

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA QUẦN THỂ GÀ LẠC SƠN BẰNG CHỈ THỊ MICROSATELLITE

Ngô Thị Kim Cúc*, Nguyễn Văn Ba

*Viện Chăn nuôi***Tác giả liên hệ: cucngokim@yahoo.com*

Ngày nhận bài: 08.04.2019

Ngày chấp nhận đăng: 22.04.2019

TÓM TẮT

Nghiên cứu này nhằm đánh giá đa dạng di truyền và sai khác di truyền của gà Lạc Sơn với một số giống gà khác thông qua sử dụng 20 chỉ thị microsatellites. Kết quả chỉ ra rằng các locus sử dụng trong nghiên cứu này là đa hình và phong phú về alen với trung bình số alen trên một locus là 6,73. Gà Lạc Sơn có tính đa dạng di truyền ở mức trung bình với dị hợp tử lý thuyết là 0,60, số alen trung bình là 6,05 alen/locus; hệ số cận huyết rất thấp. Khoảng cách di truyền giữa gà Lạc Sơn với gà Tai đỏ là lớn nhất và với gà Đông Tảo là nhỏ nhất và có phân bố riêng một nhánh trong cây quan hệ phát sinh loài. Sự khác biệt về di truyền giữa các quần thể phụ thuộc vào khoảng cách địa lý. Ba giống gà Ri, Đông Tảo và Mía ở vùng đồng bằng sông Hồng được xếp chung vào một nhóm. Giống gà Lạc Sơn ở vùng Bắc Trung Bộ tách thành một nhánh riêng và khác biệt với gà rừng Tai đỏ.

Từ khóa: Gà Lạc Sơn, đa dạng di truyền, sai khác di truyền, microsatellite.

Assessment of Genetic Diversity of Lac Son Chicken using Microsatellite Markers**ABSTRACT**

The objective of this study was to assess genetic diversity and genetic differentiation between Lạc Sơn chicken and other native chicken breeds using 20 microsatellite markers. The results indicated that microsatellite markers studied were polymorphic with an average of 6.73 alleles/locus. The genetic diversity of Lạc Sơn chicken was on the average level with the expected heterozygosity of 0.60 and the number of alleles/locus was 6.05. The inbreeding coefficient of Lạc Sơn chicken was very low. The lowest genetic distance was found between Lạc Sơn chicken and Đông Tảo chicken but the highest genetic distance was found between Lạc Sơn chicken and Tai đỏ chicken. Sub-structuring of the Vietnamese chicken breeds was related to their geographical distribution distance. Three chicken breeds, viz. Ri, Đông Tao and Mia, in the Red River Delta were in the same group, while Lạc Sơn chicken in the northern central region was separated and different from Tai Đỏ chicken (Red Jungle Fowl) breed.

Keywords: Microsatellite markers, genetic diversity, genetic differentiation, Lạc Sơn chicken.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Gà Lạc Sơn có nguồn gốc ở xã Lạc Sơn thuộc huyện Tuyên Hoá, tỉnh Quảng Bình. Đây là giống gà được cộng đồng người dân địa phương nuôi từ lâu đời, nó gắn liền với tập quán văn hóa và đời sống tinh thần của người dân ở đây. Giống gà này có chất lượng thịt thơm ngon, khả năng thích nghi tốt với điều kiện chăn nuôi ở địa phương. Gà Lạc Sơn lúc 1 ngày tuổi có lông đồng nhất màu trắng ngà, chân và mỏ màu vàng. Lúc 20 tuần tuổi, gà trống có lông màu vàng sẫm, đỏ tía, chân vàng và da vàng; gà mái có lông vàng nhạt, vàng và xám, chân vàng và da vàng. Lúc 8 tuần tuổi khối lượng trung bình của gà trống

đạt 615,4-633,2 g/con, gà mái đạt 492,1-500,2 g/con. Đến 20 tuần tuổi, khối lượng con mái là 1.304,2-1.402,2 g gà Lạc Sơn có năng suất trứng đạt 115 quả (Phạm Công Thiều, 2016; Mai Văn Minh, 2017).

Giống gà Lạc Sơn được nuôi giữ và bảo tồn từ năm 2013. Đây là giống gà mới được phát hiện, do vậy việc đánh giá về kiểu hình và kiểu gen đóng vai trò quan trọng nhằm xác định mối quan hệ di truyền của quần thể này với các quần thể gà khác. Từ đó có thể xây dựng chương trình bảo tồn các giống phù hợp trong điều kiện ngân sách dành cho bảo tồn là hạn chế. Bên cạnh đó, để sử dụng có hiệu quả nguồn gen này thì việc đánh giá mức độ đa dạng di truyền

của quần thể, mức độ cận huyết trong quần thể nhằm đưa ra giải pháp phù hợp trong tương lai để nâng cao năng suất của giống là cần thiết. Do vậy, mối quan hệ di truyền của quần thể gà Lạc Sơn với các quần thể gà khác có ngoại hình và khối lượng tương tự như gà Ri, gà Mía, gà Đông Tảo và gà rừng Tai đỏ cần phải được đánh giá. Trong những năm gần đây, nhờ sự phát triển của công nghệ sinh học hiện đại, microsatellite đã được sử dụng và được FAO khuyến cáo (FAO, 2007) dùng để đánh giá đa dạng di truyền quần thể và mức độ cận huyết của quần thể, xác định khoảng cách di truyền và cây phân loài di truyền giữa các quần thể. Chính vì vậy, chúng tôi tiến hành nghiên cứu này nhằm đánh giá đa dạng di truyền và sai khác di truyền của gà Lạc Sơn so sánh với một số giống gà nội khác.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

2.1. Đối tượng, địa điểm và thời gian nghiên cứu

Đối tượng nghiên cứu được thực hiện trên giống gà Lạc Sơn với số lượng 40 mẫu được thu thập tại Trung tâm Giống vật nuôi Quảng Bình, tỉnh Quảng Bình năm 2018. Các cá thể trong quần thể là các cá thể xuất sắc được thu thập về từ các nông hộ khác nhau trong tỉnh. Trong quá trình lấy mẫu nhóm tác giả đã tránh lấy mẫu những cá thể có quan hệ huyết thống với nhau.

Các giống gà Đông Tảo, Mía, Ri, Tai đỏ được sử dụng như là quần thể tham chiếu và là dữ liệu sẵn có tại Phòng thí nghiệm trọng điểm công nghệ tế bào động vật của Viện Chăn nuôi từ các đề tài trước đây (Lê Thị Thúy, 2010, Hoàng Xuân Thủy, 2018)

Các cá thể gà được chọn để lấy mẫu ngẫu nhiên và hạn chế tối đa mối quan hệ huyết thống giữa chúng.

Nghiên cứu trong phòng thí nghiệm được tiến hành tại Phòng thí nghiệm trọng điểm Công nghệ Tế bào Động vật, Viện Chăn nuôi.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Lấy mẫu máu và tách ADN

Lấy mỗi cá thể khoảng 1 ml máu từ tĩnh mạch cánh bằng loại kim và ống lấy mẫu

chuyên dụng, chuyển ngay mẫu máu sau khi lấy vào tube eppendorf 1,5 ml có nắp kín chứa 50 µl dung dịch EDTA 0,5 M, lắc nhẹ cho đều sau đó chuyển mẫu vào hộp lạnh để bảo quản.

Tách ADN bằng bộ kit Quiagen (Đức), tách ADN từ máu.

2.2.2. Quy trình thí nghiệm

Nghiên cứu này sử dụng 20 locus microsatellite theo khuyến cáo của FAO (FAO, 2007) và dự án phát triển chiến lược và áp dụng kỹ thuật phân tử để đánh giá đa dạng sinh học nguồn gen gà Châu Âu (AVIANDIV, <https://aviandiv.fli.de/standardproben.html>). Thông tin chi tiết về 20 locus microsatellite trong nghiên cứu được thể hiện ở bảng 1.

Bộ kit Multiplex Master Mix PCR của hãng Quiagen được sử dụng để thực hiện các phản ứng PCR đa mỗi khuếch đại cùng lúc nhiều locus microsatellite. Các môi xuôi được gắn màu huỳnh quang là đen, lam và lục. Sản phẩm PCR được đưa vào máy CEQ8000 để phân tích xác định kích thước của chúng. Bốn mix PCR đa mỗi được chuẩn hóa để khuếch đại các locus. Mix I gồm 6 locus MCW0295, ADL0112, MCW0216, MCW0014, MCW0098 và LEI234 gắn mỗi tại 60°C. Mix II gồm 5 locus MCW0111, MCW0078, MCW0222, LEI0094, MCW0183 gắn mỗi tại 57°C. Mix III gồm 5 locus ADL0268, MCW0037, MCW0067, MCW0206, LEI192 gắn mỗi tại 58°C. Mix IV gồm 4 locus MCW0081, MCW0248, LEI0166, MCW0330 gắn mỗi tại 60°C.

Các alen được xác định kích thước bằng máy CEQ8000 của hãng Beckman Coulter. Thành phần trong mỗi phản ứng được đưa vào máy CEQ8000 gồm: 25 µl đệm SLS, 0,17 µl size standard 400, 06-0,8 µl sản phẩm PCR. Phần mềm CEQ Genetic System sẽ cho ra danh sách các alen của từng locus ở mỗi cá thể dưới dạng file Excel. Hệ thống máy CEQ 8000 được thể hiện trong hình 1.

2.3. Xử lý số liệu

Số lượng alen và trung bình số alen trên mỗi chỉ thị, tần số dị hợp tử lý thuyết (He), dị hợp tử quan sát (Ho), hệ số cận huyết (Fis) của các quần thể được ước lượng bằng phần mềm Genetix 4.0.5.2. (Belkhir *et al.*, 2004).

Bảng 1. Các cặp mỗi microsatellite được sử dụng trong nghiên cứu

Locus	NST	Trình tự mỗi (5' -> 3') xuôi (ở trên), mỗi ngược (ở dưới)	T° gắn mỗi	Mã GeneBank	Khoảng alen
MCW 0295	4	ATCACTACAGAACACCCTCTC TATGTATGCACGCAGATATCC	60	G32052	88-106
ADL 0112	10	GGCTTAAGCTGACCCATTAT ATCTCAAATGTAATGCGTGC	58	G01725	120-134
MCW 0216	13	GGGTTTTACAGGATGGGACG AGTTTCACTCCCAGGGCTCG	60	AF030586	139-149
MCW 0014	6	TATTGGCTCTAGGAACTGTC GAAATGAAGGTAAGACTAGC	58	L40040	164-182
MCW 0098	4	GGCTGCTTTGTGCTCTTCTCG CGATGGTCGTAATTCTCACGT	60	L40074	261-265
LEI 234	2	ATGCATCAGATTGGTATTCAA CGTGGCTGTGAACAAATATG	60	Z94837	216-364
MCW 0078	5	CCACACGGAGAGGAGAAGGTCT TAGCATATGAGTGTACTGAGCTTC	60	L43686	135-147
MCW 0111	1	GCTCCATGTGAAGTGGTTTA ATGTCCAATTGTCAATGATG	60	L48909	96-120
MCW 0222	3	GCAGTTACATTGAAATGATTCC TTCTCAAACACCTAGAAGAC	60	G31996	220-226
LEI 0094	4	GATCTCACCAGTATGAGCTGC TCTCACACTGTAACACAGTGC	60	X83246	247-287
MCW 0183	7	ATCCCAGTGTCGAGTATCCGA TGAGATTTACTGGAGCCTGCC	58	G31974	296-326
ADL 0268	1	CTCCACCCCTCTCAGAACTA CAACTTCCCATCTACCTACT	60	G01688	102-116
MCW 0037	3	ACCGGTGCCATCAATTACCTATTA GAAAGCTCACATGACACTGCGAAA	64	L43676	154-160
MCW 0067	10	GCACTACTGTGTGCTGCAGTTT GAGATGTAGTTGCCACATTCCGAC	60	G31945	176-186
MCW 0206	2	ACATCTAGAATTGACTGTTCAC CTTGACAGTGATGCATTAATG	60	AF030579	221-249
LEI 192	6	TGCCAGAGCTTCAGTCTGT GTCATTACTGTTATGTTTATTGC		Z83797	244-370
MCW 0248	W29	GTTGTTCAAAGAAGATGCATG TTGCATTAAGTGGCACTTTC	60	G32016	205-225
MCW 0081	5	GTTGCTGAGAGCCTGGTGCAG CCTGTATGTGGAATTACTTCTC	60	L43636	112-135
LEI 0166	3	CTCCTGCCCTTAGCTACGCA TATCCCCTGGCTGGGAGTTT	60	X85531	354-370
MCW 0330	17	TGGACCTCATCAGTCTGACAG AATGTTCTCATAGAGTTCCTGC	60	G32085	256-300

Khoảng cách di truyền của 5 giống gà nội được ước lượng theo giá trị D_s (Nei 1972). Phương pháp phân tích thành phần chính (PCA) được thực hiện bằng phần mềm Genetic phiên bản 4.0.5.2. (Belkhir *et al.*, 2004). Cây quan hệ di truyền được xây dựng theo phương pháp neighbour joining và dựa trên khoảng cách di truyền của Nei (1972) với giả thuyết các giống có mức độ tiến hóa tương tự nhau sử dụng phần mềm PHYLIP (Felsenstein, 1993).

Cấu trúc di truyền của các giống gà được thực hiện dựa trên phương pháp đa biến-phân tích biệt thức các thành phần chính (Discriminant Analysis of Principal Components-DAPC) theo Jombart & Collins (2015) bằng gói phần mềm “adeget” trong môi trường ngôn ngữ thống kê R phiên bản 2.0.0. Số lượng trục tối ưu của các thành phần chính được lựa chọn dựa vào các giá trị phương sai với tỷ lệ phương sai duy trì tối thiểu đạt 95%.

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đa dạng di truyền của quần thể gà Lạc Sơn

3.1.1. Tính đa dạng các locus microsatellite

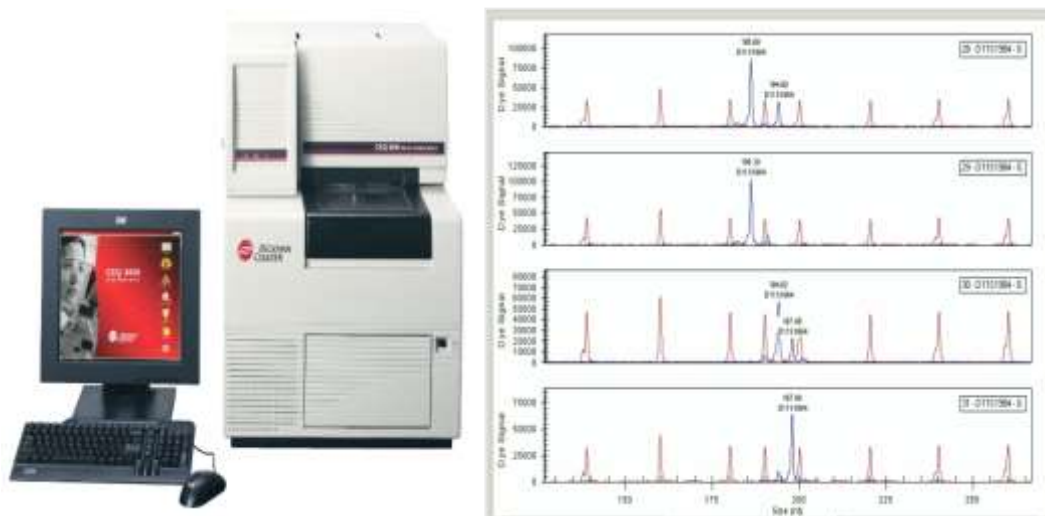
Kết quả bảng 3 với tổng số 235 alen phân tích được của 20 chỉ thị microsatellite chỉ ra rằng các microsatellite sử dụng trong nghiên cứu này là đa hình và phong phú về alen. Với gà

Lạc Sơn, kết quả phân tích đa dạng các microsatellite của gà Lạc Sơn thu được tổng số 121 alen. Số alen trong một locus biến động từ 2 (MCW098) đến 19 (LEI234) alen. Kết quả bảng 2 chỉ ra rằng so với các quần thể khác quần thể gà Lạc Sơn có tổng số alen thấp nhất. Quần thể có tổng số alen cao nhất là quần thể gà Mía.

3.1.2. Đa dạng di truyền trong quần thể

Đa dạng di truyền trong quần thể được thể hiện qua giá trị dị hợp tử mong đợi và số lượng alen/locus. Số lượng alen/locus, dị hợp tử mong đợi và dị hợp tử quan sát ở mỗi quần thể gà được trình bày ở bảng 3.

Trung bình số alen trên một locus của quần thể gà Lạc sơn là 6,73 alen. Các nghiên cứu gần đây về đa dạng di truyền của các quần thể gà nội ở Việt Nam của Nguyễn Khắc Khánh (2015) cho thấy trung bình số alen trên một locus của 6 quần thể nghiên cứu là 11,10. Nghiên cứu của Ngô Thị Kim Cúc và Nguyễn Thanh Sơn (2018) cho thấy trung bình số alen trên một locus của 6 quần thể gà nội là từ 5,8 và 6,67 alen. Abebe *et al.* (2015) đã chỉ ra rằng số lượng alen trung bình trên 1 locus của 5 giống gà Thụy Điển là 4,7 alen. Okumo *et al.* (2017) nghiên cứu trên 8 quần thể gà nội Kenya cho thấy. số lượng alen trên một locus là 15,7 alen. Fathi *et al.* (2018) và Karsli và Balcioglu (2019) nghiên cứu trên 6 giống gà nội của Saudi và gà đẻ trứng chỉ ra rằng số lượng alen trên một locus là 4,35-5,45 alen.



Hình 1. Hệ thống máy CEQ 8000

Bảng 2. Số lượng các alen của các locus, tổng số alen/locus/quần thể và tổng alen/quần thể

Locus	Lạc Sơn	Quần thể tham chiếu*					Tổng
		Tai đỏ	Ri	Mía	Đông Tảo	Tổng	
MCW 0295	7	7	5	8	6	10	
ADL 0112	3	5	3	4	4	6	
MCW 0216	6	7	4	6	5	9	
MCW 0014	8	8	8	6	6	11	
MCW 0098	2	3	3	3	2	4	
LEI 234	19	18	15	26	14	41	
MCW 0078	7	6	4	5	6	7	
MCW 0111	4	6	4	3	2	6	
MCW 0222	2	5	4	2	3	5	
LEI 0094	10	11	11	12	11	18	
MCW 0183	7	9	8	9	7	13	
ADL 0268	3	8	4	6	5	8	
MCW 0037	3	4	6	4	4	6	
MCW 0067	4	7	6	5	4	8	
MCW 0206	6	7	8	9	8	13	
LEI 192	9	16	10	18	16	34	
MCW 0248	5	6	4	3	3	8	
MCW 0081	4	4	4	6	4	6	
LEI 0166	4	4	6	7	8	10	
MCW 0330	8	5	9	11	9	12	
Tổng	121	146	126	153	127	235	

Ghi chú: * Nguồn: Lê Thị Thúy, 2010; Hoàng Xuân Thủy, 2018

Bảng 3. Số lượng alen/locus, dị hợp tử mong đợi và dị hợp tử quan sát ở mỗi quần thể gà

Breeds	n	Alleles/locus (X ± SD)	HE ± SD	Ho ± SD	Fis ± SD
Lạc Sơn	40	6,05 ± 3,85	0,61 ± 0,14	0,61 ± 0,14	0,01 ± 0,15
Quần thể tham chiếu *					
Tai đỏ	40	7,30 ± 3,84	0,70 ± 0,19	0,67 ± 0,21	0,06 ± 0,16
Ri	55	6,30 ± 3,15	0,64 ± 0,14	0,58 ± 0,14	0,09 ± 0,13
Mía	55	7,65 ± 5,74	0,64 ± 0,19	0,54 ± 0,17	0,16 ± 0,13
Đông Tảo	55	6,35 ± 3,79	0,60 ± 0,17	0,55 ± 0,17	0,10 ± 0,13
Trung bình	49	6,73 ± 0,701	0,64 ± 0,039	0,59 ± 0,052	0,08 ± 0,055

Ghi chú: * Nguồn: Lê Thị Thúy, 2010; Hoàng Xuân Thủy, 2018

So với các nghiên cứu gần đây, số lượng alen trung bình trên 1 locus của nghiên cứu này là thấp hơn nghiên cứu Nguyễn Khắc Khánh (2016) và Okumo *et al.* (2017) nhưng cao hơn nghiên cứu của Cuc *et al.* (2010), Ngô Thị Kim Cúc và Nguyễn Thanh Sơn (2018),

Abebe *et al.* (2015), Fathi *et al.* (2018) và Karsli & Balcioglu (2019). Sự khác nhau này có thể do nghiên cứu của Nguyễn Khắc Khánh (2016) được tiến hành trên các quần thể gà nuôi giữ quỹ gen chưa được chọn lọc theo các tính trạng mong muốn. Nghiên cứu của Okumo *et al.*

(2017) được tiến hành trên các quần thể gà có số lượng lớn và đặc trưng của chăn nuôi gà ở châu Phi là nuôi chăn thả trên diện rộng hạn chế sự giao phối giữa các cá thể có quan hệ họ hàng. Ngược lại các giống gà ở Thụy điển (Abebe *et al.*, 2015) và các giống gà trong nghiên cứu của Karsli & Balcioglu (2019); Ngô Thị Kim Cúc và Nguyễn Thanh Sơn (2018); Cuc *et al.* (2010); Abebe *et al.* (2015); Karsli & Balcioglu (2019) là các giống gà đã được chọn lọc theo các tính trạng mong muốn qua nhiều thế hệ.

Tần số dị hợp tử lý thuyết của giống gà Đông Tảo và gà Lạc Sơn là thấp nhất lần lượt là 0,60 và 0,61 và cao nhất là gà Tai đỏ (0,70). So với các nghiên cứu trước đây trên các giống gà Việt nam thì dị hợp tử lý thuyết của gà Lạc Sơn là thấp hơn các nghiên cứu trên các giống gà nội khác của (Cuc *et al.*, 2010; Nguyễn Văn Ba, 2013 & Nguyễn Khắc Khánh, 2015; Ngô Thị Kim Cúc & Nguyễn Thanh Sơn, 2016) nhưng cao hơn các quần thể gà nội ở Hà Giang (Berthouly *et al.*, 2009). So với các giống gà nội khác trên thế giới thì dị hợp tử mong đợi của gà Lạc Sơn cao hơn các giống gà nội khác của châu Á và châu Phi (Granevitze *et al.*, 2007; Tadano *et al.*, 2007; Berthouly *et al.*, 2009; Lyno *et al.*, 2014; Abebe *et al.*, 2015; Okumo *et al.*, 2017; Karsli & Balcioglu, 2018) nhưng thấp hơn trong nghiên cứu của Fathi *et al.* (2018).

Hệ số cận huyết trung bình trên 5 giống gà là 0,08. Trong đó cận huyết cao nhất ở giống gà Mía và thấp nhất là giống gà Lạc Sơn. Hệ số cận huyết của gà Lạc Sơn rất thấp (0,01) chứng tỏ giống gà này không có sự giao phối cận huyết xảy ra trong quần thể. Karsli & Balcioglu (2018) nghiên cứu trên 22 microsatellite trên 6 quần thể gà chỉ ra rằng hệ số cận huyết của các giống gà trong nghiên cứu này là từ 0,16 đến 0,46. So với các giống gà nội Việt Nam trong các nghiên cứu

khác, hệ số cận huyết của giống gà này là thấp hơn các nghiên cứu của (Cuc *et al.*, 2010; Nguyễn Văn Ba, 2013; Nguyễn Khắc Khánh, 2015; Ngô Thị Kim Cúc & Nguyễn Thanh Sơn, 2016). So với các nghiên cứu trên các giống gà nội khác, hệ số cận huyết của giống gà lạc sơn cũng thấp hơn nhiều. Lyimo *et al.* (2014) đã chỉ ra rằng giá trị cận huyết của các quần thể châu Á là từ 0,28 đến 0,63. Giá trị cận huyết của các quần thể gà ở châu Phi là từ 0,19 đến 0,70 và của các quần thể châu Âu là từ -0,113 đến 0,091.

3.2. Đánh giá sai khác di truyền của gà Lạc Sơn với các giống gà nội Việt Nam

3.2.1. Khoảng cách di truyền giữa các giống

Bảng 4 chỉ ra rằng khoảng cách di truyền giữa các giống có sự biến động từ 0,06 giữa gà Mía và gà Đông Tảo đến 0,35 giữa gà Tai đỏ và gà Lạc Sơn. Gà Tai đỏ có khoảng cách di truyền khá xa với 3 giống gà Mía, Ri và Đông Tảo (0,32-0,33). Gà Lạc Sơn cũng có khoảng cách di truyền khá xa với 3 giống gà trên (0,27-0,28). Kết quả của Cuc và *et al.* (2010) sử dụng 29 microsatellite khi nghiên cứu 9 giống gà nội và 2 giống gà Trung Quốc đã xác định rằng các giống gà Việt Nam có sự khác biệt so với các giống gà Trung Quốc và khoảng cách di truyền của các giống gà nội Việt Nam có liên quan đến khoảng cách về mặt địa lý của các giống gà nghiên cứu. Nguyễn Khắc Khánh (2015) chỉ ra rằng khoảng cách di truyền giữa 6 giống gà nội là từ 0,024-0,960. Các nghiên cứu trên thế giới cho thấy khoảng cách di truyền giữa các quần thể châu Âu là từ 0,108-0,120 (Lyimo *et al.*, 2014), khoảng cách di truyền giữa các quần thể gà Saudi và gà Kenya lần lượt là từ 0,11 đến 0,38 và từ 0,017 đến 0,126 (Fathi *et al.*, 2017; Okumo *et al.*, 2017).

Bảng 4. Khoảng cách di truyền 5 giống gà

	Đông Tảo	Mía	Ri	Tai Đỏ	Lạc Sơn
Đông Tảo	0	0.06	0.14	0.33	0.27
Mía	*	0	0.11	0.32	0.28
Ri	*	*	0	0.32	0.28
Tai đỏ	*	*	*	0	0.35
Lạc Sơn	*	*	*	*	0

3.2.2. Thành phần chính và cây quan hệ phát sinh loài

Kết quả cho thấy 5 giống gà phân bố thành 3 nhóm chính: Nhóm 1 gồm 3 giống gà Mía, gà Đông Tảo và gà Ri có phân bố gần nhau. Trong đó gà Mía và Đông Tảo rất gần nhau, gà Ri hơi tách ra một chút. Nhóm 2 gồm gà Tai đỏ nằm độc lập và nhóm 3 là giống gà Lạc Sơn phân bố xa và tách biệt rõ ràng độc lập với 2 nhóm trên.

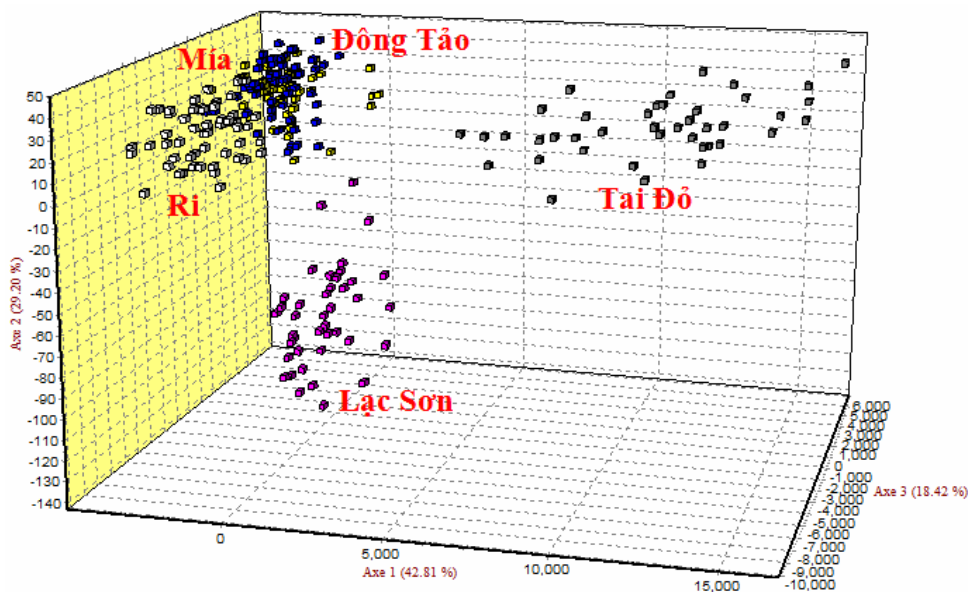
Cây quan hệ phát sinh loài giữa các giống được minh họa ở hình 3. Tương tự như kết quả PCA, 5 giống gà phân bố thành 3 nhánh chính trên cây phát sinh chủng loài: Nhánh 1: Gồm 3 giống gà: Ri, Đông Tảo và Mía. Trong nhánh này, hai giống gà Mía và Đông Tảo có mối quan hệ gần gũi nhau hơn so với gà Ri. Nhánh 2 là giống gà Tai đỏ và nhánh 3 là giống gà Lạc Sơn. Gà Lạc Sơn có khoảng cách di truyền rất xa so với các giống gà khác và tiến hóa theo hướng riêng.

3.3.2. Cấu trúc di truyền của các giống

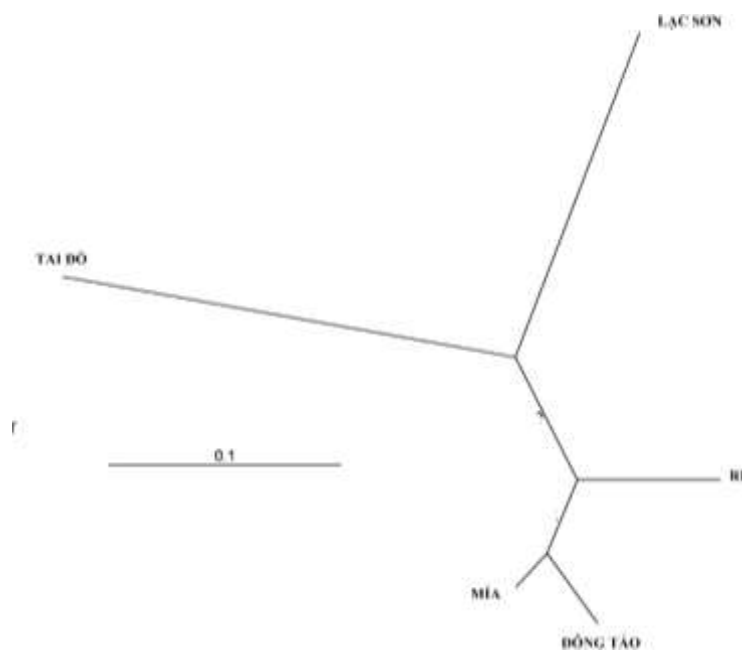
Để xác định khả năng 5 giống gà nội có bao nhiêu cấu trúc di truyền, chúng tôi sử dụng phân tích DAPC với giả lập số cấu trúc (K) từ 1 đến 10. Kết quả cho thấy số cấu trúc khả năng cao nhất là 3, tức là trong 6 giống tồn tại 3 cấu trúc di truyền. Cấu trúc di truyền của các quần thể gà được trình bày ở hình 4.

Phân tích cấu trúc di truyền chỉ ra rằng cả 5 giống gà nghiên cứu đều có cấu trúc di truyền thuần. Tuy nhiên gà Tai Đỏ có tỷ lệ nhỏ gen của nhóm gà Ri có thể do cá thể này bị lai tạp với gà bản địa trong khu vực lân cận rừng Cúc Phương. Kết quả này là phù hợp với nghiên cứu của Berthouly *et al.* (2009) đã nghiên cứu quần thể gà Hà Giang và kết luận rằng có một số lượng lớn alen chung giữa gà Hà Giang và gà rừng. Một nghiên cứu so sánh gà bản địa với các dòng gà thương mại Thái Lan (Dorji *et al.*, 2011) đã phát hiện ra 4 nhóm cấu trúc di truyền theo các các mục đích khai thác nhau. Lyimo *et al.* (2014) nghiên cứu trên các giống gà ở các châu lục khác nhau cho thấy hai nhóm di truyền chính gồm các giống gà tây bắc châu Âu và châu Á, trong khi đó các quần thể gà châu Phi chồng lấp với các giống khác từ Đông Âu và vùng Địa Trung Hải. Gà thịt và gà trứng nâu nằm giữa cụm châu Á và Tây Bắc Âu.

Kết quả phân tích cấu trúc cũng phù hợp với cây quan hệ phát sinh loài và kết quả PCA mà 5 giống gà phân bố trong 3 nhóm cấu trúc di truyền. Nhóm cấu trúc 1: Bao gồm 3 giống gà Đông Tảo, gà Mía và gà Ri. Nhóm cấu trúc 2 là giống gà Tai đỏ. Nhóm cấu trúc 3 là giống gà Lạc Sơn. Như vậy kết quả phân tích cho thấy 3 giống gà Đông Tảo, Mía và gà Ri có khoảng cách di truyền gần gũi với nhau và khác xa so với các giống gà Lạc Sơn và gà Tai đỏ.



Hình 2. Kết quả PCA 5 giống gà nội



Hình 3. Cây quan hệ phát sinh loài



Hình 4. Cấu trúc di truyền của 5 giống gà

4. KẾT LUẬN

Các locus sử dụng trong nghiên cứu này là đa hình và phong phú về alen. Gà Lạc Sơn có tính đa dạng di truyền ở mức trung bình với dị hợp tử lý thuyết là 0,60 với hệ số cận huyết rất thấp.

Khoảng cách di truyền của gà Lạc Sơn lớn nhất với gà tai đỏ và nhỏ nhất với gà Đông Tảo và có phân bố riêng một nhánh trong cây quan hệ phát sinh loài

Sự khác biệt về di truyền giữa các quần thể phụ thuộc vào khoảng cách địa lý. Ba giống gà: Ri, Đông Tảo và Mía ở vùng đồng bằng sông Hồng được nhóm chung vào một nhóm. Giống gà Lạc sơn ở vùng Bắc Trung Bộ tách thành một nhánh riêng và khác biệt với gà rừng Tai Đỏ.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được thực hiện trong khuôn khổ đề tài cấp quốc gia “nghiên cứu khai

thác và phát triển nguồn gen gà Nhiều Ngón và gà Lạc Sơn” thời gian thực hiện từ năm 2018-2021. Nhóm tác giả chân thành cảm ơn Bộ Khoa học và Công Nghệ, Trung tâm giống vật nuôi Quảng Bình, phòng Thí nghiệm Trọng điểm Công nghệ Tế bào Động vật và Bộ môn Di truyền Giống Vật nuôi, Viện Chăn nuôi.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Abebe A.S., S. Mikko & A.M. Johansson (2015). Genetic diversity of five local Swedish chicken breeds detected by microsatellite markers. *PLoS One*. 10:e0120580-e0120580. doi:10.1371/journal.pone.0120580.
- Belkhir K., P. Borsa, L. Chikhi, N. Raufaste & F. Catch (2004). GENETIX 4.0.5.2, Population genetics software for Windows TM. Université de Montpellier II. Montpellier. <http://www.genetix.univ-montp2.fr/genetix/genetix.htm>
- Berthouly C., G. Leroy, T.N. Van, H.H. Thanh, B. Bed'Hom, B.T. Nguyen, C.V. Chi, F. Monicat, M. Tixier-Boichard, E. Verrier, J.C. Maillard & X.

- Rognon (2009). Genetic analysis of local Vietnamese chickens provides evidence of gene flow from wild to domestic populations. *BMC Genet.* 10: 1. doi:10.1186/1471-2156-10-1.
- Cuc, N. T. K., H. Simianer, H. Eding, H. V. Tieu, V. C. Cuong, C.B.A. Wollny, L.F. Groeneveld & S. Weigend (2010). Assessing genetic diversity of Vietnamese local chicken breeds using microsatellites. *Anim. Genet.* 41: 545-547.
- Dorji N., M. Daungjinda & Y. Phasuk (2011). Genetic characterization of Thai indigenous chickens compared with commercial lines. *Trop. Anim. Health Prod.* 43: 779-785.
- FAO (2007). Global Plan of Action for Animal Genetic Resources and the Interlaken Declaration. Rome. http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/genetics/documents/Interlaken/GPA_en.pdf.
- Fathi M.M., I. Al-Homidan, M.I. Motawei, O.K. Abou-Emera & M.F. El-Zarei (2017). Evaluation of genetic diversity of Saudi native chicken populations using microsatellite markers. *Poult. Sci.* 96: 530-536.
- Fathi M., El-Zarei M. Al-Homidan., I., O Abou-Emera O. (2018). Genetic diversity of Saudi native chicken breeds segregating for naked neck and frizzle genes using microsatellite markers. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences.* 31(12): 1871-1880.
- Felsenstein J. (1993). PHYLIP (phylogeny inference package). Version 3.695. Department of Genetics, University of Washington, Seattle. <http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html>
- Granevitze Z., Hillel J., Chen G.H., Cuc N.T.K., Feldman M., Eding H. & Weigend S. (2007). Genetic diversity within chicken populations from different continents and management histories. *Animal Genetics* 38: 576-583.
- Hoàng Xuân Thủy (2018). Báo cáo tổng kết đề tài “Khai thác và phát triển gà rừng tai đỏ tại Cúc Phương”. Bộ Khoa học và Công Nghệ.
- Jombart T. & Caitlin Collins (2015). A tutorial for Discriminant Analysis of Principal Components (DAPC) using adegenet 2.0.0 (<http://adegenet.r-forge.r-project.org/files/tutorial-dapc.pdf>)
- Karsli T. & Murat Soner Balcýođlu, M.S. (2018). Genetic characterization and population structure of six brown layer pure lines using microsatellite markers. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences.* 32(1): 49-57
- Lê Thị Thúy (2010). Báo cáo tổng kết đề tài “Nghiên cứu sự sai khác di truyền một số giống gà nội bằng chỉ thị phân tử”. Bộ Nông nghiệp và Phát triển Nông thôn.
- Lyimo C.M., Weigend A., Msoffe P.L., Eding H., Simianer H. & Weigend S. (2014.) Global diversity and genetic contributions of chicken populations from African, Asian and European regions. *Anim. Genet.* 45: 836-848.
- Mai Văn Minh (2017). Báo cáo kết quả nghiên cứu lưu giữ nguồn gen giống gà Lạc Sơn trong nông hộ tại xã Vĩnh Ninh, Quảng Ninh, Quảng Bình.
- Nguyễn Văn Ba (2013). Đánh giá ADN/ khoảng cách di truyền của giống gà Ngón. Báo cáo kết quả bảo tồn và lưu giữ nguồn gen vật nuôi. Viện Chăn nuôi.
- Ngô Thị Kim Cúc và Nguyễn Thanh Sơn (2018). Đánh giá đa dạng di truyền và sai khác di truyền của hai dòng gà Ri với một số giống gà nội khác. *Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam.* 16(5): 473-480
- Nguyễn Khắc Khánh (2015). Đặc điểm di truyền và khả năng sản xuất của gà Nhiều ngón. Luận văn thạc sỹ nông nghiệp. Học viện Nông nghiệp Việt Nam.
- Nei, M. (1972). Genetic distance between populations. *Am. Nat.* pp. 283-292.
- Okumo N.O., Ngeranwa J.J.N., Binopal Y.S., Kahi A.K., Bramwel W.W., Ateya L.O. & F.C. Wekesa (2017). Genetic diversity of indigenous chickens from selected areas in Kenya using microsatellite markers. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology.* 15: 489-495.
- Phạm Công Thiều (2016). Báo cáo kết quả bảo tồn nguồn gen vật nuôi năm 2016. Viện Chăn nuôi.
- Tadano R., K. Kinoshita, M. Mizutani & M. Tsudzuki (2014). Comparison of microsatellite variations between Red Junglefowl and a commercial chicken gene pool. *Poult. Sci.* 93: 318-325.