

KHẢO SÁT ĐA HÌNH GEN *PLAG1* VÀ *CAST* Ở ĐÀN BÒ VÀNG ĐƯỢC NUÔI TẠI TỈNH AN GIANG

Lê Nữ Anh Thu^{1*}, Nguyễn Bá Trung²

¹Trường Đại học Nông Lâm, Đại học Huế;

²Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học An Giang, Đại học Quốc gia Thành phố Hồ Chí Minh.

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

Nhận bài: 25/02/2026 Hoàn thành phản biện: 21/04/2026 Chấp nhận bài: 21/04/2026

TÓM TẮT

Sinh trưởng được xem là một trong những tính trạng kinh tế quan trọng nhất ảnh hưởng đến hiệu quả sản xuất, trong khi đó độ mềm thịt là yếu tố quan trọng nhất quyết định thị hiếu của người tiêu dùng. Trong những thập kỉ vừa qua, chỉ thị phân tử đã được áp dụng vào chương trình giống để cải thiện những tính trạng này. Những nghiên cứu chỉ ra rằng các đa hình nucleotide đơn và đột biến chèn/xóa trên gen *PLAG1* liên quan đến tính trạng sinh trưởng, trong khi đó các biến dị trên gen *CAST* liên quan đến độ mềm thịt ở bò. Do vậy, trong nghiên cứu hiện tại, chúng tôi đã tiến hành phân tích đa hình gen *PLAG1* và *CAST* ở bò Vàng được nuôi tại tỉnh An Giang bằng phương pháp PCR và PCR-RFLP. Kết quả phân tích chỉ ra rằng *PLAG1* và *CAST* là đa hình trong quần thể bò được khảo sát, trong đó tần suất alen W và D của gen *PLAG1* lần lượt là 0,09 và 0,91; tần suất alen A và G của gen *CAST* lần lượt là 0,39 và 0,61. Alen W và alen A đã được báo cáo trước đây là những alen tiềm năng cho tính trạng sinh trưởng và độ mềm thịt. Như vậy, sự có mặt của hai alen này gợi ý tiềm năng ứng dụng như chỉ thị phân tử trong chọn giống bò Vàng tại tỉnh An Giang nhằm cải thiện khả năng sinh trưởng và độ mềm thịt.

Từ khoá: An Giang, Bò Vàng, *CAST*, Chỉ thị phân tử, Độ mềm thịt, PCR-RFLP, *PLAG1*, Tính trạng sinh trưởng

INVESTIGATION OF GENETIC POLYMORPHISMS OF *PLAG1* AND *CAST* GENES IN YELLOW CATTLE RAISED IN AN GIANG PROVINCE

Le Nu Anh Thu^{1*}, Nguyen Ba Trung²

¹University of Agriculture and Forestry, Hue University;

²Faculty of Agriculture, An Giang University, Vietnam National University, Ho Chi Minh City.

*Corresponding author: lenuanhthu@huaf.edu.vn

Received: 25/02/2026 Revised: 21/04/2026 Accepted: 21/04/2026

ABSTRACT

Growth traits are considered as one of the most economically important traits that impact production efficiency, while meat tenderness is the most important factor determining the consumer's acceptability. Over the past decades, molecular markers have been widely used in animal breeding programs to improve these traits. The previous studies have shown that the single nucleotide polymorphisms and insertion/deletion variants in the *PLAG1* gene were associated with growth traits, whereas the genetic variants in the *CAST* gene were involved in beef tenderness. Therefore, in this study, we investigated the polymorphisms of *PLAG1* and *CAST* genes by using PCR and PCR-RFLP in Yellow cattle raised in An Giang province. The results showed that the *PLAG1* and *CAST* genes were polymorphic in observed cattle population. The allele frequencies of W and D in the *PLAG1* gene are 0.09 and 0.91, respectively, while the allele frequencies of A and G in the *CAST* gene are 0.39 and 0.61, respectively. The W and A alleles have previously been reported to be associated with growth traits and meat tenderness, consequently, their presence may have potential applications in the selection and breeding of Yellow cattle in An Giang province for improved growth performance and meat tenderness.

Keywords: An Giang, *CAST*, Growth traits, Meat tenderness, Molecular marker, PCR-RFLP, *PLAG1*, Yellow cattle

1. MỞ ĐẦU

Thịt là sản phẩm chăn nuôi có giá trị nhất vì đây là một trong những nguồn cung cấp protein chính cho con người. Năm 2024, sản lượng thịt tiêu thụ toàn cầu ước tính tăng 1,3%, đạt 365 triệu tấn. Sự tăng trưởng này chủ yếu từ thịt gia cầm và thịt bò. Đến năm 2034, tiêu thụ thịt bò trên toàn cầu được dự báo sẽ tăng khoảng 13%. Do tốc độ gia tăng dân số cũng như mức thu nhập tăng lên, khoảng 45% mức tăng trưởng tiêu thụ toàn cầu sẽ tập trung tại các quốc gia có thu nhập trung bình cao, trong đó có Việt Nam (OECD/FAO, 2025). Sự gia tăng sản lượng thịt bò được ước tính trong thập kỷ tiếp theo có thể xuất phát từ nhu cầu ăn ngon và chất lượng cao nhằm tăng cường sức khỏe của con người. Để đáp ứng nhu cầu này, việc nâng cao năng suất và chất lượng thịt là quan trọng.

Từ góc độ người tiêu dùng, chất lượng được hiểu là các đặc tính chức năng, bao gồm từ các đặc tính cảm quan như mùi vị và hình thức bên ngoài đến các tiêu chí thuộc lĩnh vực chi phí như bảo quản và phân phối (Geletu và cs., 2021). Trong các đặc tính cảm quan của thịt, độ mềm và hương vị thịt là yếu tố quan trọng nhất ảnh hưởng đến cảm nhận về chất lượng khi ăn thịt (Miller, 2020). Các yếu tố ảnh hưởng đến độ mềm có thể xuất hiện trước và sau khi giết mổ, bao gồm mức co cơ, hàm lượng mô liên kết và hoạt tính của các enzyme nội sinh trong cơ (Maltin và cs., 2003; Geletu và cs., 2021). Trong đó, μ -calpain, m-calpain và calpain3 là những enzyme nội sinh có vai trò quan trọng trong quá trình phân giải protein sợi cơ và được xem như là chỉ thị sinh học của độ mềm thịt (Bai và cs., 2023). Calpastatin (CAST), được mã hóa bởi một gen phức tạp gồm 35 exon và nhiều dạng đồng phân, có chức năng ức chế đặc hiệu các enzyme phân giải protein phụ thuộc canxi là μ -calpain và m-calpain (Juszczuk-

Kubiak và cs., 2008). Nhiều đa hình nucleotide đơn (SNPs) trên gen CAST đã được phát hiện có ảnh hưởng đáng kể đến độ mềm thịt (Kostusiak và cs., 2023). Trong đó, đột biến thay thế nucleotide A>G tại vị trí c. 2959 trên gen CAST liên quan đáng kể đến độ mềm thịt sau giết mổ ở các giống bò khác nhau (Morris và cs., 2006).

Bên cạnh đó, *PLAG1* (Pleomorphic adenoma gene 1), một thành viên của họ gen u tuyến đa hình. Các protein thuộc họ *PLAG* có vai trò là yếu tố phiên mã trong nhân tế bào, chủ yếu tham gia điều hòa nhiều gen quan trọng trong cơ thể (Xu và cs., 2018). Gen *PLAG1* được xem là một trong những gen dự tuyến liên quan đáng kể đến tính trạng năng suất ở nhiều giống bò khác nhau. Các biến dị trong gen *PLAG1*, gồm các SNPs và các đột biến chèn/xóa (indels), ảnh hưởng đến chiều cao, kích thước, khối lượng cơ thể và sản lượng thịt xẻ, từ đó tác động hiệu quả đến sức sản xuất thịt đã được phát hiện (Littlejohn và cs., 2012; Xu và cs., 2018; Zhou và cs., 2019; Hou và cs., 2020). Trong đó, đột biến xóa 19bp (indel 19bp) trên gen *PLAG1* được báo cáo liên quan đáng kể đến tính trạng sinh trưởng ở bò bao gồm vòng ngực, chiều dài hông và mông, chiều dài xương đùi (Xu và cs., 2018).

Bò Vàng là một giống bò nội địa của Việt Nam, được nuôi rải rác tại một số tỉnh thành. Trong đó, tại tỉnh An Giang, bò Vàng được nuôi phổ biến theo phương thức bán chăn thả ở vùng Bảy Núi. Bò thích nghi tốt với môi trường địa phương, có nhu cầu thức ăn thấp và mắn đẻ, tuy nhiên kích thước cơ thể nhỏ (Nguyễn Bá Trung và Phạm Thị Kim Phượng, 2023). Thêm vào đó, hiện nay, không chỉ tại An Giang, quần thể bò Vàng trên cả nước ngày càng giảm. Chính phủ Việt Nam trong những năm vừa qua đã khuyến khích bảo tồn và phát triển nguồn gen cây trồng và vật nuôi bản địa. Do vậy,

vấn đề cải thiện cả năng suất và chất lượng giống bò nội địa đã và đang được các chính quyền địa phương và nhà khoa học quan tâm.

Xuất phát từ thực tiễn trên, chúng tôi thực hiện đề tài khảo sát đa hình gen *PLAG1* và *CAST* ở bò Vàng được nuôi tại tỉnh An Giang nhằm cung cấp dữ liệu khoa học cho chương trình chọn giống với sự hỗ trợ của chỉ thị phân tử trong cải thiện tính trạng sinh trưởng và chất lượng thịt bò Vàng tại vùng này.

2. NỘI DUNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Thu mẫu và tách chiết DNA

Tổng số 27 mẫu máu được thu thập từ 27 bò Vàng được nuôi tại các hộ nông dân ở vùng Bảy Núi của tỉnh An Giang. Khoảng 2 mL máu được lấy từ tĩnh mạch cổ của mỗi bò nhờ bộ lấy máu với chất chống đông EDTA, sau đó các ống máu này được

đem về phòng thí nghiệm khoa Chăn nuôi Thú y, trường Đại học Nông Lâm, Đại học Huế và bảo quản ở tủ đông. DNA tổng số được tách chiết theo phương pháp của Sambrook và cs. (1989), nhưng có điều chỉnh để phù hợp với quy mô của phòng thí nghiệm hiện tại gồm các bước cơ bản: ly giải tế bào bằng đệm tách chiết, phân giải protein bằng Proteinase K, tách DNA ra khỏi hợp phần bằng hỗn hợp phenol : chloroform : isoamylalcohol và rửa DNA bằng ethanol (Le và cs., 2018). Sản phẩm DNA tổng số được đo nồng độ bằng máy đo quang phổ NanoDrop One (Thermo Fisher Scientific, Mỹ).

2.2. Phương pháp PCR

Các thông tin về trình tự mỗi được sử dụng để khuếch đại đoạn gen *CAST* c. 2959 A>G và *PLAG1* indel 19 bp và kích thước sản phẩm của hai đoạn gen này được trình bày ở Bảng 1.

Bảng 1. Thông tin về các môi sử dụng và kích thước sản phẩm PCR

SNPs	Trình tự mỗi (5' – 3')	Kích thước sản phẩm PCR (bp)	Tham khảo
<i>CAST</i> c. 2959 A>G	F: TTGGAAAACGATGCCTCACG R: GTCTGTCCAGGGTCTCTACGA	180	Le và cs (2024)
<i>PLAG1</i> Indel 19 bp	F: ACTTTCCCCTTGAACCACCA R: CTTGTTCCGCCTCCACTTCAG	335, 316	

Khuếch đại DNA được thực hiện trong máy chu kỳ nhiệt PCR (Thermo Fisher Scientific, Nhật Bản). Phản ứng PCR (10 µL) gồm các thành phần (Nước cất khử trùng, DNA khuôn mẫu (10 ng/µL), mỗi

xuôi (0,2 µM), mỗi ngược (0,2 µM) và 2X Quick Taq™ HS DyeMix (Toyobo, Nhật Bản). Thông tin về chương trình nhiệt cho một phản ứng PCR được trình bày ở Bảng 2.

Bảng 2. Thông tin về chương trình nhiệt của phản ứng PCR

SNPs	Chu kỳ nhiệt	Nhiệt độ và thời gian
<i>CAST</i> c. 2959 A>G	1 chu kỳ	94°C 4 phút
	30 chu kỳ	94°C 30 giây; 57°C 30 giây; 72°C 30 giây
	1 chu kỳ	72°C 5 phút
<i>PLAG1</i> indel 19 bp	1 chu kỳ	94°C 4 phút
	35 chu kỳ	94°C 30 giây; 57°C 30 giây; 72°C 30 giây
	1 chu kỳ	72°C 5 phút

2.3. Điện di gel agarose

Sản phẩm PCR được nhuộm trực tiếp bằng thuốc nhuộm 6X GelRed® (Biotum, Mỹ) và được phân tách bằng điện di trên gel agarose 2% (đối với gen *CAST*), 3% đối với gen *PLAG1* trong đệm 0,5X TAE lần lượt ở 100V trong 25 phút và 40 phút. DM2100 ExcelBand™ 100 bp DNA Ladder (Smbio, Đài Loan) được sử dụng làm thang kích thước chuẩn. Kết quả điện di được phân tích trên máy Gel Doc™ XR⁺ (Bio Rad, Mỹ).

2.4. Phương pháp RFLP

Xác định đa hình nucleotide đơn *CAST* c. 2959 A>G: enzyme giới hạn *DdeI*

Bảng 3. Thông tin về phản ứng enzyme giới hạn

Gen	Enzyme giới hạn	Trình tự cắt (5'-3')	Kiểu gen	Kích thước alen (bp)	Tham khảo
<i>CAST</i>	<i>DdeI</i>	5'...CTNAG...3'	AA	61, 119	Le và cs. (2024)
		3'...GANTC...5'	AG	61, 119, 180	
			GG	180	

2.5. Xử lý thống kê

Để đánh giá mức độ đa hình của các đột biến điểm trong quần thể khảo sát, tần số kiểu gen, tần số alen, dị hợp tử quan sát (H_o), dị hợp tử mong đợi (H_e), số alen hiệu quả (N_e) và hàm lượng thông tin đa hình (PIC) được tính toán dựa trên công thức của Nei (1978) và Botstein và cs. (1980).

- Công thức tính tần số kiểu gen:

Tần số kiểu gen = Số cá thể mang kiểu gen tương ứng (AA, BB, và AB) / Tổng số mẫu nghiên cứu

- Công thức tính tần số alen:

$$p = \frac{(AA + \frac{1}{2}AB)}{N} \text{ và } q = \frac{(BB + \frac{1}{2}AB)}{N}$$

Trong đó p là tần số alen 1; q là tần số alen 2; N là tổng số mẫu nghiên cứu; AA,

có trình tự cắt phù hợp với trình tự có chứa đột biến A>G tại vị trí c. 2959 đã được sử dụng (Le và cs., 2024). Hỗn hợp phản ứng RFLP (10 μ L) gồm các thành phần: 5 μ L sản phẩm PCR, 0,25 μ L *DdeI* (1U), 1 μ L cutsmart buffer (NEB, Nhật bản), và 3,75 μ L nước cất được khử trùng. Hỗn hợp này được ủ qua đêm ở nhiệt độ 37°C. Kết quả được kiểm tra trên gel agarose 2% trong đệm 0,5 X TAE ở 100 V trong 30 phút.

Thông tin chi tiết về trình tự cắt và kích thước của các phân đoạn được cắt bởi enzyme giới hạn được trình bày ở Bảng 3.

BB tần số kiểu gen đồng hợp; AB: tần số kiểu gen dị hợp

- Công thức tính dị hợp tử quan sát (H_o):

$$H_o = \frac{n}{N}$$

Trong đó: n là số cá thể dị hợp tử, N là tổng số mẫu nghiên cứu.

- Công thức tính dị hợp tử mong đợi (H_e):

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

- 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.

Công thức tính hàm lượng thông tin đa hình

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2p_i^2 p_j^2 = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - \left[\sum_{i=1}^n p_i^2 \right]^2 + \sum_{i=1}^n p_i^4$$

Trong đó p_i , p_j là tần số alen trong quần thể i và j , n là số lượng alen khác nhau.

$$\chi^2_{df} = \sum \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i}$$

Trong đó, df là bậc tự do ($df=1$), O_i là tần số quan sát, E_i là tần số mong đợi.

Tất cả những giá trị này được quản lý bằng phần mềm Excel (Microsoft 365 MSO, version 2305).

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả đa hình gen *PLAG1*

Gen *PLAG1* nằm ở nhiễm sắc thể (NST) 14, gồm 4 exon. Indel 19 bp là đột biến mất một đoạn 19 bp được phát hiện ở intron 1 của gen *PLAG1*, trong đó kiểu gen của cá thể bị mất 19 bp (DD) có kích thước ngắn hơn, 316 bp và kiểu gen của cá thể bình thường (WW) có kích thước dài hơn, 335 bp.

Kết quả phân tích đa hình gen *PLAG1* indel 19 bp bằng phương pháp PCR ở bò

Bảng 4. Kiểu gen và tần suất alen của gen *PLAG1* ở bò Vàng được nuôi tại tỉnh An Giang

Số lượng mẫu	Kiểu gen			Tần suất alen		H_o	H_e	N_e	PIC	χ^2
	WW	WD	DD	W	D					
27	1	3	23	0,09	0,91	0,84	0,16	1,20	0,15	3,1

Theo Zhou và cs. (2019) báo cáo rằng từ miền Bắc đến miền Nam, Trung Quốc, tần suất alen W của các giống bò bản địa được nuôi tại những vùng này giảm dần trong khi tần suất alen D tăng dần và phù hợp với sự phân bố của các giống bò có chiều cao khác nhau ở Trung Quốc. Miền Bắc và miền Trung của Trung Quốc có vĩ độ cao, chiều cao của các giống bò ở những vùng này cũng cao hơn so với các giống bò ở miền Nam có vĩ độ thấp. Bò Holstein, có nguồn gốc từ các tỉnh phía bắc Hà Lan, có vĩ độ 49°–53°, chiều cao của bò Holstein trưởng thành có thể đạt 155–175 cm, tần suất alen W của giống bò này là 0,83. Nhóm tác giả cũng chỉ ra rằng gen *PLAG1* indel 19 bp có ảnh hưởng thống kê đến các tính trạng

Để đánh giá sự cân bằng của quần thể, giá trị khi bình phương (χ^2) theo định luật Hardy-Weinberg được tính theo công thức

Vàng được nuôi tại tỉnh An Giang được thể hiện ở Bảng 4 và Hình 1. Kết quả ở Bảng 4 chỉ ra rằng có cả ba kiểu gen WW, WD và DD với tần suất alen W và D lần lượt là 0,09 và 0,91. Kết quả này cho thấy quần thể bò Vàng được khảo sát tại tỉnh An Giang là đa hình đối với gen *PLAG1* indel 19 bp.

Khi xét về hàm lượng thông tin đa hình trong nghiên cứu này, mặc dù $PIC < 0,25$, nhưng kết quả này không thể nói lên rằng *PLAG1* indel 19 bp không có ý nghĩa trong di truyền vì giá trị PIC cao hay thấp bị ảnh hưởng bởi kích cỡ mẫu, từ đó tác động đến tần suất alen trong quần thể (Nagy và cs., 2012). Trong nghiên cứu này, số lượng mẫu khảo sát hiện tại còn khá nhỏ, có thể vì vậy, giá trị PIC khá thấp.

kích thước như chiều cao thân, chiều cao vai và vòng ngực của bò Yunling ($p < 0,05$). Trong đó, kiểu gen dị hợp WD cải thiện chiều cao thân, cao vai và vòng ngực so với kiểu gen WW và DD.

Theo Xu và cs. (2018) cũng chỉ ra rằng có sự tương quan thống kê giữa đa hình *PLAG1* indel 19 bp với một số chỉ tiêu của tính trạng sinh trưởng ở bò Pinan, Xianan và Jiaxian ($P < 0,05$). Trong đó, kiểu gen WW và WD cải thiện khối lượng cơ thể, chiều cao, dài thân chéo và vòng ngực ở các giống bò này so với kiểu gen DD. Tần suất alen W ở bò Pinan, Xianan và Jiaxian lần lượt là 0,5; 0,76 và 0,6. So với kết quả

nghiên cứu này, tần suất alen W ở bò Vàng nuôi tại An Giang thấp hơn nhiều, 0,09.

Nhưng, khi xét về vĩ độ tại vùng Bảy Núi, An Giang, nơi thu thập mẫu máu bò Vàng khảo sát có vĩ độ rất thấp, 10,48° (thông tin từ google map). Kết quả này cho thấy có sự phù hợp với nghiên cứu của Zhou và cs. (2019) về sự phân bố của alen W và D của *PLAG1* indel 19bp theo vị trí địa lý (vĩ độ) ở 37 giống bò khác nhau. Trong đó, tần suất alen W giảm dần từ 1 – 0,05 ở các giống bò được phân bố tại vĩ độ từ cao đến thấp. Như vậy, trong nghiên cứu của những tác giả này, vẫn có những quần thể bò có tần suất alen W thấp như ở quần thể bò Vàng được khảo sát tại tỉnh An Giang. Thêm vào đó, khi xét về giá trị $\chi^2 = 3,1$ ($< 3,84$, df = 1, $p < 0,05$) cho thấy rằng đàn bò Vàng được khảo sát tại tỉnh An Giang chưa bị ảnh

hưởng của chọn lọc, đột biến hay di nhập cư. Kết quả này gợi ý rằng alen D là alen phổ biến trong quần thể bò Vàng được khảo sát tại An Giang. Như vậy, sự khác nhau về tần suất alen W có thể được lý giải do đặc điểm di truyền giữa các giống bò khác nhau thì có sự khác nhau về kiểu gen và sự biểu hiện gen hình thành tính trạng.

Từ kết quả này gợi ý rằng việc thu mẫu bò Vàng tại những vùng có vĩ độ cao có thể phát hiện được nhiều cá thể mang alen W, tuy nhiên cần phân tích chuyên sâu hơn về ảnh hưởng thống kê của kiểu gen này đến tính trạng sinh trưởng và khả năng thích nghi nhằm khẳng định chính xác vai trò của biến dị này trên bò Vàng tại An Giang để có định hướng cho chọn giống nhờ sự hỗ trợ của chỉ thị phân tử.



Hình 1. Hình ảnh điện di kiểm tra kiểu gen *PLAPG1* indel 19bp bằng phương pháp PCR ở bò Vàng được nuôi tại tỉnh An Giang. Trong đó, giếng 1 – 8; 12 – 14; 16: kiểu gen DD, giếng 9-11: kiểu gen WD, giếng 17: thang kích thước chuẩn DM2100 ExcelBand™ 100bp

3.2. Kết quả đa hình gen *CAST* c. 2959 A>G

Gen *CAST* nằm trên NST 7, gồm 35 exon. SNPs c. 2959 A>G là đột biến thay thế A thành G ở vùng UTR-3' của gen *CAST*, tương ứng với vị trí g.97445321 trên trình tự tham khảo của bò *Bos indicus* (NC_032656.1 Chromosome Reference Bos_indicus_1.0 Primary Assembly - GCF_000247795.1). Kết quả phân tích kiểu gen *CAST* c. 2959 A>G bằng PCR-RFLP

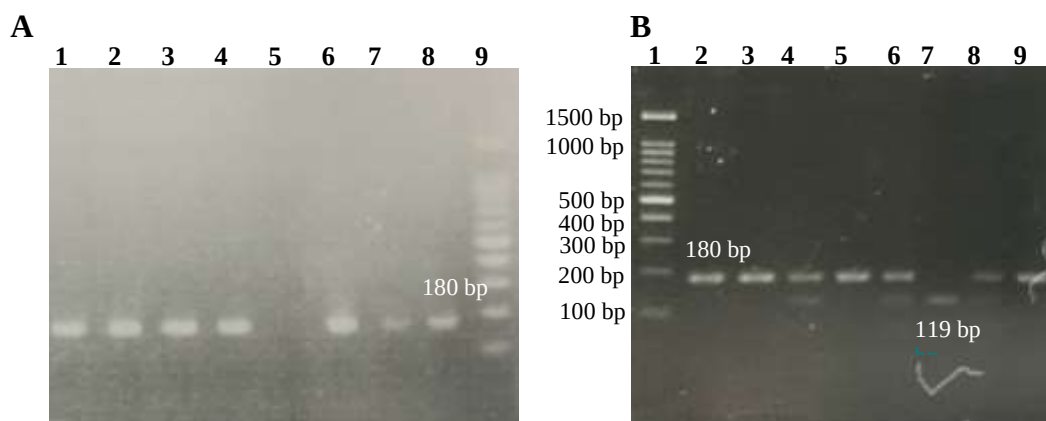
chỉ ra rằng có ba kiểu gen AA, AG và GG cho thấy kiểu gen *CAST* c. 2959 A>G là đa hình ở quần thể bò Vàng được khảo sát tại vùng Bảy Núi của tỉnh An Giang (Hình 2). Trong đó, tần suất alen A và G lần lượt ở bò Vàng là 0,39 và 0,61 (Bảng 5). Giá trị PIC=0,36 cho thấy rằng đột biến điểm này có hàm lượng thông tin đa hình trung bình và có ý nghĩa trong di truyền, gợi ý rằng SNPs c. 2959 A>G có thể là chỉ thị tiềm năng trong chọn giống.

Bảng 5. Kiểu gen và tần suất alen của gen *CAST* ở bò Vàng nuôi tại tỉnh An Giang

Số lượng mẫu	Kiểu gen			Tần suất alen		H_o	H_e	N_e	PIC	χ^2
	AA	AG	GG	A	G					
27	5	11	11	0,39	0,61	0,52	0,48	1,91	0,36	0,55

Theo Li và cs. (2010); Zalewska và cs. (2021) đã chỉ ra rằng có sự tương quan di truyền đáng kể giữa *CAST* g. 2959 A>G và lực cắt thịt sau giết mổ ở cả nhóm bò *Bos taurus*, *Bos indicus* và bò lai (*Bos taurus* x *Bos indicus*). Cụ thể, alen A của SNP c. 2959 A>G cải thiện độ mềm thịt với tần suất 0,652 ở bò Angus, 0,722 ở bò Hereford, 0,75 ở bò Qinchuan và 0,6777 ở bò Jinnan, Trung Quốc (Li và cs., 2010). So với kết quả nghiên cứu của chúng tôi, thì tần suất alen A ở bò Vàng được nuôi tại An Giang

thấp hơn (0,39). Điều này có thể lý giải do đặc điểm di truyền giống giữa các giống bò khác nhau thì có sự khác nhau về chất lượng cũng như năng suất. Trong đó, nhóm bò *Bos taurus* được biết đến có độ mềm thịt cao hơn so với giống bò *Bos indicus* (bò Vàng Việt Nam). Sự khác biệt này chủ yếu là do mức độ enzyme calpastatin, ức chế sự phân giải protein trong cơ ở bò *Bos indicus* cao hơn ở bò *Bos taurus* (Wright và cs., 2018; Liu và cs., 2022).



Hình 2. Hình ảnh điện di kiểm tra kiểu gen *CAST* c.2959 A>G bằng phương pháp PCR-RFLP ở bò Vàng được nuôi tại tỉnh An Giang. A: Kết quả điện di kiểm tra kết quả khuếch đại đoạn gen *CAST* c.2959 A>G bằng phương pháp PCR. Trong đó, giếng 1-8: đoạn băng được khuếch đại có kích thước 180 bp, giếng 9: thang kích thước chuẩn DM2100 ExcelBand™ 100bp. B: Kết quả điện di kiểm tra kết quả đa hình gen *CAST* c.2959 A>G bằng phương pháp RFLP. Trong đó, các giếng 2-3,9: kiểu gen GG; giếng 4,6,8: kiểu gen AG; giếng 7: kiểu gen AA; giếng 1: thang kích thước chuẩn DM2100 ExcelBand™ 100bp.

Theo nghiên cứu của Le và cs. (2024), tần suất alen A ở bò Vàng nuôi tại xã A Lưới, thành phố Huế là 0,4. Kết quả này cho thấy rằng, tần suất alen A của *CAST* c. 2959 A>G ở bò vàng tại tỉnh An Giang và thành phố Huế là tương đương nhau. Khi xét về giá trị χ^2 (df =1, $p < 0,05$) theo định

luật Hardy-Wenberg trên nghiên cứu này (0,55) cho thấy rằng cấu trúc quần thể của bò Vàng sở hữu SNP này là cân bằng về mặt di truyền, chưa bị ảnh hưởng của các yếu tố chọn lọc hay di nhập cư. Kết quả này tương tự như ở nghiên cứu của Le và cs. (2024) trên bò Vàng tại xã A Lưới. Như vậy, bò

Vàng Việt Nam nói chung có tần suất alen A của *CAST* c. 2959 A>G là khá ổn định mặc dù số lượng khảo sát ở cả hai quần thể tại hai vùng có địa lý xa nhau (thành phố Huế và tỉnh An Giang) khá ít.

Nhìn chung, kết quả khảo sát này gợi ý rằng cả hai biến dị trên gen *CAST* và *PLAG1* có thể là chỉ thị tiềm năng cho chọn giống. Nhưng để có thể áp dụng những biến dị này như chỉ thị phân tử cần đánh giá sự tương quan di truyền của 2 gen này với tính trạng sinh trưởng và độ mềm thịt trên số lượng lớn hơn.

4. KẾT LUẬN

Kết quả nghiên cứu chỉ ra rằng *CAST* và *PLAG1* là đa hình ở bò Vàng được nuôi tại tỉnh An Giang. Trong đó tần suất alen W và D của gen *PLAG1* lần lượt là 0,09 và 0,91; tần suất alen A và G của gen *CAST* lần lượt là 0,39 và 0,61. Những kết quả này là tiền đề cho nghiên cứu tiếp theo về tuyển chọn và phát triển con giống dựa trên sự hỗ trợ của chỉ thị phân tử nhằm cải thiện tầm vóc cũng như chất lượng thịt ở bò Vàng nuôi tại An Giang.

LỜI CẢM ƠN

Tác giả xin gửi lời cảm ơn đến Giáo sư Kunieda Tetsuo, trường Đại học Okayama, Nhật Bản, đã hỗ trợ trang thiết bị và hoá chất để thực hiện quy trình PCR và PCR-RFLP.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Tài liệu tiếng Việt

Nguyễn Bá Trung và Phạm Thị Kim Phượng. (2023). Đặc điểm di truyền bò Vàng An Giang qua phân tích D-loop gen ty thể và gen SRY nhiễm sắc thể Y. *Tạp chí khoa học Kỹ thuật chăn nuôi*, 287, 21-25.

2. Tài liệu tiếng nước ngoài

Bai, Y., Hou, C., Huang, C., Fang, F., Dong, Y., Li, X., & Zhang, D. (2023). Phosphorylation of Calpastatin Negatively Regulates the Activity of Calpain. *Life*, 13(3), 854. DOI: <https://doi.org/10.3390/life13030854>.

Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M., & Davis, R. W. (1980). Construction of a

genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American journal of human genetics*, 32(3), 314–331.

Geletu, U. S., Usmael, M. A., Mammed, Y. Y., & Ibrahim, A. M. (2021). Quality of Cattle Meat and Its Compositional Constituents. *Veterinary medicine international*, 2021, 7340495. DOI: <https://doi.org/10.1155/2021/7340495>

Hou, J., Qu, K., Jia, P., Hanif, Q., Zhang, J., Chen, N., Dang, R., Chen, H., Huang, B., & Lei, C. (2020). A SNP in *PLAG1* is associated with body height trait in Chinese cattle. *Animal genetics*, 51(1), 87–90. DOI: <https://doi.org/10.1111/age.12872>.

Juszczuk-Kubiak, E., Wyszynska-Koko, J., Wicińska, K., & Rosochacki, S. (2008). A novel polymorphisms in intron 12 of the bovine calpastatin gene. *Molecular biology reports*, 35(1), 29–35. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11033-006-9048-0>

Kostusiak, P., Slószarz, J., Gołębiowski, M., Grodkowski, G., & Puppel, K. (2023). Polymorphism of Genes and Their Impact on Beef Quality. *Current issues in molecular biology*, 45(6), 4749–4762. DOI: <https://doi.org/10.3390/cimb45060302>

Le, T. N. A., Vu, H. V., Okuda, Y., Duong, H. T., Nguyen, T. B., Nguyen, V. H., Le, P. D., & Kunieda, T. (2018). Genetic characterization of Vietnamese Yellow cattle using mitochondrial DNA and Y-chromosomal haplotypes and genes associated with economical traits. *Animal Science Journal = Nihon chikusan Gakkaiho*, 89(12), 1641–1647. DOI: <https://doi.org/10.1111/asj.13099>.

Le, T. N. A., Duong, H. T., Le, P. T. L., Nguyen, T. T., Phan, T. T. D., Le, P. D., & Nguyen, V. H. (2024). Genetic diversity and polymorphism of genes associated with meat quality and growth traits of A Luoi Yellow cattle in Vietnam. *Veterinary world*, 17(10), 2295–2303. DOI: <https://doi.org/10.14202/vetworld.2024.2295-2303>.

Littlejohn, M., Grala, T., Sanders, K., Walker, C., Waghorn, G., Macdonald, K., Coppieters, W., Georges, M., Spelman, R., Hillerton, E., Davis, S., & Snell, R. (2012). Genetic variation in *PLAG1* associates with early life body weight and peripubertal weight and growth in *Bos taurus*. *Animal genetics*, 43(5), 591–594. DOI:

- <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02293.x>.
- Li, J., Zhang, L., Gan, Q., Li, J., Gao, H., Yuan, Z., Gao, X., Chen, J., & Xu, S. (2010). Association of CAST Gene Polymorphisms with Carcass and Meat Quality Traits in Chinese Commercial Cattle Herds. *Asian-australasian journal of animal sciences*, 23, 1405-1411.
- Liu, J., Ellies-Oury, M.-P., Stoyanchev, T., & Hocquette, J.-F. (2022). Consumer Perception of Beef Quality and How to Control, Improve and Predict It? Focus on Eating Quality. *Foods*, 11(12), 1732. DOI: <https://doi.org/10.3390/foods11121732>.
- Maltin, C., Balcerzak, D., Tilley, R., & Delday, M. (2003). Determinants of meat quality: tenderness. *Proceedings of the nutrition society*, 62(2), 337-347. DOI: <https://doi.org/10.1079/PNS2003248>.
- Miller, R. (2020). Drivers of Consumer Liking for Beef, Pork, and Lamb: A Review. *Foods*, 9(4), 428. DOI: <https://doi.org/10.3390/foods9040428>.
- Morris, C. A., Cullen, N. G., Hickey, S. M., Dobbie, P. M., Veenvliet, B. A., Manley, T. R., Pitchford, W. S., Kruk, Z. A., Bottema, C. D., & Wilson, T. (2006). Genotypic effects of calpain 1 and calpastatin on the tenderness of cooked M. longissimus dorsi steaks from Jersey x Limousin, Angus and Hereford-cross cattle. *Animal genetics*, 37(4), 411-414. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2006.01483.x>.
- Nagy, S., Poczai, P., Cernák, I. & János, T. (2012). PICcalc: An Online Program to Calculate Polymorphic Information Content for Molecular Genetic Studies. *Biochemical Genetics*, 50, 670-672. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10528-012-9509-1>
- Nei, M. (1978). *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York, 512 pp
- OECD/FAO (2025), *OECD-FAO Agricultural Outlook 2025-2034*, OECD Publishing, Paris/FAO, Rome. DOI: <https://doi.org/10.1787/601276cd-en>.
- Sambrook, J., Fritsch, E.F., & Maniatis, T. (1989) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2nd ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- Wright, S. A., Ramos, P., Johnson, D. D., Scheffler, J. M., Elzo, M. A., Mateescu, R. G., Bass, A. L., Carr, C. C., & Scheffler, T. L. (2018). Brahman genetics influence muscle fiber properties, protein degradation, and tenderness in an Angus-Brahman multibreed herd. *Meat science*, 135, 84-93. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2017.09.006>.
- Xu, W., He, H., Zheng, L., Xu, J. W., Lei, C. Z., Zhang, G. M., Dang, R. H., Niu, H., Qi, X. L., Chen, H., & Huang, Y. Z. (2018). Detection of 19-bp deletion within PLAG1 gene and its effect on growth traits in cattle. *Gene*, 675, 144-149. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.gene.2018.06.041>.
- Zalewska, M., Puppel, K., & Sakowski, T. (2021). Associations between gene polymorphisms and selected meat traits in cattle - A review. *Animal bioscience*, 34(9), 1425-1438. DOI: <https://doi.org/10.5713/ab.20.0672>.
- Zhou, Z., Huang, B., Lai, Z., Li, S., Wu, F., Qu, K., Jia, Y., Hou, J., Liu, J., Lei, C., & Dang, R. (2019). The Distribution Characteristics of a 19-bp Indel of the PLAG1 Gene in Chinese Cattle. *Animals: an open access journal from MDPI*, 9(12), 1082. DOI: <https://doi.org/10.3390/ani9121082>.