MasterCycler Pro S (Eppendorf, Đức). Các sản phẩm khuếch đại được điện di trên gel agarose 1% (30 phút, 90V), quan sát và chụp hình ảnh điện di bằng máy GelDoc It2 (UVP, USA) với thang chuẩn 100bp.

2.3. Xử lý số liệu

So sánh trình tự của vùng gen COI ty thể thực hiện bằng phần mềm MEGA X và BioEdit để phân tích trình tự nucleotide. Sử dụng phần mềm MEGA X để đánh giá khoảng cách di truyền với mô hình Tamura-Nei, phương pháp Maximum likelihood phân tích bootstrap 1000 (lặp lại 1.000 lần) được sử dụng để xây dựng cây phát sinh loài. Dữ liệu về các cá thể cừu Awassi (Tây Nam Á-Trung Đông, HM236182.1), Karakas (Turkey, HM236177.1), Ovis vignei (Tây Trung Á, Ấn Độ; KF938361.1), Mouflou Armenia (Armenia, MT768232.1), Ovis canadensis (Khu vực Bắc Mỹ-Mexico, JN181255.1), Ammon (cao nguyên Trung Á, KT781689.1), Hulunbuir (Trung Quốc, KP702285.1), Birbhum (Ấn Độ, MN011573.1) như là trình tự tham chiếu nội chủng và trình tự của dê (*Capra hircus*, MZ073671.1) như là tham chiếu ngoại chủng cho xây dựng cây di truyền.

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả khuếch đại đoạn gen COI trên mẫu cá thể cừu



Hình 1. Sản phẩm PCR trên gel agarose 1,5%

LD Ladder 100bp; PRS: Cừu Phan rang, ArS: cừu thuần Arab, ArHS: cừu lai Arab, AuHS: cừu lai Úc, (-): đối chứng âm

Phản ứng PCR khuếch đại vùng gen kích thước 882bp trên vùng COI cho 20 mẫu cá thể của 4 nhóm cừu: Phan Rang, Arab, lai Úc hoặc Arab, kết quả điện di sản phẩm PCR được trình bày ở Hình 1 cho thấy chỉ xuất hiện 01 band sản phẩm ở mỗi giếng, rõ nét với kích thước phù hợp với kích thước mong đợi

(882bp) đã đưa ra về lý thuyết khi thiết kế cặp mồi. Toàn bộ sản phẩm PCR sau đó được giải trình tự cho các bước phân tích kế tiếp.

3.2. Những biến đổi trong trình tự vùng gen COI

Từ 20 mẫu sản phẩm PCR (882bp) được giải trình tự và sau khi xử lý, hiệu chỉnh trình tự, vùng trình tự trên gen COI có kích thước khoảng 849bp được sử dụng cho phân tích đa hình nucleotide và đánh giá đa dạng di truyền. Kết quả cho thấy tỷ lệ các loại nucleotide là Adenine (A)=27,7%; Thymine (T)=31,2%; Cytosine (C)=23,9%; Guanine (G)=17,2%. Các nucleotide loại A+T là 58,9%, G+C là 41,1% và chỉ số đa dạng nucleotide là $p=0,02$. Nghiên cứu của Asaad và Bashar (2018) phân tích vùng gen COI trên 20 cá thể cừu Awassi (Iraq) cho thấy chỉ số đa dạng nucleotide là 0,00391. Sharifi và ctv (2017) khi phân tích trình tự nucleotide vùng COI trên dê (Iran) cho thấy trung bình các nucleotide là 28,97% (A); 29,66% (T); 15,86% (G); 25,52% (C), tỷ lệ A+T và C+G lần lượt là 58 và 42% và tác giả cũng nhận thấy rằng tỷ lệ A+T cao hơn G+C ở vùng gen COI và chỉ số đa dạng nucleotide rất thấp (0,0005).

Các vị trí đa hình nucleotide của 20 trình tự phân tích được chỉ ra ở Bảng 1 và tổng cộng 10 vị trí đa hình nucleotide được phát hiện. Có 9 vị trí chuyển đổi (transition; T<C, A<G), trong khi chỉ có 1 vị trí chuyển vị (transversion; A<C). Đặc biệt, cá thể ArS42 chứa 8 vị trí đa hình, trong đó có 7 vị trí chuyển đổi và 1 vị trí chuyển vị.

Thêm vào đó, bằng việc nhóm các đa hình đơn nucleotide cũng cho phép quan sát haplotype riêng biệt ở các mẫu cá thể cừu (Bảng 2).

Kết quả ở Bảng 2 cho thấy có tổng cộng 04 kiểu haplotype được nhận biết trên 20 cá thể cừu trong nghiên cứu này với chỉ số đa dạng $Hd=0,500\pm 0,122$. Có 7 cá thể ở nhóm cừu Phan Rang hiện diện trên Hap1 (PRS1, PRS2, PRS4, PRS6, PRS12, PRS14, PRS15) và 01 cá thể trên Hap2 (PRS32). Trên nhóm giống cừu thuần Arab nhập ngoại hiện diện trên 3 haplotype

DI TRUYỀN - GIỐNG VẬT NUÔI

khác nhau (Hap1: ArS40, ArS44; Hap2: ArS43; Hap4: ArS42). Trên nhóm cừu lai Úc, có hai có thể hiện diện ở Hap1 (AuSH4, AuSH9) và 2 cá thể ở Hap3 (AuHS35, AuHS57). Có 03 cá thể cừu lai Arab hiện diện trên Hap1 (ArHS47, ArHS56, ArHS15) và 01 cá thể thuộc Hap2 (ArHS3). Asaad và Bashar (2018) khi phân tích dựa vào vùng COI ty thể trên 20 cá thể cừu Awassi (Iraq) đã phát hiện 13 vị trí đa hình và tạo nên 9 haplotype với chỉ số đa dạng

haplotype là 0,852. Bên cạnh đó, nghiên cứu cũng chỉ ra rằng, đa hình haplotype có ảnh hưởng đến khối lượng cừu khi cai sữa. Nghiên cứu trên 60 cá thể dê (Iran) cũng cho thấy chỉ có 3 haplotype được nhận diện với chỉ số đa dạng haplotype là 0,047 (Sharifi và ctv, 2017). Kết quả cho thấy chỉ số đa dạng nucleotide và haplotype ở cừu Phan Rang tương tự với các nghiên cứu khác trên cừu và dê.

Bảng 1. Vị trí đa hình nucleotide trong vùng COI của cừu được khảo sát

Vị trí đa hình	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Vị trí định vị trên trình tự phân tích	45	93	243	264	330	336	381	459	747	816
KP702285.1	C	T	T	T	C	G	T	T	C	T
PRS1
PRS2
PRS4
PRS6
PRS12
PRS14
PRS15
PRS32	T	.	.	C	T	.
AuHS35	A
AuHS57	A
AuHS4
AuHS9
ArS40
ArS42	.	C	C	C	A	.	C	C	T	C
ArS43	T	.	.	C	T	.
ArS44
ArHS47
ArHS56
ArHS3	T	.	.	C	T	.
ArHS15

Trong đó: KP702285.1: trình tự dùng làm mạch khuôn.

Bảng 2. Phân tích haplotype trên mẫu cá thể cừu

Haplotype	Số cá thể	Cá thể	Chỉ số đa dạng haplotype (Hd)
Hap1	14	PRS1; PRS2; PRS4; PRS6; PRS12; PRS14; PRS15, ArHS47; ArHS56; ArHS15, AuHS4; AuHS9, ArS40; ArS44	0,500±0,122
Hap2	3	PRS32, ArHS3, ArS43	
Hap3	2	AuHS35; AuHS57	
Hap4	1	ArS42	

3.3. Khoảng cách và mối quan hệ di truyền

Ma trận khoảng cách di truyền được phân tích và trình bày ở Bảng 3 cho thấy khoảng cách di truyền giữa nhóm cừu Phan Rang với cừu lai Úc hay lai Arab là nhỏ nhất (0,00103 và 0,00111), điều này cho thấy mối quan hệ di truyền giữa cừu Phan Rang và con lai là gần nhất và con lai cừu Úc hay Arab trong nghiên

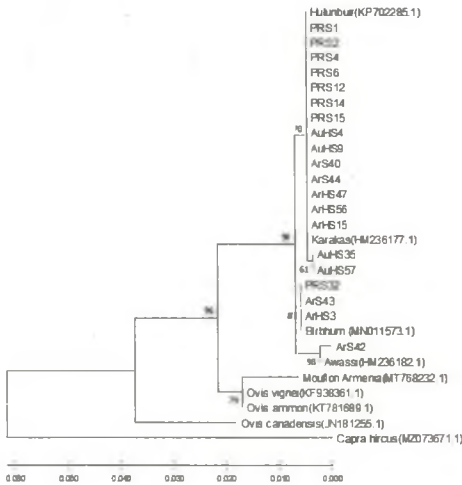
cứu này có thể dựa trên nền cừu cái Phan Rang. Trong khi đó, khác biệt về di truyền lớn nhất (0,00386) tìm thấy giữa nhóm cừu lai Úc (AuHS) với cừu thuần Arab (ArS), kế đến là cừu lai Arab (ArSH) với cừu thuần Arab (0,00342) và sau đó là giữa cừu Phan Rang và cừu thuần Arab (0,00334).

Bảng 3. Khoảng cách di truyền giữa các nhóm

	PRS	AuHS	ArS	ArHS
PRS	0,001	0,00020	0,00003	0,00022
AuHS	0,00103	0,001	0,00060	0,00020
ArS	0,00334	0,00386	0,006	0,00034
ArHS	0,00111	0,00148	0,00342	0,002

Phần dữ liệu dưới đường chéo là giá trị khoảng cách di truyền, dữ liệu trên đường chéo là chênh lệch của khoảng cách di truyền giữa các nhóm và dữ liệu in đậm nằm trên đường chéo là giá trị khoảng cách di truyền nội nhóm.

Cây quan hệ di truyền được xây dựng dựa trên mô hình Tamura-Nei bằng phương pháp Maximum Likelihood với giá trị bootstrap lặp lại 1.000 lần. Sự phân hóa di truyền giữa các nhóm giống cừu được thể hiện ở Hình 2.



Hình 2. Cây quan hệ di truyền giữa các nhóm giống cừu dựa vào vùng gen COI ty thể

Số ở các nhánh là giá trị bootstrap, thang tỷ lệ biểu thị khoảng cách di truyền

Dựa vào cây quan hệ di truyền (Hình 2) có thể thấy được hầu hết các cá thể cừu Phan Rang (ngoại trừ cá thể PRS32) tập trung thành một nhánh lớn. Bên cạnh đó, 04 cá thể cừu lai Úc AuHS9, AuHS4, AuHS36, AuHS57, trong đó 2 cá thể AuHS35, AuHS57 có xu hướng tách nhóm phụ hay lai Arab (ArHS56, ArHS47, ArHS15) cũng tập trung trong nhánh này, điều này có thể minh chứng rằng đa phần con lai này có thể có nguồn gốc là cừu mẹ Phan Rang và cừu bố là Arab hoặc Úc. Trong nhóm

này có quan hệ rất gần với cừu Karakas của Thổ Nhĩ Kỳ hay cừu Hulunbuir (Trung Quốc), cả hai nhóm cừu này thuộc nhóm cừu châu Á. Bốn cá thể cừu thuần Arab (thu nhận từ nhóm cừu nhập về nuôi tại Ninh Thuận) phân thành 3 haplotype và chia vào 03 nhóm khác nhau trên cây di truyền. Hai cá thể (ArS40, ArS44) cùng nhóm lớn với cừu Phan Rang, cá thể ArS42 cùng nhóm cừu Awassi (Trung Đông), cá thể ArS43 cùng nhóm cừu Birbhum (Ấn Độ) và 01 cá thể cừu Phan Rang (PRS32) thuộc nhóm này. Từ kết quả này cho thấy cừu Phan Rang có quan hệ di truyền gần với các nhóm cừu nhiệt đới của châu Á hơn so với cừu Bắc Mỹ (Ovis Canadensis).

4. KẾT LUẬN

Là nghiên cứu đầu tiên phân tích đa dạng di truyền dựa vào trình tự nucleotide trên vùng gen COI ty thể cho cừu Phan Rang, kết quả cho thấy cừu Phan Rang có quan hệ di truyền gần gũi hơn với nhóm cừu châu Á. Nhóm cừu lai có khoảng cách di truyền gần với cừu Phan Rang và xa so với nhóm cừu thuần Arab nhập ngoại nuôi tại Ninh Thuận.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu được thực hiện từ nguồn kinh phí của Trường Đại học Nông lâm Tp. Hồ Chí Minh, mã số: CS-CB21-CNSH-05.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Asaad Y.A. and Bashar F.Z. (2018). Polymorphism of COI gene and its association with milk production and lamb's growth before weaning of Iraqi Awassi sheep. Int. J. Adv. Res., 6(12): 1-7.
2. Breton S., Milani L., Ghiselli F., Guerra D., Stewart D.T. and Passamonti M. (2014). A resourceful genome: Updating the functional repertoire and evolutionary role of animal mitochondrial DNAs. Trends Genet., 30(12): 555-64.
3. Budisatria I.G.S., Yulianto M.D.E., Ibrahim A., Atmoko B.A. and Faqar D. (2019). Profil Pedagang Ruminansia Kecil pada Periode Idul Adha di Daerah Istimewa Yogyakarta, Indonesia. Seminar Nasional Peternakan Tropis Berkelanjutan 3, Surakarta. Pp 100-04.
4. Cai D., Zhang N., Shao X., Sun W., Zhu S. and Yang D.Y. (2018). New ancient DNA data on the origins and spread of sheep and cattle in Northern China around 4000 BP. Asian Archaeol., 2(1): 51-57.
5. Choudhary J.S., Naaz N., Prabhakar C.S. and Moanaro L. (2016). Genetic analysis of oriental fruit

- fly, *Bactrocera dorsalis* (Diptera: Tephritidae) populations based on mitochondrial *cox1* and *nad1* gene sequences from India and other Asian countries. *Genetica*, **144**(5): 611-23.
- Cục Chăn nuôi (2021). Thống kê chăn nuôi 2021. <http://channuoi vietnam.com/thong-ke-chan-nuoi>.
 - Trần Hoàng Dũng, Thái Kế Quân, Nguyễn Thành Công, Huỳnh Văn Hiến và Chung Anh Dũng (2016). Xác định nguồn gốc chó Phú Quốc bằng trình tự vùng D-loop trong genome ty thể. *Tạp chí Sinh học*, **38**(2): 269-78.
 - Ganbold O., Lee S.H., Seo D., Paek W.K. and Manjula P. (2019). Genetic diversity and the origin of Mongolian native sheep. *Liv. Sci.*, **220**: 17-25.
 - He C.B., Wang J., Gao X.G., Song W.T., Li H.J., Li Y.F., Liu W.D. and Su H. (2011). The complete mitochondrial genome of the hard clam *Meretrix meretrix*. *Mol. Bio. Rep.*, **38**(5): 3401-09.
 - Hebert P.D.N., Cywinska A., Ball S.L. and DeWaard J.R. (2003). Biological Identification through DNA barcodes. *Pro. R. Soc. B Biol. Sci.*, **270**(1512): 313-21.
 - İbiş O., Kılıç M., Özcan S. and Tez C. (2017). Genetic characterization of the Turkish gray hamster (*Cricetulus migratorius*) based on mitochondrial cytochrome B and 12S rRNA sequences. *Mitochondrial DNA A DNA Map. Seq. Anal.*, **29**(6): 819-30.
 - Ibrahim A., Artama W.T., Widayanti R., Yulianto M.D.E., Faqar D. and Budisatria I.G.S. (2019a). Sheep traders preferences on marketing place and their satisfaction during Eid Al-Adha period in Yogyakarta, Indonesia. *IOP Conf. Ser. Earth Env. Sci.*, **372**(1): 1-5.
 - Ibrahim A., Budisatria I.G.S., Widayanti R. and Artama W.T. (2019b). The impact of religious festival on roadside livestock traders in urban and peri-urban areas of Yogyakarta, Indonesia. *Vet. World*, **12**(9): 1408-15.
 - Iidzuka Y. and Aranishi F. (2008). DNA fingerprinting for ostreidae oysters in Kyushu. *Laguna*, **15**: 69-76.
 - Kunda R.M., Handayani N.S.N., Wijayanto H. and Widayanti R. (2015). Study of genetic marker of cuscuses (*Marsupialia: Phalangeridae*) from Maluku and Papua based on cytochrome B gene sequences. *Pak. J. Biol. Sci.*, **19**(3): 122-35.
 - Kunda R.M., Handayani N.S.N., Wijayanto H. and Widayanti R. (2017). DNA barcoding of cuscuses (*Marsupialia: Phalangeridae*) from Maluku and Papua. *Asian J. Anim. Vet. Adv.*, **12**(5): 227-38.
 - Ngo Thi Kim Cuc, Simianer H., Groeneveld L.F. and Weigend S. (2011). Multiple Maternal Lineages of Vietnamese Local Chickens Inferred by Mitochondrial DNA D-loop Sequences. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, **24**(2): 155-61.
 - Pilgrim G.E. (1947). The evolution of the buffaloes, oxen, sheep and goats. *Zool. J. Lin. Soc.*, **41**(279): 272-86.
 - Sharifi R.S., Sofla S.S. and Seyedabadi H.R. (2017). Genetic Diversity and Molecular Phylogeny of Iranian Goats Based on Cytochrome Oxidase I. *J. Vet.*, **18**(4): 565-70.
 - Shi W. and Ye H. (2007). Genetic structure in four geographic populations of the oriental fruit fly, *Bactrocera dorsalis* (Hendel) (Diptera: Tephritidae) located in the seasonal occurrence zone in Yunnan Province. *Act. Eco. Sin.*, **6**: 2477-82.
 - Nguyễn Ngọc Tấn, Trầm Minh Thành, Phạm Thị Thu và Hoàng Tuấn Thành (2018). Đa hình nucleotide trên vùng D-loop ty thể dê bản địa tại Ninh Thuận. *Tạp chí KHKT Chăn nuôi*, **24**(1): 20-24.
 - Nguyễn Ngọc Tấn, Nguyễn Phạm Kim Ngân, Hoàng Tuấn Thành, Phạm Công Thiệu và Nguyễn Công Định (2020). Đa dạng nucleotide trên vùng D-loop ty thể của một số quần thể trâu bản địa Việt nam. *Tạp chí KHKT Chăn nuôi*, **25**(4): 2-7.
 - Tawaf R., Heriyadi D., Anang A., Sulaeman M. and Hidayat R. (2011). Empowerment of Small Holder Farmers Business Garut Sheep in West Java. *International Conference on Sustainable Agricultural and Food Security: Challenges and Opportunities*, London, United Kingdom. Pp: 1-8.
 - Wan X., Liu Y. and Zhang B. (2012). Invasion history of the oriental fruit fly, *Bactrocera dorsalis*, in the Pacific-Asia region: Two main invasion routes. *PLoS One*, **7**(5): e36176.
 - Waugh J. (2007). DNA barcoding in animal species: Progress, potential and pitfalls. *Bio. Essays*, **29**(2): 188-97.

ẢNH HƯỞNG CỦA CÁC YẾU TỐ ĐẾN SỐ LƯỢNG VÀ CHẤT LƯỢNG TINH DỊCH CỦA LỢN DVN1, DVN2 TỪ NGUỒN GEN DUROC CANADA QUA 3 THỂ HỆ

Phạm Thị Minh Nụ^{1*}, Phạm Duy Phẩm², Trịnh Quang Tuyên², Trịnh Hồng Sơn² và Nguyễn Văn Đức³

Ngày nhận bài báo: 15/11/2021 - Ngày nhận bài phản biện: 20/12/2021

Ngày bài báo được chấp nhận đăng: 30/12/2021

TÓM TẮT

¹ Đại học Hải Phòng

² Trung tâm nghiên cứu lợn Thụy Phương

³ Hội Chăn nuôi Việt Nam

Tác giả liên hệ: ThS. Phạm Thị Minh Nụ - Đại học Hải Phòng. Điện thoại: 0989854276; Email: minhnuhdhp@gmail.com