

ĐA HÌNH GEN LEPTIN VÀ THYROGLOBULIN TRÊN BÒ DROUGHTMASTER × LAI BRAHMAN NUÔI TẠI THÀNH PHỐ HUẾ

Hồ Lê Quỳnh Châu, Hoàng Hữu Tình, Dương Thị Hương, Vũ Tuấn Minh,
Nguyễn Đăng Trung, Lê Văn Đạt, Trương Thị Huyền An, Kongvilay Sayasane,

Phan Thị Duy Thuận*

Trường Đại học Nông Lâm, Đại học Huế

*Tác giả liên hệ: phanthiduythuan@huaf.edu.vn

Nhận bài: 24/09/2025 Hoàn thành phản biện: 07/11/2025 Chấp nhận bài: 21/11/2025

TÓM TẮT

Nghiên cứu này nhằm xác định đa hình của gen Leptin (LEP) và Thyroglobulin (TG5) trên 31 cá thể bò Droughtmaster × Lai Brahman tại thành phố Huế. Với cùng một tổ hợp lai, đặc điểm di truyền có thể khác biệt giữa các vùng địa lý khác nhau. Do đó, nghiên cứu này rất cần thiết nhằm cung cấp dữ liệu cơ sở để xây dựng chiến lược chọn lọc hiệu quả dựa trên chỉ thị phân tử cho đàn bò thịt tại địa phương. Phương pháp PCR-RFLP được sử dụng để phân tích đa hình nucleotide đơn (SNP) của LEP/Sau3AI (intron 2) và TG5/PsuI (5'UTR). Kết quả có 3 kiểu gen LEP^{AA}, LEP^{AB} và LEP^{BB} được phát hiện với tần số alen LEP^A và LEP^B tương ứng là 0,68 và 0,32. Quần thể cân bằng theo định luật Hardy-Weinberg tại SNP LEP/Sau3AI. Đối với gen TG5, phát hiện 2 kiểu gen TG5^{CC} và TG5^{CT}. Tần số alen TG5^C và TG5^T tương ứng là 0,53 và 0,47. Quần thể không cân bằng di truyền tại SNP TG5/PsuI với số alen hiệu quả (N_e) rất thấp (1,22). Mức độ đa hình của hai gen đạt mức trung bình (PIC dao động từ 0,34 đến 0,37). Đa hình nucleotide đơn của LEP/Sau3AI và TG5/PsuI ở bò Droughtmaster × Lai Brahman được xem là cơ sở khoa học ban đầu để đánh giá tiềm năng ứng dụng chỉ thị phân tử trong công tác chọn giống đàn bò thịt ở địa phương.

Từ khóa: Droughtmaster, Đa hình, Lai Brahman, Leptin, Thyroglobulin

POLYMORPHISM OF LEPTIN AND THYROGLOBULIN GENES IN DROUGHTMASTER × HYBRID BRAHMAN CATTLE RAISED IN HUE CITY

Ho Le Quynh Chau, Hoang Huu Tinh, Duong Thi Huong, Vu Tuan Minh,
Nguyen Dang Trung, Le Van Dat, Truong Thi Huyen An, Kongvilay Sayasane,

Phan Thi Duy Thuan*

University of Agriculture and Forestry, Hue University

*Corresponding author: phanthiduythuan@huaf.edu.vn

Received: 24/09/2025

Revised: 07/11/2025

Accepted: 21/11/2025

ABSTRACT

This study investigated the polymorphism of the Leptin (LEP) and Thyroglobulin (TG5) genes in 31 Droughtmaster × Hybrid Brahman cattle raised in Hue city. With the same crossbred cattle group, genetic characteristics may differ between different geographical regions. Therefore, this study is essential to provide baseline data for developing effective molecular marker-based selection strategies for local beef cattle herds. The PCR-RFLP method was employed to identify the single nucleotide polymorphisms (SNP) of LEP/Sau3AI (intron 2) and TG5/PsuI (5'UTR). The results showed that, three genotypes of LEP^{AA}, LEP^{AB} and LEP^{BB} were detected, with corresponding allele frequencies of 0.68 for LEP^A and 0.32 for LEP^B. The population is in Hardy-Weinberg equilibrium at SNP LEP/Sau3AI. In contrast, for the TG5 gene, only 2 genotypes, TG5^{CC} and TG5^{CT}, were detected. The allele frequencies for TG5^C and TG5^T were = 0.53 and = 0.47, respectively. This population was not in Hardy-Weinberg equilibrium with a very low effective allele number (N_e) (1.22). The polymorphism levels of both genes

were classified as intermediate, with the PIC index ranging from 0.34 to 0.37. Single nucleotide polymorphisms of LEP/Sau3AI and TG5/PsuI in Droughtmaster × Hybrid Brahman cattle are considered as the initial scientific basis to evaluate the potential application of molecular markers in local beef cattle breeding.

Keywords: Droughtmaster, Hybrid Brahman, Leptin, Polymorphism, Thyroglobulin

1. MỞ ĐẦU

Năng suất và chất lượng thịt là một trong những mục tiêu kinh tế quan trọng đối với ngành chăn nuôi bò thịt. Ở thành phố Huế, nhằm nâng cao hiệu suất của đàn bò địa phương, chương trình “Ứng dụng tiến bộ Khoa học và Công nghệ phát triển đàn bò lai chuyên thịt trên nền bò cái lai Zebu tại tỉnh Thừa Thiên Huế” đã và đang được thực hiện, tập trung vào việc lai tạo đàn bò cái nền với tinh bò chuyên thịt Droughtmaster, Charolais và Red Angus nhằm tạo ra các tổ hợp bò lai có tiềm năng sản xuất thịt cao (Sở Khoa học và Công nghệ thành phố Huế, 2022). Để quản lý và chọn lọc đàn bò lai này một cách hiệu quả và khoa học, việc xác định các chỉ thị phân tử liên quan đến tính trạng năng suất và chất lượng thịt là rất cần thiết.

Gen Leptin (LEP) và gen Thyroglobulin (TG) là hai trong số các gen chính liên quan đến các tính trạng này. Gen Leptin (LEP) nằm trên nhiễm sắc thể số 4, mã hoá một loại hormone có vai trò điều chỉnh khối lượng cơ thể, lượng mỡ, năng suất sinh sản (Don và cs., 2021, Putra và cs., 2019). Đa hình nucleotide đơn (Single Nucleotide Polymorphism, hay SNP) LEP/Sau3AI (g.1926C>T) ở đoạn intron 2, có ảnh hưởng đến khối lượng cơ thể (Almeida và cs., 2003) và sự tích lũy mỡ giết trong thịt (Sedykh và cs., 2016) được xem là công cụ chỉ thị phân tử tiềm năng liên quan đến năng suất và chất lượng thịt (Almeida và cs., 2023, Liefers và cs., 2002). Kết quả nghiên cứu của Sedykh và cs. (2016) trên bê Hereford và Limousine cho thấy, các cá thể mang kiểu gen LEP^{AB} có hàm lượng mỡ giết cao hơn đáng kể so với kiểu gen LEP^{AA}.

Gen Thyroglobulin (TG) nằm trên NST số 14, mã hóa cho các protein sản xuất tiền chất của hormone tuyến giáp, có vai trò

trong việc tích lũy mỡ. Đa hình nucleotide đơn TG5/PsuI (g.422C>T) ở vùng 5' không dịch mã (5'UTR) được sử dụng rộng rãi trong các chương trình chọn lọc để cải thiện hàm lượng mỡ giết, một yếu tố quyết định chất lượng thịt (Burrell và cs., 2004, Casas và cs., 2005, Dolmatova và cs., 2020, Thaller và cs., 2003).

Nhiều nghiên cứu trên thế giới đã chỉ ra mối liên hệ giữa các đa hình nucleotide đơn-SNP này với chất lượng thịt bò, tuy nhiên kết quả có thể khác nhau tùy thuộc vào giống và quần thể (Anwar và cs., 2017; Putra và cs., 2019; Kök và Vapur, 2021). Ở Việt Nam, tính đa hình của các gen LEP và TG5 đã được khảo sát trên tổ hợp bò lai Droughtmaster × Lai Brahman ở tỉnh Quảng Ngãi (Dung và cs., 2024). Tuy vậy, đặc điểm di truyền của đàn bò có thể có sự khác biệt khi được nuôi dưỡng ở các vùng địa lý, điều kiện môi trường và áp lực chọn lọc khác nhau. Vì vậy, nghiên cứu này được thực hiện nhằm xác định tính đa hình của gen LEP và TG5 trên đàn bò Droughtmaster × Lai Brahman ở thành phố Huế, từ đó cung cấp dữ liệu khoa học độc lập, làm cơ sở cho việc xây dựng chiến lược chọn lọc dựa trên chỉ thị phân tử tiềm năng phù hợp với điều kiện chăn nuôi tại địa phương.

2. NỘI DUNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng và phạm vi nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện trên 31 mẫu DNA tách từ gốc lông đuôi của 31 cá thể bò Droughtmaster × Lai Brahman khỏe mạnh ở các hộ chăn nuôi khác nhau ở xã Phong Thạnh (hiện nay thuộc phường Phong Phú), phường Thủy Châu (hiện nay thuộc phường Hương Thủy) và phường Thủy Phương (hiện nay thuộc phường Thanh Thủy) của thành phố Huế. Các mẫu

được thu thập từ tháng 03 đến tháng 04 năm 2025. Các mẫu gốc lông cho vào túi đựng mẫu, ký hiệu mã số và chuyển về phòng thí nghiệm.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- *Tách chiết DNA*: Các mẫu gốc lông đuôi bò được làm sạch và đồng hoá trong dung dịch đệm của bộ kit bằng thiết bị Bullet blender (Next Advance, USA) trong 5 phút. Tách chiết DNA tổng số bằng AccuRive sDNA/RNA Prep kit của KT Biotech (Việt Nam). Sử dụng máy quang phổ Nanodrop (Thermo Scientific, USA) để xác định nồng độ và chất lượng DNA.

- *Xác định đa hình gen bằng phương pháp PCR-RFLP*: Đoạn intron 2 của gen LEP và đoạn 5'UTR của gen TG5 được khuếch đại bằng kỹ thuật PCR. Các cặp primer đặc hiệu được sử dụng trong nghiên cứu này được tổng hợp và cung cấp bởi công ty IDT (USA), gồm có: LEPF: 5'-TGGAGTGGCTTGTATTCTTCT-3'; LEPR: 5'-GTCCCCGCTTCTGGCTACCTAACT-3'; TG5F: 5'-GGGATGACTACGAGTATGACTG-3'; TG5R: 5'-GTGAAAATCTTGTGGAGGCTGTA-3' (Barendse và cs., 1999; Liefers và cs. 2002). Thành phần phản ứng khuếch đại gen bao gồm: 50ng DNA; 1,25µM mỗi loại mỗi; 200µM dNTP; 1× PCR buffer và 0,75 đơn vị Taq polymerase (Solgent, Hàn Quốc). Tổng thể tích phản ứng là 20µl. Chương trình nhiệt của PCR bao gồm biến tính ban đầu ở 95°C trong 5 phút, sau đó là 35 chu kỳ ở 95°C trong 40 giây, 62°C (LEP) hoặc 55°C (TG5) trong 40 giây, 72°C trong 40 giây, và kéo dài cuối cùng ở 72°C trong 7 phút (LEP) hoặc 10 phút (TG5). Kích thước sản phẩm PCR của các đoạn gen LEP là 422bp (Liefers và cs., 2002) và TG5 là 545bp (Barendse và cs., 1999). Các sản phẩm PCR được phân tách trên gel agarose 2,0% chứa 6× GelRed (ABT, Việt Nam) và quan sát bằng Gel Doc™ XR+ (Bio-Rad, USA).

Sản phẩm PCR của đoạn gen LEP được cắt bằng enzyme hạn chế *Sau3AI* (Liefers và cs., 2002). Trong khi đó, sản phẩm PCR của đoạn gen TG5 được cắt bằng enzyme *PsuI* để tìm các điểm đa hình (Mears và cs., 2001). Hỗn hợp phản ứng cắt bao gồm 10µl sản phẩm PCR, 1x buffer, 3 đơn vị enzyme hạn chế. Phản ứng cắt được ủ qua đêm ở nhiệt độ 37°C. Kết quả phản ứng cắt hạn chế được kiểm tra bằng điện di hỗn hợp sau phản ứng trên gel agarose 2% để xác định kích thước các đoạn DNA. Các kiểu gen LEP/*Sau3AI* bao gồm LEP^{AA} (390 và 32 bp), LEP^{AB} (390, 303, 88 và 32 bp), LEP^{BB} (303, 88 và 32 bp) (Hussain và cs., 2017). Các kiểu gen TG5/*PsuI* bao gồm TG5^{CC} (295, 178 và 72 bp), TG5^{CT} (473, 295, 178 và 72 bp), and TG5^{TT} (473 và 72 bp) (Anwar và cs., 2017).

2.3. Xử lý số liệu

Các số liệu được quản lý bằng phần mềm Microsoft Excel 2019. Tần số alen, tần số kiểu gen, dị hợp tử quan sát (H_o), dị hợp tử mong đợi (H_e), số alen hiệu quả (N_e) được tính toán dựa trên công thức của Nei và Kumar (2000).

- *Công thức xác định tần số kiểu gen*:

Tần số kiểu gen = Số cá thể mang kiểu gen tương ứng / Tổng số mẫu nghiên cứu

- *Công thức xác định tần số alen*:

Tần số alen = Số alen nghiên cứu / Tổng số alen của quần thể

- *Công thức xác định dị hợp tử quan sát (H_o)*:

Dị hợp tử quan sát = Số các thể dị hợp tử / Tổng số cá thể nghiên cứu

- *Công thức xác định dị hợp tử mong đợi (H_e)*:

$$H_e = 1 - \sum p_i^2$$

Trong đó p_i là tần số alen thứ i .

- *Công thức tính số alen hiệu quả N_e* :

$$N_e = 1 / \sum p_i^2$$

Trong đó p_i là tần số alen thứ i .

- Hàm lượng thông tin đa hình (*Polymorphic Information Content - PIC*) được tính theo Roychoudhury và Nei (1988).

Kiểm định χ^2 được sử dụng để đánh giá sự cân bằng của quần thể theo định luật Hardy-Weinberg.

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đa hình LEP/*Sau3AI*

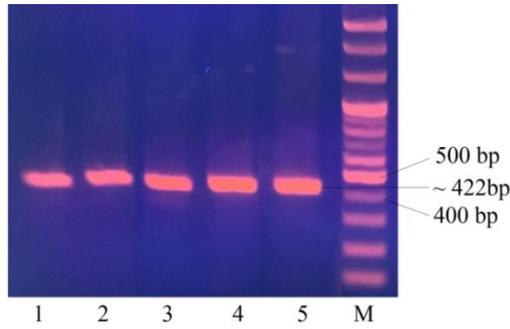
Kết quả điện di sản phẩm PCR cho thấy của một băng DNA rõ nét có kích thước khoảng 422bp (Hình 1), điều này xác nhận rằng đã khuếch đại thành công đoạn intron 2 của gen LEP. Do hạn chế của gel agarose 2%, các phân đoạn DNA rất nhỏ theo lý thuyết cắt enzyme *Sau3AI* như 88 bp và 32 bp đã bị khuếch tán hoặc chạy ra khỏi gel. Việc xác định kiểu gen được thực hiện chính xác dựa trên sự hiện diện và kích thước của các phân đoạn DNA lớn hơn có độ phân giải tốt hơn (390 và 303 bp) tương ứng với các kiểu gen lý thuyết đã được công bố (Hình 2), tương tự như các nhóm tác giả khác (Javanmard và cs., 2008; Milan và cs., 2019).

Kết quả phân tích đa hình cho thấy sự hiện diện của cả ba kiểu gen LEP^{AA}, LEP^{AB} và LEP^{BB} trên đàn bò Droughtmaster × Lai Brahman. Điều này khác biệt so với kết quả nghiên cứu của Hồ Lê Quỳnh Châu và cs. (2023) trên tổ hợp bò Senepol × Lai Brahman nuôi ở Thừa Thiên Huế chỉ phát hiện 2 kiểu gen là LEP^{AA} và LEP^{AB}. Mặt khác, tần số alen trong quần thể bò Droughtmaster × Lai Brahman ở thành phố Huế lần lượt là 0,68 và 0,32 tương ứng với alen LEP^A và LEP^B, khác biệt rõ rệt so với các giá trị ghi nhận được ở quần thể cùng tổ hợp lai này ở tỉnh Quảng Ngãi (Dung và cs., 2024).

Số alen hiệu quả (N_e) của gen LEP/*Sau3AI* là 2,58 (Bảng 1), tương đương với việc có 2,58 alen đang đóng góp vào cấu trúc di truyền của quần thể.

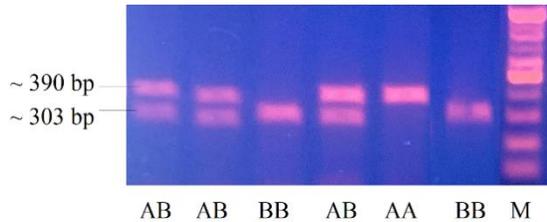
Giá trị kiểm định $\chi^2 = 0,4$, nhỏ hơn giá trị giới hạn (3,84) ở mức ý nghĩa 0,05. Điều này cho thấy sự phân bố kiểu gen LEP trong quần thể nghiên cứu tuân theo định luật Hardy-Weinberg, nghĩa là locus này đang ở trạng thái cân bằng di truyền, không chịu tác động lớn của các yếu tố chọn lọc, đột biến, hay di cư. Số alen hiệu quả (N_e) của SNP LEP/*Sau3AI* là 2,58 (Bảng 1), phản ánh 2,58 alen đang đóng góp vào cấu trúc di truyền. Hơn nữa, hệ số dị hợp mong đợi ($H_e = 0,44$) và giá trị PIC (0,34) đều ở mức trung bình, phù hợp với tiêu chuẩn của Botstein và cs. (1980) cho việc sử dụng chỉ thị phân tử trong chọn lọc. Điều này trái ngược hoàn toàn với kết quả nghiên cứu của Dung và cs. (2024) khi nghiên cứu trên quần thể cùng tổ hợp lai ở tỉnh Quảng Ngãi, vốn có mức độ đa hình thấp (PIC = 0,18) và không thể sử dụng chỉ thị này trong chọn lọc.

Các nghiên cứu về mối quan hệ giữa kiểu gen và kiểu hình tại locus này cho thấy vai trò bổ sung và phức tạp của các alen. Alen LEP^B có liên quan đến khả năng tăng trưởng tốt (Yang và cs., 2007; Sharifzadeh và Doosti, 2010) và duy trì khả năng sinh sản ở bò (Liefers và cs., 2002). Trong khi đó, kết quả nghiên cứu của Sedykh và cs. (2016) cho thấy bê Hereford mang kiểu gen dị hợp tử LEP^{AB} có tỷ lệ mỡ giết tăng đáng kể (0,62%) so với kiểu gen LEP^{AA}, tương tự đối với bê Limousine (tăng 0,19). Điều này có thể liên quan đến hiệu ứng siêu trội. Hiệu ứng này chỉ ra rằng lợi ích tối ưu về chất lượng (tích lũy mỡ giết) và năng suất chỉ đạt được khi cả hai alen LEP^A và LEP^B cùng tồn tại trong trạng thái dị hợp tử. Do kiểu gen LEP^{AB} mang lại lợi ích kép, chiến lược chọn lọc tối ưu cho tổ hợp bò lai Droughtmaster × Lai Brahman tại thành phố Huế là tăng cường tần số kiểu gen dị hợp tử LEP^{AB}, nhằm khai thác hiệu quả siêu trội để cân bằng chất lượng với năng suất.



Hình 1. Kết quả khuếch đại đoạn gen LEP

1–5: sản phẩm PCR, M: thang chuẩn DNA 100bp (Solgent, Hàn Quốc)



Hình 2. Kết quả điện di sản phẩm cắt chứa SNP LEP/Sau3AI

AA, AB, BB là các kiểu gen LEP, M: thang chuẩn DNA 100bp (Solgent, Hàn Quốc)

Bảng 1. Đa hình LEP/Sau3AI trên tổ hợp bò Droughtmaster × Lai Brahman ở Thành phố Huế (n = 31)

Gen	Tần số kiểu gen quan sát			Tần số alen quan sát		Tần số kiểu gen mong đợi			H _o	H _e	N _e	PI C	HW E (χ ²)
	AA	AB	BB	A	B	AA	AB	BB					
LEP/Sau3	0,48	0,39	0,13	0,6	0,3	0,4	0,4	0,1	0,3	0,4	2,5	0,3	0,40
AI	(15/31)	(12/31)	(4/31)	8	2	6	4	0	9	4	8	4	*

H_o: dị hợp tử quan sát; H_e: dị hợp tử mong đợi; N_e: số alen hiệu quả; PIC: hàm lượng thông tin đa hình; HWE: cân bằng Hardy-Weinberg; χ²: kiểm định Chi-square; *cân bằng di truyền (χ² < 3,84)

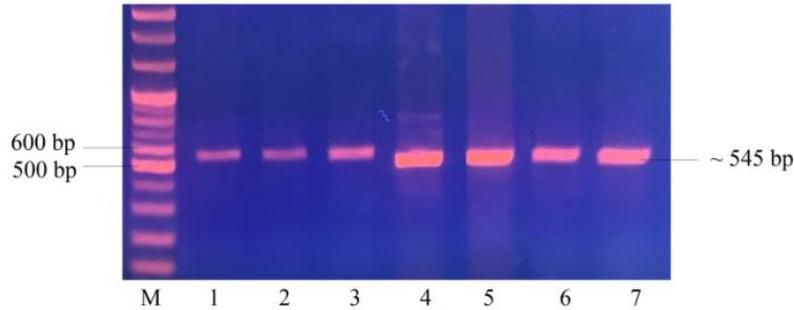
3.2. Đa hình TG5/PsuI

Kết quả điện di sản phẩm PCR cho thấy gen TG5 đã được khuếch đại thành công với kích thước khoảng 545bp (Hình 3). Kết quả điện di sản phẩm phân ứng cắt bằng enzyme *PsuI* trên agarose gel 2% không xuất hiện băng DNA kích thước 72bp. Điều này có thể là do hạn chế của nồng độ gel thấp và kích thước phân đoạn DNA bé, dẫn đến đoạn DNA này đã bị khuếch tán hoặc chạy ra khỏi gel. Phản ứng cắt hạn chế bằng enzyme *PsuI* chỉ cho thấy hai kiểu gen là TG5^{CC} và TG5^{CT}, không phát hiện kiểu gen TG5^{TT} (Hình 4). Tần số alen TG5^C cao hơn so với alen TG5^T (Bảng 2).

Tần số kiểu gen dị hợp TG5^{CT} chiếm tỉ lệ rất cao (0,82), lớn hơn nhiều so với tần số dị hợp tử mong đợi (H_e). Kết quả này tương tự với kết quả nghiên cứu của Dung và cs. (2024) trên 04 tổ hợp bò lai tại tỉnh Quảng Ngãi. Kiểu gen TG5^{TT} không được tìm thấy mặc dù chỉ số H_e dao động từ 0,06 đến 0,20 (Dung và cs., 2024). Về trạng thái di truyền của quần thể, giá trị χ² = 23,94 lớn hơn giá trị tới hạn (3,84) cho thấy quần thể không cân bằng theo định luật Hardy-Weinberg ở SNP TG5/*PsuI*, với số alen hiệu quả rất thấp (1,22). Sự mất cân bằng này có thể là do các yếu tố như giao phối không ngẫu nhiên (chọn lọc tự nhiên hoặc nhân tạo) đang tác động lên quần thể, khiến tần số kiểu gen dị hợp tử tăng cao bất thường. Mặc dù vậy, chỉ

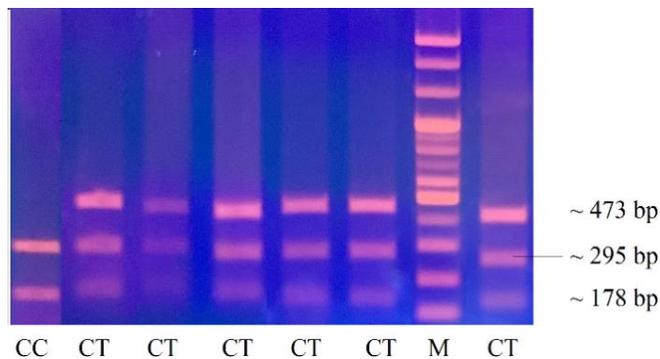
số PIC vẫn ở mức trung bình (0,37), đủ điều kiện kỹ thuật theo tiêu chuẩn của Botstein và cs. (1980) để sử dụng SNP này trong các nghiên cứu di truyền và chọn lọc. Tuy nhiên, sự mất cân bằng di truyền và sự thiếu hụt hoàn toàn kiểu gen TG5^{TT} (kiểu gen tối

ưu cho mỡ giết) là một hạn chế nghiêm trọng. Để tối đa hóa hiệu quả sử dụng SNP TG5/*PsuI*, cần phải xác định chính xác nguyên nhân của sự mất cân bằng và xây dựng chiến lược lai tạo nhằm phục hồi tần số alen TG5^T.



Hình 3. Kết quả khuếch đại đoạn gen TG5

M: thang chuẩn DNA 100bp (Solgent, Hàn Quốc), 1–7: sản phẩm PCR



Hình 4. Kết quả điện di sản phẩm cắt chứa SNP TG5/*PsuI*

CC, CT, TT là các kiểu gen TG5, M: là thang chuẩn 100bp (Solgent, Hàn Quốc)

Bảng 2. Đa hình TG5/*PsuI* trên tổ hợp bò Droughtmaster × Lai Brahman ở thành phố Huế (n = 31)

Gen	Tần số kiểu gen quan sát			Tần số alen quan sát		Tần số kiểu gen mong đợi			H _o	H _e	N _e	PI C	HW E (χ^2)
	CC	CT	TT	C	T	CC	CT	TT					
TG5/ <i>PsuI</i>	0,18 (2/31)	0,82 (29/31)	0,00 (0/31)	0,5 3	0,4 7	0,2 8	0,5 0	0,2 2	0,8 2	0,5 0	1,2 2	0,3 7	23,9 4

H_o: dị hợp tử quan sát; H_e: dị hợp tử mong đợi; N_e: số alen hiệu quả; PIC: hàm lượng thông tin đa hình; HWE: cân bằng Hardy-Weinberg; χ^2 : kiểm định Chi-square; không cân bằng di truyền ($\chi^2 > 3,84$)

Các nghiên cứu về đa hình gen TG5 đã chỉ ra sự khác biệt đáng kể về tần số alen giữa các giống bò, đồng thời khẳng định mối liên hệ của gen này với các chỉ tiêu chất lượng thịt. Tần số alen TG5^T ở các giống bò

Bos taurus taurus như Charolais và Limousine dao động từ 0,17–0,26 (Pannier và cs., 2010), trong khi ở các giống bò *Bos taurus indicus* như Brahman, giá trị này chỉ khoảng 0,03 (De Carvalho và cs., 2012).

Tuy nhiên, ở các tổ hợp lai giữa *Bos taurus taurus* và *Bos taurus indicus*, tần số alen này lại có sự biến động đáng kể; chẳng hạn, ở giống Beefmaster, tần số TG5^T (0,548) cao hơn TG5^C (0,452). Nhiều nghiên cứu cũng cho thấy tần số alen TG5^T tăng tỷ lệ thuận với mức độ máu *Bos taurus taurus* trong các tổ hợp bò lai (Fortes và cs., 2009; Rivera-Prieto và cs., 2015).

Mối liên hệ của gen TG5 với chất lượng thịt được thể hiện qua đột biến điểm C>T ở vị trí 422, có ảnh hưởng trực tiếp đến mỡ giắt và hàm lượng chất béo trong thịt (Casas và cs., 2007; Thaller và cs., 2003). Alen TG5^T được xem là alen “mong muốn” do bò mang kiểu gen TG5^{TT} thường có mỡ giắt cao hơn so với các kiểu gen TG5^{CT} và TG5^{CC} (Thaller và cs., 2003; Casas và cs., 2005). Hàm lượng lipid cao hơn được xem là có tiềm năng cải thiện chất lượng thịt vì nó tác động trực tiếp đến các đặc tính cảm quan như độ mềm và hương vị (Schumacher và cs., 2022). Kết quả nghiên cứu của Sycheva và cs. (2023) cho thấy alen TG5^T thúc đẩy tích lũy tổng acid béo không bão hòa đa, cũng như hàm lượng chất khô và lipid trong cơ dài lưng (*longissimus dorsi*) ở bò Simmental. Tuy nhiên, tần số alen TG5^T thấp ở các giống *Bos indicus* (như Brahman) có thể giải thích sự vắng mặt của kiểu gen TG5^{TT} trong quần thể bò lai ở miền Trung Việt Nam (Hồ Lê Quỳnh Châu và cs., 2023; Chau và cs., 2024; Dung và cs., 2024). Do kiểu gen tối ưu TG5^{TT} không được phát hiện, hiện tại cần duy trì và ổn định kiểu gen dị hợp tử TG5^{CT}. Về lâu dài, cần có kế hoạch bổ sung nguồn gen mang alen TG5^T từ các giống *Bos taurus* để phục hồi đa dạng di truyền và tối ưu hóa chất lượng mỡ giắt.

4. KẾT LUẬN

Nghiên cứu đã khảo sát tính đa hình của hai SNP LEP/*Sau3AI* và TG5/*PsuI* trên tổ hợp bò Droughtmaster × Lai Brahman tại Thành phố Huế với mức độ đa hình trung bình (chỉ số PIC từ 0,34-0,37) cho thấy tiềm năng sử dụng làm chỉ thị phân tử. Sự phân bố kiểu gen của hai SNP này có sự khác biệt

rõ rệt. SNP LEP/*Sau3AI* tuân theo định luật Hardy-Weinberg, gợi ý chiến lược chọn lọc kiểu gen dị hợp tử LEP^{AB} để cân bằng năng suất và chất lượng. Ngược lại, quần thể nghiên cứu không đạt trạng thái cân bằng di truyền tại SNP TG5/*PsuI*, không xuất hiện kiểu gen TG5^{TT} tối ưu cho mỡ giắt. Việc xác định tần số alen đột biến LEP^B (0,32) và TG5^T (0,47), cùng với tần số kiểu gen dị hợp tử LEP^{AB} (0,39) và TG5^{CT} (0,82) đã cung cấp dữ liệu khoa học cho việc lựa chọn các cá thể có đặc điểm di truyền mong muốn, từ đó góp phần xây dựng chương trình chọn lọc hiệu quả, nâng cao chất lượng đàn bò lai tại thành phố Huế.

LỜI CẢM ƠN

Nhóm tác giả xin gửi lời cảm ơn sự hỗ trợ kinh phí cho nghiên cứu từ các đề tài Khoa học và Công nghệ cấp cơ sở, mã số DHL2025-CNTY-06 và DHL2025-CNTY-SV-20.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Tài liệu Tiếng Việt

Hồ Lê Quỳnh Châu, Dương Thị Hương, Thân Thị Thanh Trà và Đinh Văn Dũng. (2023). Đa hình gen Leptin và Thyroglobulin liên quan đến tính trạng năng suất và phẩm chất thịt ở tổ hợp bò lai Senepol và lai Brahman nuôi tại tỉnh Thừa Thiên Huế. *Tạp chí Khoa học Đại học Huế: Nông nghiệp và Phát triển Nông thôn*, 132(3B), 191-203. <https://doi.org/10.26459/hueunijard.v132i3B.7157>

Sở Khoa học và Công nghệ thành phố Huế. (28/05/2022). *Ứng dụng tiến bộ Khoa học và Công nghệ phát triển đàn bò lai chuyên thịt trên nền bò cái lai Zebu*. Trang thông tin điện tử Sở Khoa học và Công nghệ thành phố Huế. Khai thác từ <https://skhcn.hue.gov.vn/hoat-dong-kh-cn-dia-phuong/ung-dung-tien-bo-kh-cn-phat-trien-dan-bo-lai-chuyen-thit-tren-nen-bo-cai-lai-zebu.html>.

2. Tài liệu tiếng nước ngoài

Almeida, S. E. M., Almeida, E. A., Moraes, J. F. C., & Weimer, T.A. (2003). Molecular markers in LEP gene and reproductive performance of beef cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 120(2), 106-113. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0388.2003.00377>.

- Anwar, S., Putra A. C., Wulandari, A. S., Agung, P. P., Putra, W. P. B., & Said, S. (2017). Genetic polymorphism analysis of 5' untranslated region of thyroglobulin gene in Bali cattle (*Bos javanicus*) from three different regions of Indonesia. *Journal of the Indonesian Tropical Animal Agriculture*, 42(3), 175-184. <https://doi.org/10.14710/jitaa.42.3.175-184>.
- Casas, E., White, S. N., Riley, D. G., Smith, T. P., Brenneman, R. A., Olson, T. A., Johnson, D. D., Coleman, S. W., Bennett, G. L., & Chase, C. C. Jr. (2005). Assessment of single nucleotide polymorphisms in genes residing on chromosomes 14 and 29 for association with carcass composition traits in *Bos indicus* cattle. *Journal of Animal Science*, 83(1), 13-19. <https://doi.org/10.2527/2005.83113x>.
- Casas, E., White, S. N., Shackelford, S. D., Wheeler, T. L., Koohmaraie, M., & Bennett, G. L. (2007). Assessing the association of single nucleotide polymorphisms at the thyroglobulin gene with carcass traits in beef cattle. *Journal of Animal Science*, 85(11), 2807-2814. <https://doi.org/10.2527/jas.2007-0179>.
- Chau, H. L. Q., Tra, T. T. T., Huong, D. T., Hang L. T. T., & Dung, D. V. (2024). The polymorphism of Leptin and Thyroglobulin genes in Lai Sind and Lai Brahman cattle. *Journal of Animal and Feed Research*, 14(3), 165-170. <https://doi.org/10.51227/ojaf.2024.20>
- Dung, D. V., Huong, D. T., Tra, T. T. T., Hang, L. T. T., Phung, L. D., Van, N. H., & Chau, H. L. Q. (2024). Genetic characterization of LEP and TG5 gene polymorphisms in crossbred beef cattle populations. *Journal of advanced veterinary and animal research*, 11(4), 989-995. <https://doi.org/10.5455/javar.2024.k849>.
- De Carvalho, T. D., Siqueira, F., de Almeida Torres Júnior, R. A., de Medeiros, S. R., Feijó, G. L. D., de Souza Junior, M. D., Blecha, I. M. Z., & Soares, C. O. (2012). Association of polymorphisms in the leptin and thyroglobulin genes with meat quality and carcass traits in beef cattle. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 41(10), 2162-2168. DOI: 10.1590/S1516-35982012001000004.
- Dolmatova, I., Sedykh, T., Valitov, F., Gizatullin, R., Khaziev, D., & Kharlamov, A. (2020). Effect of the bovine TG5 gene polymorphism on milk- and meat-producing ability. *Veterinary World*, 13(10), 2046-2052. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2020.2046-2052>.
- Don, N. V., Oanh, N. C., & Aduli, M. E. O. (2021). Main regulatory factors of marbling level in beef cattle. *Veterinary and Animal Science*, 14, 100219. DOI: 10.1016/j.vas.2021.100219.
- Fortes, M. R., Curi, R. A., Chardulo, L. A., Silveira, A. C., Assumpção, M. E., Visintin, J. A., & Oliveira, H. N. (2009). Bovine gene polymorphisms related to fat deposition and meat tenderness. *Genetics and Molecular Biology*, 32(1), 75-82. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572009000100011>.
- Javanmard, A., Mohammadabadi, M. R., Zarrigabayi, G. E., Gharahedaghi, A. A., Nassiry, M. R., Javadmash, A., & Asadzadeh, N. (2008). Polymorphism within the intron region of the bovine leptin gene in Iranian Sarabi cattle (Iranian *Bos taurus*). *Russian Journal of Genetics*, 44(4), 495-497.
- Hussain, D. A., Abboud, Z. H., & Abdulameer, T. A. (2017). Genetic structure analysis of leptin gene/ Sau3AI and its relationship with body weigh in Iraqi and Holstein Frisian cows population (Comparative study). *IOSR Journal of Pharmacy and Biological Sciences*, 12(3), 10-13. <https://doi.org/10.9790/3008-1203041013>.
- Kök, S. & Vapur, G. (2021). Effects of leptin and thyroglobulin gene polymorphisms on beef quality in Holsteinbreed bulls in Turkey. *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences*, 45(2), 238-247. <https://doi.org/10.3906/vet-2009-12>.
- Liefers, S. C., te Pas, M. F. W., Veerkamp, R. F. & van der Lende, T. (2002). Associations between Leptin gene polymorphisms and production, live weight, energy balance, feed intake and fertility in Holstein heifers. *Journal of Dairy Science*, 85, 1633-1638. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(02\)74235-5](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(02)74235-5).
- Nei, M. & Kumar, S. (2000). Molecular evolution and phylogenetics. Oxford University Press, New York. Retrieved from <https://global.oup.com/academic/product/molecular-evolution-and-phylogenetics-9780195135855?cc=vn&lang=en&>.

- Mears, G. J., Mir, P. S., Bailey, D. R. C., & Jones, S. D. M. (2001). Effect of Wagyu genetics on marbling, backfat and circulating hormones in cattle. *Canadian Journal of Animal Science*, 81, 65-73. <https://doi.org/10.4141/A99-128>.
- Milan, M., Nevres, P., Miodrag, L., Aida, H. Vesna, D., Ljubodrag, S., & Zoran, S. (2019). Insight in leptin gene polymorphism and impact on milk traits in autochthonous Busha cattle. *Acta Veterinaria-Beograd*, 69(2), 153-163. <https://doi.org/10.2478/acve-2019-0012>.
- Pannier, L., Mullen, A. M., Hamill, R. M., Stapleton, P. C., & Sweeney, T. (2010). Association analysis of single nucleotide polymorphisms in DGAT1, TG and FABP4 genes and intramuscular fat in crossbred *Bos taurus* cattle. *Meat Science*, 85(3), 515–518. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2010.02.025>.
- Putra, W. P. B., Anwar, S., Said, S., Indratno, S. A. A., & Wulandari, P. (2019). Genetic characterization of Thyroglobulin and Leptin genes in Pasundan cattle at West Java. *Buletin Peternakan*, 43(1), 1–7. <https://doi.org/10.21059/buletinpeternak.v43i1.38227>.
- Rivera-Prieto, A. R., Garza-Hernandez, D., Torres-Grimaldo, A. A., Cardenas-Ramos, S. G., Reyes-Cortes, L. M., Karr-de-Leon, S. F., & Barrera-Saldana, H. A. (2015). Tenderness and marbling-related polymorphisms in beefmaster cattle. *Asian Journal of Animal and Veterinary Advances*, 10(7), 345-351. <https://doi.org/10.3923/ajava.2015.345.351>.
- Roychoudhury, A. K. & Nei, M. (1988). Human polymorphic genes world distributions. New York: Oxford University Press. <https://doi.org/10.1002/ajpa.1330790412>.
- Schumacher, M., DelCurto-Wyffels, H., Thomson, J., & Boles, J. (2022). Fat deposition and fat effects on meat quality - A review. *Animals (Basel)*, 12(12),1550. <https://doi.org/10.3390/ani12121550>.
- Sedykh, T. A., Kalashnikova, L. A., Gusev, I. V., Pavlova, I. Y., Gizatullin, R. S., & Dolmatova, I. Y. (2016). Influence of TG5 and LEP gene polymorphism on quantitative and qualitative meat composition in beef calves. *Iraqi Journal of Veterinary Sciences*, 30(2), 41-48. <https://doi.org/10.33899/ijvs.2016.121382>
- Sharifzadeh, A. & Doosti, A. (2010). Genetic polymorphism at the leptin gene in Iranian Holstein cattle by PCR-RFLP. *African Journal of Microbiology Research*, 4(12), 1343-1345.
- Sycheva, I., Latynina, E., Mamedov, A., Tsibizova, O., Kozak, Y., Svistounov, D., Bystrenina, I., & Orishev A. (2023). Effect of TG5 and LEP polymorphisms on the productivity, chemical composition, and fatty acid profile of meat from Simmental bulls. *Veterinary World*, 16(8), 1647–1654.
- Thaller, G., Kuhn, C., Winter, A., Ewald, G., Bellmann, O., Wegner, J., Zuhlke, H., & Fries, R. (2003). DGAT1, a new positional and functional candidate gene for intramuscular fat deposition in cattle. *Animal Genetics*, 34, 354–357. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.2003.01011.x>.
- Yang, D., Chen, H., Wang, X., Tian, Z., Tang, L., Zhang, Z., & Zhang, L. (2007). Association of polymorphisms of leptin gene with body weight and body sizes indexes in Chinese indigenous cattle. *Journal of Genetics and Genomics*, 34, 400-405. [https://doi.org/10.1016/S1673-8527\(07\)60043-5](https://doi.org/10.1016/S1673-8527(07)60043-5).