

ẢNH HƯỞNG DI TRUYỀN CỘNG GỘP CỦA ĐA HÌNH GEN FSHB ĐẾN TÍNH TRẠNG SỐ CON CỦA LỢN LANDRACE, YORKSHIRE

Hà Xuân Bộ^{1*}, Lưu Thị Trang², Trần Xuân Mạnh², Nguyễn Văn Hùng² và Đỗ Đức Lực¹

Ngày nhận bài báo: 10/04/2021 - Ngày nhận bài phản biện: 10/05/2021

Ngày bài báo được chấp nhận đăng: 02/06/2021

TÓM TẮT

Nghiên cứu được tiến hành nhằm xác định tần số allel và tần số kiểu gen của đa hình gen Follicle Stimulating Hormone Beta (FSHB), đánh giá mối liên hệ giữa đa hình gen FSHB và ảnh hưởng di truyền cộng gộp của gen này đối với số con sơ sinh và cai sữa của lợn nái Landrace, Yorkshire. Tổng số 1.200 mẫu mô tai được thu thập từ 600 lợn nái Landrace và 600 lợn nái Yorkshire tại Công ty TNHH lợn giống hạt nhân Dabaco, Bắc Ninh, Việt Nam từ tháng 1/2017 đến tháng 6/2020. Đa hình của gen FSHB được xác định bằng kỹ thuật PCR-RFLP. Allel A và B của đa hình gen FSHB xuất hiện ở quần thể lợn nái Landrace với tần số tương ứng là 0,27 và 0,73. Allel A và B ở quần thể lợn nái Yorkshire với tần số lần lượt là 0,07 và 0,93. Tần số kiểu gen FSHB trong quần thể lợn Landrace và Yorkshire ở trạng thái cân bằng Hardy-Weinberg ($P > 0,05$). Đa hình gen FSHB và ảnh hưởng di truyền cộng gộp của gen này có nghĩa đối với tính trạng số con sơ sinh và cai sữa/ổ của lợn nái Landrace, nhưng không ảnh hưởng đến các tính trạng này của lợn nái Yorkshire. Việc chọn lọc và sử dụng lợn nái Landrace mang kiểu gen AA của gen FSHB có thể cải thiện được các tính trạng về số con sơ sinh và cai sữa/ổ so với các kiểu gen khác. Việc chọn lọc và sử dụng lợn nái Yorkshire mang kiểu gen FSHB không làm ảnh hưởng đến các chỉ tiêu về số con sơ sinh và cai sữa/ổ.

Từ khóa: Ảnh hưởng cộng gộp, ảnh hưởng trội, đa hình gen, lợn nái, năng suất sinh sản.

ABSTRACT

Additive genetic effects of FSHB Polymorphisms on litter size in Landrace and Yorkshire sows

The aim of this research was to estimate the allelic and genotypic frequency of the single nucleotide polymorphism present in the Follicle Stimulating Hormone Beta (FSHB) gene and to evaluate the association of the FSHB genotypes and its additive genetic effects with litter size in Landrace and Yorkshire sows. A total of 1,200 ear tissue samples including 600 Landrace sows and 600 Yorkshire sows were collected at Dabaco Nucleus Breeding Pig Company, Bac Ninh province, Vietnam from January 2017 to June 2020. Polymorphism of FSHB gene was identified using the polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism method (and primer-based mutation detection methods were used to identify polymorphism, and associations between the genotypes and the traits were analysed using a general linear model. The frequencies of alleles A and B in Landrace population were 0.27 and 0.73 respectively. In Yorkshire, the frequencies were 0.07 and 0.93 for alleles A and B respectively. The genotype frequencies of FSHB in Landrace and Yorkshire populations were in Hardy-Weinberg equilibrium ($P > 0.05$). FSHB polymorphism were significantly associated and its genetic effects with litter size in Landrace ($P < 0.05$), while were not significantly associated and its genetic effects with litter size in Yorkshire ($P > 0.05$). The selection of Landrace sows carrying AA genotype of FSHB could be improved litter size than other genotypes. The selection of Yorkshire sows with FSHB gene could not be effected litter size.

Keywords: Additive effect, dominance effect, polymorphism, swine, reproduction.

¹ Học viện Nông nghiệp Việt Nam

² Công ty TNHH lợn giống hạt nhân Dabaco, Bắc Ninh

* Tác giả liên hệ: TS. Hà Xuân Bộ, Khoa Chăn nuôi, Học viện Nông nghiệp Việt Nam. Điện thoại: 0936595.883. Email: hxbo@vnua.edu.vn.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Ảnh hưởng di truyền cộng gộp (Additive effects) là một ảnh hưởng có tính cộng dồn của từng gen riêng biệt và ảnh hưởng trội (Dominance effects) là một ảnh hưởng tương tác giữa hai allel trên cùng một locus (Su và ctv, 2012). Ảnh hưởng cộng gộp và ảnh hưởng trội có đóng góp quan trọng đối với biến động về di truyền ở những tính trạng về năng suất sinh sản và sinh trưởng của lợn, phương sai di truyền cộng gộp đóng góp 8,8-43,6% và phương sai di truyền trội đóng góp 2,2-10,3% của phương sai kiểu hình (Culbertson và ctv, 1998). Bên cạnh đó, những tính trạng kinh tế quan trọng đối với chăn nuôi lợn nái sinh sản công nghiệp bao gồm: Số con sơ sinh/ổ (SCSS), số con sơ sinh sống/ổ (SCSSS) và số con cai sữa/ổ (SCCS). Xác định chính xác những gen hoặc những chỉ thị phân tử có mối liên hệ với các tính trạng số con của lợn nái là rất cần thiết nhằm tăng độ chính xác của chọn lọc và cải thiện năng suất sinh sản lợn nái.

Gen chỉ thị FSHB đã và đang được nghiên cứu sử dụng là gen ứng viên cho năng suất sinh sản ở lợn. Những lợn nái mang allel A có SCSS, SCSSS và SCCS cao hơn so với lợn nái mang allel B (Humpolicek và ctv, 2007, Nakarin và Supamit, 2012). Phân tích đa hình gen FSHB và ảnh hưởng của đa hình gen này đối với các tính trạng về năng suất sinh sản trên lợn cũng đã được thực hiện trong những năm qua. Do Duc Luc và ctv (2020) đã nghiên cứu mối liên hệ giữa đa hình gen FSHB với các tính trạng về phẩm chất tinh dịch của lợn Landrace (L) và Yorkshire (Y) tại Việt Nam. Hunyadi-Bagi và ctv (2016) đã nghiên cứu mối liên hệ giữa đa hình gen FSHB với tính trạng SCSS và SCSSS của lợn nái LW, Duroc và Pietrain tại Hungary. Nakarin và Supamit (2012) đã nghiên cứu mối liên hệ giữa đa hình gen FSHB với tính trạng SCSS và SCSSS trên lợn nái lai giữa L và Y tại Thái Lan. Humpolicek và ctv (2007) đã nghiên cứu mối liên hệ giữa đa hình gen FSHB với tính trạng số con sơ sinh, số con sơ sinh sống trên lợn nái LW tại cộng hoà Séc. Bên cạnh đó, Nakarin và Supamit (2012)

đã nghiên cứu ảnh hưởng di truyền cộng gộp, trội của đa hình gen FSHB đối với tính trạng SCSS và SCSSS của lợn nái lai giữa L và Y tại Thái Lan. Pang và ctv (2019) đã nghiên cứu ảnh hưởng di truyền cộng gộp, trội của đa hình gen FSHB đối với tính trạng số con của lợn nái LW tại Trung Quốc. Nguyen Thi Vinh và ctv (2019) đã nghiên cứu ảnh hưởng di truyền cộng gộp của các đa hình gen RNF4, RBP4, IGF2 đối với các tính trạng SCSS và SCCS của lợn nái L và Y tại Việt Nam. Theo hiểu biết của chúng tôi, nghiên cứu ảnh hưởng của đa hình gen FSHB đến các tính trạng về SCSS và SCCS của lợn nái L và Y tại Việt Nam còn khá hạn chế, đặc biệt chưa có nghiên cứu nào đánh giá ảnh hưởng di truyền cộng gộp, ảnh hưởng trội của đa hình gen FSHB đối với các tính trạng SCSS và SCCS của lợn nái L và Y.

Nghiên cứu này nhằm phân tích đa dạng di truyền của đa hình gen FSHB trong quần thể lợn nái L và Y, cũng như đánh giá mối liên hệ giữa đa hình gen FSHB và ảnh hưởng di truyền cộng gộp, trội của gen này đối với các tính trạng SCSS, SCSSS và SCCS nhằm tạo cơ sở cho việc chọn lọc lợn nái mang kiểu gen mong muốn có khả năng sinh sản cao.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

2.1. Vật liệu

Năng suất sinh sản và mẫu mô tai được thu thập từ 600 lợn nái L và 600 lợn nái Y tại Công ty TNHH lợn giống hạt nhân Dabaco, từ tháng 1/2017 đến tháng 6/2020.

2.2. Phương pháp

Tách chiết ADN tổng số bằng Kit G-spin™ Total DNA Extraction (INTRON Biotechnology). Sử dụng phương pháp điện di trên gel agarose 1% để kiểm tra ADN tổng số. Gen FSHB được khuếch đại sử dụng cặp mồi được thiết kế theo Rohrer và ctv (1994). Vùng nhân đoạn gen và trình tự mồi như sau: 5'-AGTTCTGAAATGATTTTCGGG-3' và 5'-TTTGCCATTGACTGTCTTAAAGG-3'. Phản ứng PCR gồm: 1µl (20 ng/µl) DNA genome; 0,5µl (10µM) mồi khuếch đại; 18µl ddH₂O 2,5 mM dNTPs; 2,5 đơn vị Taq polymerase và

dung dịch đệm cho phản ứng. Chu trình nhiệt nhân đoạn đối với gen FSHB: 94°C/3 phút, 35 chu kỳ ở 94°C/20 giây - 58°C/10 giây - 72°C/40 giây, 72°C/5 phút. Sử dụng kỹ thuật PCR-RFLP (Polymerase Chain Reaction-Restriction Fragment Length Polymorphism) nhằm xác định đa hình của gen FSHB. Sản phẩm khuếch đại của FSHB được ủ với 5U enzyme cắt đặc hiệu là *Hae*III (Rohrer và ctv, 1994). Sử dụng phương pháp điện di trên gel agarose 2,5% để kiểm tra kết quả cắt enzyme. Ba kiểu gen của FSHB lần lượt là AA (một vạch 120bp), AB (3 vạch: 120, 65 và 55bp) và BB (2 vạch: 65 và 55bp). Xác định đa hình gen FSHB được thực hiện tại Phòng thí nghiệm Di truyền của Trung tâm công nghệ gen, Công ty TNHH lợn giống hạt nhân Dabaco.

Lợn nái L và Y được nuôi dưỡng, chăm sóc, vệ sinh phòng bệnh theo quy trình của Công ty TNHH lợn giống hạt nhân Dabaco. Các chỉ tiêu SCSS, SCSSS và SCCS được xác định bằng cách đếm tổng số con: sau khi lợn nái đẻ xong con cuối cùng, còn sống trong vòng 24 giờ kể từ khi lợn nái đẻ xong con cuối cùng của lứa đẻ đó và số con được cai sữa tại 28 ngày tuổi.

2.3. Xử lý số liệu

Tần số allen và tần số kiểu gen, các tham số thống kê được xác định gồm: tần số quan sát, tần số ước tính lý thuyết. Phép thử Khi bình phương (χ^2) được sử dụng để kiểm định mức độ phù hợp của tần số kiểu gen, tần số allen quan sát so với lý thuyết theo định luật Hardy-Weinberg. Đối với các tính trạng SCSS và SCCS, các tham số thống kê được xác định bao gồm: dung lượng mẫu (n), trung bình bình phương nhỏ nhất (LSM) và sai số tiêu chuẩn (SE). So sánh các giá trị LSM theo cặp bằng phép so sánh Tukey. Số liệu được xử lý bằng phần mềm SAS 9.0 (SAS, 1989). Mô hình tuyến tính tổng quát (GLM) được sử dụng để phân tích ảnh hưởng của đa hình gen FSHB, lứa đẻ đến các chỉ tiêu về số con của lợn nái Landrace và Yorkshire (phân tích riêng biệt cho từng giống) theo mô hình thống kê: $y_{ijk} = \mu + G_i + L_j + G_i * L_j + \epsilon_{ijk}$. Trong đó y_{ijk} : chỉ tiêu về số con; μ : trung

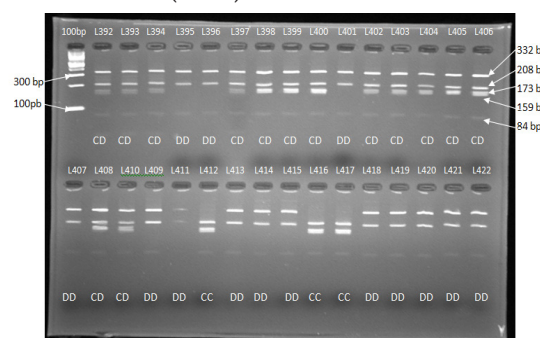
bình quần thể; G_i : ảnh hưởng của kiểu gen thứ i^{th} ($i = 3$: AA, AB và BB); L_j : ảnh hưởng của lứa đẻ thứ j^{th} ($j=3$: 1, 2, ≥ 3); $G_i * L_j$: ảnh hưởng tương tác giữa kiểu gen và tính biệt và ϵ_{ijk} : sai số ngẫu nhiên. Ảnh hưởng cộng gộp (additive) và trội (dominance) đối với từng tính trạng số con được ước tính bằng thủ tục GLM của phần mềm SAS. Giá trị 0,5; 0 và -0,5 tương ứng với từng kiểu gen AA/AB/BB của gen FSHB được sử dụng để ước tính ảnh hưởng cộng gộp ($a=1/2(AA-BB)$). Giá trị -0,5; 1 và -0,5 tương ứng với từng kiểu gen AA/AB/BB của gen FSHB được sử dụng để ước tính ảnh hưởng trội ($d=AB-1/2(AA+BB)$).

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Tần số kiểu gen, tần số allen của đa hình gen FSHB đối với lợn Landrace và Yorkshire

3.1.1. Đa hình gen FSHB

Kết quả phân tích đa hình gen FSHB được thể hiện ở hình 1 cho thấy ba kiểu gen khác nhau (AA, AB và BB) được tạo ra khi cắt sản phẩm PCR của gen FSHB bằng enzyme *Hae*III. Kiểu AA có 1 băng duy nhất tương ứng kích thước 120bp; kiểu AB có 3 băng tương ứng với 120, 65 và 55bp; kiểu BB có 2 băng tương ứng với các kích thước 65 và 55bp (Hình 1). Kết quả phân tích đa hình gen FSHB trong nghiên cứu này phù hợp với kết quả công bố của Rhorer và ctv (1994).



Hình 1. Đa hình của gen FSHB

3.1.2. Tần số kiểu gen, allen của đa hình gen FSHB

Sự phân bố tần số allen và tần số kiểu gen của gen FSHB trong quần thể lợn nái L và Y được thể hiện ở bảng 1 cho thấy allen A đều

xuất hiện với tần số thấp hơn allen B trên cả 2 quần thể lợn nái Landrace và Yorkshire. Ở quần thể lợn nái L tần số allen A đạt 0,27 và ở quần thể lợn nái Y tần số allen này đạt 0,07. Về sự phân bố kiểu gen, trong quần thể lợn nái L, tần số kiểu gen AA đạt 0,07 (43 lợn nái); AB đạt 0,41 (244 lợn nái) và BB đạt 0,52 (313 lợn nái). Trong quần thể lợn nái Y, ba kiểu gen AA, AB và BB của gen FSHB có tần số xuất hiện với các giá trị lần lượt 0,01 (3 lợn nái), 0,13 (81 lợn nái) và 0,86 (516 lợn nái). Tần số kiểu gen FSHB ở cả hai quần thể lợn nái L và Y đều đạt trạng thái cân bằng Hardy-Weinberg ($P > 0,05$). Điều đó cho thấy, có thể mở ra triển vọng thay đổi tần số gen FSHB ở hai quần thể lợn nái L và Y thông qua chọn lọc bằng chỉ thị phân tử. Tần số allen A thấp hơn B trong nghiên cứu này có xu hướng tương tự với kết quả công bố của Pang và ctv (2019) trên quần thể lợn nái LW tại Trung Quốc, Palasik và ctv (2016) trên hai quần thể lợn nái L và $F_1(LW \times L)$ tại Ba Lan và trên hai quần thể lợn nái LW và Pietrain tại Hungari (Hunyadi-Bagi và ctv, 2016), và đối với LW tại cộng hoà Séc (Humpolicek và ctv, 2009). Tương tự, Kapelański và ctv (2013)

khi nghiên cứu đa hình gen FSHB trên hai quần thể lợn nái LW và L tại Ba Lan cho thấy, tần số kiểu gen AA (0,052 và 0,011) đạt thấp hơn so với kiểu gen BB (0,742 và 0,820). Tuy nhiên, một số công bố khác cho thấy, tần số allen A cao hơn B. Nakarin và Supamit (2012) khi phân tích đa hình gen FSHB trên quần thể lợn nái lai giữa L và Y tại Thái Lan cho thấy, tần số allen A (0,70) cao hơn so với allen B (0,30). Kết quả công bố của Zhang và ctv (2019) khi nghiên cứu đa hình gen FSHB trên lợn Erhualian của Trung Quốc cũng cho thấy, tần số allen A đạt 0,889 cao hơn so với allen B (0,111). Nguyễn Hữu Tinh và ctv (2020) nghiên cứu về kiểu gen FSHB cho thấy, tần số allen A trong quần thể đàn xuất phát đạt thấp (0,23–0,24) và sau ba thế hệ chọn lọc tần số allen A trong quần thể đã tăng lên (0,59–0,67). Các nghiên cứu nêu trên chỉ ra rằng allen A của gen FSHB xuất hiện với các tần số khác nhau ở các quần thể lợn khác nhau và trong các điều kiện nuôi dưỡng, chọn lọc khác nhau. Việc chọn lọc bằng chỉ thị phân tử với mục tiêu chọn lọc khác nhau làm thay đổi tần số xuất hiện của allen A trong quần thể.

Bảng 1. Tần số kiểu gen, tần số allen của đa hình gen FSHB trong quần thể lợn Landrace và Yorkshire

Kiểu gen, Allen	Tần số	Landrace			Yorkshire		
		n	Tần số quan sát	Tần số lý thuyết	n	Tần số quan sát	Tần số lý thuyết
Kiểu gen	AA	43	0,07	0,07	3	0,01	0,01
	AB	244	0,41	0,40	81	0,13	0,13
	BB	313	0,52	0,53	516	0,86	0,86
Allen	A		0,27			0,07	
	B		0,73			0,93	
χ^2				0,591			1,62
P			0,744			0,446	

$P \geq 0,05$: Tần số kiểu gen của quần thể tuân theo định luật cân bằng Hardy-Weinberg

3.2. Mối liên kết của đa hình gen FSHB và ảnh hưởng di truyền cộng gộp, trội đến các tính trạng số con của lợn nái Landrace

Mối liên hệ giữa đa hình gen FSHB và ảnh hưởng di truyền cộng gộp, ảnh hưởng trội đến các tính trạng SCSS, SCSSS và SCCS của lợn nái L trình bày ở bảng 2 cho thấy Lợn nái L mang kiểu gen AA có SCSS đạt cao nhất (12,48 con) so với kiểu gen AB (11,57 con) và

BB (11,61 con). Xu hướng này cũng tương tự đối với chỉ tiêu SCSSS (Bảng 2). Sự sai khác ở hai chỉ tiêu SCSS và SCSSS có ý nghĩa thống kê tương ứng với mức $P < 0,01$ và $P < 0,001$. Lợn nái L mang kiểu gen AA cũng có số con cai sữa cao nhất (10,52 con), tiếp đến là ở kiểu gen BB (10,02 con) và thấp nhất ở kiểu gen AB (9,84 con). Chênh lệch SCSS, SCSSS và SCCS giữa lợn nái L mang gen AA với BB lần lượt

là +0,87, +1,11 và +0,50 con. SCSS và SCCS của lợn nái L trong nghiên cứu này đều phù hợp với tiêu chuẩn tại quyết định số 675/QĐ-BNN-CN (2014) của Bộ Nông nghiệp và PTNT quy định về SCSSS và SCCS của lợn nái giống gốc. Kết quả chỉ ra rằng có mối liên hệ giữa đa hình gen FSHB và ảnh hưởng di truyền cộng gộp, trội có ý nghĩa thống kê đối với các tính trạng SCSS ($P<0,01$), SCSSS ($P<0,001$) và SCCS ($P<0,05$). Ảnh hưởng di truyền cộng gộp của

allen A của đa hình gen FSHB đến các tính trạng về SCSS, SCSSS và SCCS với các giá trị lần lượt 0,42; 0,55 và 0,23 con. Ảnh hưởng trội của đa hình gen FSHB có ý nghĩa thống kê đối với các tính trạng SCSS, SCSSS và SCCS ($P<0,001$). Như vậy, việc chọn lọc và sử dụng lợn nái L mang kiểu gen AA của gen FSHB có thể cải thiện được SCSS, SCSSS và SCCS so với lợn nái mang kiểu gen BB.

Bảng 2. Mối liên kết giữa đa hình gen FSHB và ảnh hưởng cộng gộp (a), trội (d) đến tính trạng số con

Chi tiêu	AA		AB		BB		a		d	
	n	LSM±SE	n	LSM±SE	n	LSM±SE	LSM±SE	LSM±SE	LSM±SE	
TNB	131	12,48 ^a ±0,26	792	11,57 ^b ±0,11	1089	11,61 ^b ±0,09	0,42 ^{**} ±0,13	-0,49 ^{**} ±0,17		
NBA	131	12,07 ^a ±0,27	792	10,80 ^b ±0,11	1089	10,96 ^b ±0,10	0,55 ^{***} ±0,14	-0,74 ^{***} ±0,18		
NW	131	10,52 ^a ±0,20	791	9,84 ^b ±0,08	1088	10,02 ^{ab} ±0,07	0,23 ^a ±0,11	-0,44 ^{**} ±0,13		

Trong cùng một chỉ tiêu, các giá trị LSM mang chữ cái khác nhau, sai khác có ý nghĩa thống kê ($P<0,05$);

*: $P<0,05$; **: $P<0,01$, ***: $P<0,001$. TNB: số con sơ sinh/ổ (con); NBA: SCSSS (con); NW: SCCS (con); a: ảnh hưởng cộng gộp (additive effect) và d: ảnh hưởng trội (dominance effect).

Bảng 3. Mối liên kết giữa đa hình gen FSHB và ảnh hưởng cộng gộp, trội đến các tính trạng số con theo lứa đẻ

Lứa đẻ	Chi tiêu	AA		AB		BB		a		d	
		n	LSM±SE	n	LSM±SE	n	LSM±SE	LSM±SE	LSM±SE		
1	TNB	42	11,98±0,45	239	10,99±0,19	311	11,22±0,17	0,38±0,24	-0,61±0,31		
	NBA	42	11,43 ^a ±0,47	239	10,04 ^b ±0,20	311	10,57 ^{ab} ±0,17	0,43±0,25	-0,96 ^{**} ±0,32		
	NW	42	10,12±0,38	238	9,34±0,16	310	9,78±0,14	0,17±0,20	-0,61±0,25		
2	TNB	36	12,47 ^a ±0,48	201	11,44 ^{ab} ±0,20	264	11,20 ^b ±0,18	0,63±0,26	-0,40±0,33		
	NBA	36	12,08 ^a ±0,49	201	10,84 ^{ab} ±0,21	264	10,55 ^b ±0,18	0,77 ^{**} ±0,26	-0,48±0,34		
	NW	36	10,64±0,39	201	9,97±0,17	264	9,85±0,15	0,39±0,21	-0,28±0,27		
≥ 3	TNB	53	12,98 ^a ±0,40	352	12,28 ^b ±0,15	514	12,41 ^b ±0,13	0,29±0,21	-0,41±0,26		
	NBA	53	12,70 ^a ±0,41	352	11,52 ^b ±0,16	514	11,77 ^b ±0,13	0,46 [*] ±0,22	-0,71 ^{**} ±0,27		
	NW	53	10,79±0,30	352	10,21±0,12	514	10,43±0,10	0,18±0,16	-0,40 [*] ±0,20		

SCSS, SCSSS và SCCS của lợn nái L mang kiểu gen AA ở lứa 1 không có sự sai khác có ý nghĩa thống kê ($P>0,05$) so với lợn nái mang kiểu gen BB (Bảng 3). Tuy nhiên, SCSS và SCSSS của lợn nái L mang kiểu gen AA ở lứa 2 (12,47 và 12,08 con) và lứa ≥ 3 (12,98 và 12,70 con) cao hơn ($P<0,05$) so với lợn nái mang kiểu gen BB ở lứa 2 (11,20 và 10,55 con) và lứa ≥ 3 (12,41 và 11,77 con). Ảnh hưởng di truyền cộng gộp của allen A của đa hình gen FSHB lên các tính trạng SCSS ở lứa 2 đạt 0,63 con ($P<0,05$), SCSSS ở lứa 2 đạt 0,77 con ($P<0,01$) và lứa 3 đạt

0,43 con ($P<0,05$). Ảnh hưởng trội của đa hình gen FSHB có ý nghĩa thống kê đối với các tính trạng SCSS và SCCS ($P<0,05$) ở lứa 1 và lứa 3, SCSSS ($P<0,01$) ở lứa 1 và lứa 3 (Bảng 3). Kết quả trong nghiên cứu này phù hợp với công bố của Nakarin và Supamit (2012) khi nghiên cứu ảnh hưởng của đa hình gen FSHB trên lợn nái lai F_1 (LWxL). Tác giả kết luận rằng, lợn mang kiểu gen AA có SCSS (11,46 con), SCSSS (9,90 con) cao hơn ($P>0,05$) so với lợn mang kiểu gen BB (11,31 và 9,84 con). Tuy nhiên, khi nghiên cứu về gene FSHB trên dòng lợn 990

của Korwin-Kossakowska và ctv (2003) cho thấy, đa hình gen FSHB không liên quan đến các tính trạng về SCSS và SCSSS ở lứa thứ nhất và lứa tiếp theo. Korwin-Kossakowska và ctv (2003) cũng chỉ ra rằng, ảnh hưởng cộng gộp và ảnh hưởng trội của đa hình gen FSHB đối với hai tính trạng SCSS và SCSSS ở lứa thứ nhất và các lứa tiếp theo không có ý nghĩa thống kê ($P>0,05$).

Bảng 4. Mối liên kết giữa đa hình gen FSHB và ảnh hưởng cộng gộp (a), trội (d) đến tính trạng số con

Chi tiêu	AA		AB		BB		a	d
	n	LSM±SE	n	LSM±SE	n	LSM±SE	LSM±SE	LSM±SE
TNB	5	13,93±1,30	296	12,52±0,17	1649	12,74±0,07	0,59±0,65	-0,81±0,67
NBA	5	12,95±1,33	296	11,98±0,17	1648	12,15±0,08	0,40±0,67	-0,54±0,69
NW	5	12,20±0,95	294	10,56±0,13	1642	10,59±0,05	0,81±0,48	-0,82±0,49

Tương tự như đối với L, nái Y mang kiểu gen AA có SCSS (13,93 con), SCSSS (12,95 con) và SCCS (12,20 con) cao hơn so với lợn mang kiểu gen BB (12,74; 12,15 và 10,59 con). Tuy nhiên, sự sai khác về các chỉ tiêu này không có

3.3. Mối liên kết của đa hình gen FSHB và ảnh hưởng di truyền cộng gộp, trội đến các tính trạng số con sơ sinh và cai sữa/ổ của lợn nái Yorkshire

Mối liên hệ giữa đa hình gen FSHB và ảnh hưởng di truyền cộng gộp, ảnh hưởng trội đến các tính trạng SCSS, SCSSS và SCCS của lợn nái Yorkshire được trình bày ở bảng 4.

ý nghĩa thống kê ($P>0,05$). SCSS và SCCS của lợn nái Y trong nghiên cứu này đều cao hơn so với tiêu chuẩn tại quyết định số 675/QĐ-BNN-CN (2014) của Bộ Nông nghiệp và PTNT quy định về SCSSS và SCCS của lợn nái giống gốc.

Bảng 5. Mối liên kết giữa đa hình gen FSHB và ảnh hưởng cộng gộp, trội đến các tính trạng số con theo lứa đẻ

Lứa đẻ	Chi tiêu	AA		AB		BB		a	d
		n	LSM±SE	n	LSM±SE	n	LSM±SE	LSM±SE	LSM±SE
1	TNB	3	15,33±1,63	81	12,36±0,31	515	12,19±0,12	1,57±0,82	-1,50±0,88
	NBA	3	13,67±1,72	81	11,56±0,33	514	11,47±0,13	1,10±0,86	-1,02±0,92
	NW	3	12,67±1,34	79	10,48±0,26	510	10,15±0,10	1,26±0,67	-0,93±0,72
2	TNB	2	11,00±2,15	65	12,37±0,38	373	12,72±0,16	-0,86±1,08	0,51±1,14
	NBA	2	11,00±2,16	65	11,94±0,38	373	12,27±0,16	-0,63±1,09	0,31±1,15
	NW	2	11,00±1,56	65	10,60±0,27	373	10,67±0,11	0,17±0,78	-0,23±0,83
≥ 3	TNB	-	-	150	12,99±0,24	761	13,32±0,11	-	-
	NBA	-	-	150	12,48±0,24	761	12,71±0,11	-	-
	NW	-	-	150	10,72±0,16	759	10,93±0,07	-	-

Kết quả chỉ ra rằng, mối liên hệ giữa đa hình gen FSHB và ảnh hưởng di truyền cộng gộp, trội không có ý nghĩa thống kê đối với các tính trạng SCSS, SCSSS và SCCS ở lợn nái Y ($P>0,05$). Như vậy, việc chọn lọc và sử dụng lợn nái Y mang kiểu các gen FSHB khác nhau không làm ảnh hưởng đến các tính trạng về SCSS, SCSSS và SCCS. SCSS, SCSSS và SCCS của lợn nái Y mang kiểu gen AA ở lứa 1, lứa 2 và lứa ≥ 3 không có sự sai khác có ý nghĩa thống kê so với lợn nái mang kiểu gen BB ($P>0,05$). Ảnh hưởng cộng gộp, ảnh hưởng trội

của đa hình gen FSHB không có ý nghĩa thống kê ($P>0,05$) đối với các tính trạng SCSS, SCSSS và SCCS qua các lứa đẻ (Bảng 5). Trong nghiên cứu này, mối liên hệ của đa hình gen FSHB và ảnh hưởng cộng gộp, trội của đa hình gen này không có ý nghĩa thống kê đối với SCSS và SCCS ở lợn Y theo lứa đẻ. Kết quả này có xu hướng tương tự với kết quả công bố của Palasik và ctv (2016) khi nghiên cứu ảnh hưởng của đa hình gen FSHB trên lợn nái L và $F_1(LW \times L)$ tại Ba Lan. Kết quả công bố của Humpolicek và ctv (2007) khi nghiên cứu mối liên hệ giữa đa

hình gen FSHB với tính trạng SCSS và SCSSS của lợn nái LW tại Cộng hòa Séc cho thấy, đa hình gen FSHB không ảnh hưởng đến các tính trạng SCSS và SCSSS ở lứa đẻ thứ nhất, lứa 2 và từ lứa 1 đến lứa 6 ($P > 0,05$). Một số nghiên cứu trước đó chỉ ra lợn nái mang kiểu gen BB có SCSS cao hơn các kiểu gen còn lại. Pang và ctv (2019) khi nghiên cứu ảnh hưởng của đa hình gen FSHB trên lợn nái LW cho thấy, lợn mang kiểu gen AA có SCSS (9,87 con), SCSSS (9,08 con) thấp hơn ($P < 0,05$) so với lợn mang kiểu gen BB (11,22 và 10,57 con). Hu và ctv (2017) khi nghiên cứu ảnh hưởng của đa hình gen FSHB trên lợn nái LW cho thấy, lợn mang kiểu gen BB có SCSS, SCSSS cao hơn so với lợn mang kiểu gen AA. Pang và ctv (2019) cũng cho thấy, ảnh hưởng di truyền cộng gộp của allen A của đa hình gen FSHB lên các tính trạng về SCSS và SCSSS với các giá trị lần lượt 0,48 con và 0,65 con ($P < 0,05$); ảnh hưởng trội của đa hình gen FSHB không có ý nghĩa thống kê đối với các tính trạng SCSS và SCSSS ($P > 0,05$). Như vậy, kiểu gen FSHB và ảnh hưởng di truyền cộng gộp có ảnh hưởng khác nhau đối với từng giống, từng giai đoạn của lợn nái. Việc xây dựng chiến lược chọn giống bằng chỉ thị phân tử cần được đánh giá sơ bộ trước khi áp dụng trong từng quần thể cụ thể.

4. KẾT LUẬN

Allen A và B của đa hình gen FSHB xuất hiện ở quần thể lợn nái L với tần số tương ứng là 0,27 và 0,73. Ở quần thể lợn nái Y, tần số allen A và B lần lượt là 0,07 và 0,93. Tần số kiểu gen FSHB trong quần thể lợn L và Y ở trạng thái cân bằng Hardy-Weinberg. Có mối liên hệ giữa đa hình gen FSHB và ảnh hưởng di truyền cộng gộp có nghĩa đối với tính trạng SCSS, SCSSS và SCCS của lợn nái L, nhưng không ảnh hưởng đến các tính trạng về SCSS và SCCS của lợn nái Y. Chọn lọc và sử dụng lợn nái L mang kiểu gen AA của gen FSHB có thể cải thiện được các tính trạng về SCSS và SCCS so với các kiểu gen khác. Sử dụng lợn nái Y mang kiểu gen FSHB không làm ảnh hưởng đến các chỉ tiêu về SCSS và SCCS.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được thực hiện trong khuôn khổ dự án sản xuất thử nghiệm thuộc chương trình phát triển nông nghiệp ứng dụng công nghệ cao của Bộ Nông nghiệp và PTNT theo Quyết định phê duyệt danh mục nhiệm vụ KH-CN đặt hàng số 2444/QĐ-BNN-KHCN ngày 17/6/2017 của Bộ trưởng Bộ NN&PTNT.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Bộ NN&PTNT (2014). Quyết định 675/QĐ-BNN-CN về việc phê duyệt các chỉ tiêu định mức kinh tế kỹ thuật cho các đàn vật nuôi giống gốc.
2. Culbertson M., Mabry J., Misztal I., Gengler N., Bertrand J. and Varona L. (1998). Estimation of dominance variance in purebred Yorkshire swine. *J. Ani. Sci.*, 76(2): 448-51.
3. Hu H., Jia Q., Zhao S., Li X., Zhang W., Li S., Zhao K. and Pang L. (2017). Polymorphisms and the genetic effects of genes with litter size in Large White pigs. *Chi. J. Vet. Sci.*, 37(7): 2227-34.
4. Humpolicek P., Urban T., Matousek V. and Tvrdon Z. (2007). Effect of estrogen receptor, follicle stimulating hormone and myogenin genes on the performance of Large White sows. *Czech J. Ani. Sci.*, 52(10): 334.
5. Humpolicek P., Tvrdon Z. and Urban T. (2009). Interaction of ESR1 gene with the FSHB and MYOG genes: effect on the reproduction and growth in pigs. *Ani. Sci. Papers and Reports*, 27(2): 105-13.
6. Hunyadi-Bagi Á., Balogh P., Nagy K. and Kusza S. (2016). Association and polymorphism study of seven candidate genes with reproductive traits in three pig breeds in Hungary. *Acta Biochimica Polonica*. 63(2): 359-64.
7. Kapelański W., Eckert R., Jankowiak H., Mucha A., Bocian M. and Grajewska S. (2013). Polymorphism of ESR, FSHB, RBP4, PRL, OPN genes and their influence on morphometric traits of gilt reproductive tract before sexual maturity. *Acta Vet. Brn.*, 82(4): 369-74.
8. Korwin-Kossakowska A., Kamyczek M., Cieślak D., Pierzchała M. and Kurył J. (2003). Candidate gene markers for reproductive traits in polish 990 pig line. *J. Ani. Bre. Gen.*, 120(3): 181-91.
9. Li F., Mei S., Deng C., Jiang S., Zuo B., Zheng R., Li J., Xu D., Lei M. and Xiong Y. (2008). Association of a microsatellite flanking FSHB gene with reproductive traits and reproductive tract components in pigs. *Czech J. Ani. Sci.*, 53(4): 39.
10. Li J., Chen D., Zhang Y., Xiong S., Long Q., Zhang X., Bai Y., Lu J., Feng W., Li P., Wang Y., Li B. and Hou P. (2017). Effect of FSHB gene on the reproductive performance of Congjiang sow pigs. *Swine Pro.*, 3: 73-77.
11. Do Duc Luc, Ha Xuan Bo, Nguyen Hoang Thinh, Nguyen Chi Thanh, Tran Xuan Manh, Nguyen Van Hung, Phan Thi Tuoi, Vu Dinh Ton and Farnir Frederic (2020). Effect of ESR, FSHB and PRLR Genes on Sperm Traits of Landrace and Yorkshire Boars in the

- Tropical Environmental Conditions of Vietnam. Indian J. Ani. Res., Article Id: B-1278.
12. **Nakaran P. and Supamit M.** (2012). Novel BsuRI-c. 930A> G-FSH [Beta] Associated with Litter Size Traits on Large White X Landrace Crossbred Sows. J. Agr. Sci., 4(1): 104-13.
 13. **Pang P., Li Z., Hu H., Wang L., Sun H., Mei S. and Li F.** (2019). Genetic effect and combined genotype effect of ESR, FSH β , CTNNAL1 and miR-27a loci on litter size in a Large White population. Ani. Biotechnology, 30(4): 287-92.
 14. **Polasik D., Kumalska M., Sawaragi Y., Żak G., Tyra M., Urbański P. and Terman A.** (2016). Analysis of FSHB gene polymorphism in Polish Landrace and Polish LW x Polish Landrace sows. Electronic J. Polish Agr. Uni. Series Ani. Husbandry, 19(1): 06.
 15. **Rohrer G.A., Alexander L.J. and Beattie C.W.** (1994). Mapping the beta subunit of follicle stimulating hormone (FSHB) in the porcine genome. Mammalian Genome, 5(5): 315-7.
 16. **SAS.** (1989). SAS/STAT. User's guide, version 6, 4th Edition. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
 17. **Su G., Christensen O.F., Osterson T., Henryon M. and Lund M.S.** (2012). Estimating additive and non-additive genetic variances and predicting genetic merits using genome-wide dense single nucleotide polymorphism markers. PLoS One, 7(9): e45293.
 18. **Nguyễn Hữu Tinh, Nguyễn Văn Hợp, Phạm Ngọc Trung, Trần Văn Hào và Nguyễn Thị Lan Anh** (2020). Năng suất sinh sản của dòng lợn nái SS1, SS2 và bố mẹ SS12, SS21 được chọn lọc dựa trên giá trị giống và kiểu gen FSHB và PRLR. Tạp chí KHKT Chăn nuôi, 259: 7-13.
 19. **Nguyen Thi Vinh, Do Duc Luc, Nguyen Hoang Thinh, Ha Xuan Bo, Hoang Ngoc Mai, Nguyen Thi Phuong, Frederic Farnir and Vu Dinh Ton** (2019). Additive Genetic Effects of RNF4, RBP4, and IGF2 Polymorphisms on Litter Size in Landrace and Yorkshire Sows. Vietnam J. Agr. Sci., 2(1): 314-20.
 20. **Wang X., Aiguo Wang, Jinlian Fu and Lin H.** (2006). Effects of ESR1, FSHB and RBP4 genes on litter size in a Large White and a Landrace Herd. Arch. Tierz., Dummerstorf, 49(1): 64-70.
 21. **Zhang Q., Fang Y., Li P., Ma X., Jiang N., Huang Y., Lu Z., Ji Z. and Huang R.** (2019). Effect of single nucleotide polymorphisms in ESR, FSH β and AHR genes on litter size in Erhualian population. J. Nanjing Agr. Uni., 42(6): 1150-57.
 22. **Zhao Y., Li N., Xiao L., Cao G., Chen Y., Zhang S., Chen Y., Wu C., Zhang J., Sun S. and Xu X.** (1998). FSHB subunit gene is associated with major gene controlling litter size in commercial pig breeds. Science in China Series C: Life Sci., 41(6): 664-68.

KHẢ NĂNG SINH TRƯỞNG CỦA TRÂU LAI F₁ ĐƯỢC TẠO RA GIỮA TRÂU CÁI BẢN ĐỊA VÀ TRÂU ĐỰC MURRAH BẰNG PHƯƠNG PHÁP GIEO TINH NHÂN TẠO

Đoàn Đức Vũ^{1*}, Phạm Văn Quyển¹, Hoàng Thị Ngân¹, Đậu Văn Hải¹ và Nguyễn Thanh Vân¹

Ngày nhận bài báo: 30/03/2021 - Ngày nhận bài phản biện: 30/04/2021

Ngày bài báo được chấp nhận đăng: 04/05/2021

TÓM TẮT

Nghiên cứu được thực hiện nhằm đánh giá một số chỉ tiêu sinh sản của trâu cái bản địa khi được gieo tinh nhân tạo với tinh trâu Murrah và khả năng sinh trưởng của trâu lai F₁ trong điều kiện chăn nuôi nông hộ. Thí nghiệm được thực hiện trên 50 trâu cái bản địa đang ở lứa đẻ từ 1 đến 4 có khối lượng trong khoảng 400-500kg. Trâu cái được gây động dục đồng loạt bằng phương pháp đặt vòng CIRĐ vào tử cung kết hợp sử dụng hooc-môn PGF2 α và GnRH. Sau đó trâu cái bản địa được theo dõi động dục để tiến hành gieo tinh nhân tạo với tinh trâu Murrah. Trâu lai F₁ sinh ra từ trâu cái bản địa được theo dõi để đánh giá ngoại hình và khả năng sinh trưởng đến 12 tháng tuổi. Kết quả nghiên cứu cho thấy tỷ lệ đáp ứng động dục sau khi xử lý kích dục tố của trâu cái bản địa là 80%. Tỷ lệ đậu thai của trâu bản địa qua 1, 2 và 3 lần gieo tinh lần lượt là 32,5; 55,0 và 65,0%. Mức độ đẻ khó cần phải có can thiệp của cán bộ thú y là 15,38%. Kết quả nghiên cứu khi tính bình quân cả trâu đực và cái lai F₁ cho thấy lúc 12 tháng tuổi vòng ngực là 163,67cm, dài thân chéo là 112,96cm, cao vai là 105,65cm, chỉ số tròn mình là 1,54 và chỉ số dài thân là 1,07. Khối lượng trung bình trâu lai F₁ lần lượt là 128,39; 216,02; 280,71 và 331,70kg tương ứng qua 3, 6, 9 và 12 tháng tuổi.

¹ Phân Viện Chăn nuôi Nam Bộ

* Tác giả liên hệ: TS. Đoàn Đức Vũ, Phân Viện Chăn nuôi Nam Bộ. Điện thoại: 0908240155, Email: doanducvu@yahoo.com