

Kết quả bước đầu xác định đa hình gene *FABP4* và mối liên hệ với chỉ số mỡ giết trên bò lai hướng thịt Wagyu

Đậu Văn Hải¹, Hoàng Thị Ngân¹, Nguyễn Thị Thủy¹, Nguyễn Văn Tiến¹, Phan Hữu Hương Trinh², Chu Mạnh Thắng³ và Dương Nguyên Khang⁴

¹Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển Chăn nuôi Gia súc lớn; ²Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển Gia cầm Vigova, ³Viện Chăn nuôi, ⁴Trường Đại học Nông Lâm Tp. Hồ Chí Minh

TÓM TẮT

Nghiên cứu nhằm bước đầu đánh giá đa hình trên vùng exon 3 của gene *FABP4* ở hai nhóm bò lai Wagyu bằng kỹ thuật PCR/RFLP. Tổng số 112 mẫu máu cá thể trong đó có 56 mẫu từ mỗi nhóm giống bò Wagyu lai với bò cái lai (Red Angus × lai Brahman)-WAB và bò Wagyu lai với bò cái lai (Charolais × lai Brahman)-WCB. Khuếch đại đoạn gene mục tiêu với kích thước 565 bp và phân cắt sản phẩm PCR bởi enzyme *Nla*III. Kết quả cho thấy đa hình gene tại vị trí *FABP4/Nla*III được nhận diện trên cả quần thể bò khảo sát với hai allen với tần số G (0,853) và A (0,147) với hai kiểu gene GG (0,705) và GA (0,295). Hệ số dị hợp mong đợi (He) và hàm lượng thông tin đa hình (PIC) lần lượt là 0,251 và 0,220. Đối với nhóm bò WAB, tần số allen G (0,946) và A (0,054), tần số kiểu gene GG (0,893) và GA (0,157). Giá trị He và PIC lần lượt là 0,101 và 0,096. Tương tự với nhóm bò WCB, tần số allen G (0,759) và A (0,241), tần số kiểu gene GG (0,518) và GA (0,482). Giá trị He và PIC lần lượt là 0,366 và 0,299. Phân bố allen ở quần thể chung hay nhóm bò WAB ở trạng thái cân bằng Hardy-Weinberg. Từ kết quả có thể kết luận rằng đa hình gene tại vị trí *FABP4/Nla*III được nhận diện với hai allen và 2 kiểu gene, kiểu gene GG có xu hướng trội, giá trị He < Ho và PIC thấp trong quần thể bò khảo sát. Nhóm bò mang kiểu gene GA có ảnh hưởng tích cực đến chỉ số mỡ giết lúc 12 tháng tuổi so với nhóm bò mang kiểu gene GG. Việc mở rộng dung lượng mẫu khảo sát, phân tích quan hệ giữa đa hình gene *FABP4/Nla*III với tính trạng về chỉ số mỡ giết ở thời điểm 24 tháng tuổi và lúc giết mổ là điều cần thiết để tạo cơ sở dữ liệu hỗ trợ chọn lọc ở cấp độ phân tử nhằm nâng cao chất lượng thịt bò. Bên cạnh đó việc duy trì kiểu gene GA trong quần thể là điều cần quan tâm.

Từ khóa: Bò lai Wagyu, đa hình gene, gen *FABP4*, mỡ giết.

Đặt vấn đề

Chăn nuôi bò nói chung và chăn nuôi bò thịt nói riêng không những đóng vai trò quan trọng trong kinh tế nông nghiệp mà còn đáp ứng nhu cầu thịt có giá trị dinh dưỡng cao cho con người. Độ mềm của thịt và tỷ lệ mỡ cũng như hình thức mỡ hiện diện trong thịt là hai yếu tố quan trọng đối với người tiêu dùng về chất lượng thịt bò (Rivera-Prieto và cs., 2015). Mỡ giết (marbling) là thuật ngữ chỉ sự hiện diện của mỡ nằm giữa các sợi cơ trong thịt và tính trạng mỡ giết được xem là ảnh hưởng bởi đa gene. Khuynh hướng di truyền về mỡ giết dựa trên sự

khác biệt cấu trúc di truyền các allen của gene *Thyroglobulin (TG)* điều tiết sản xuất hormone thyroid nhằm điều hòa dự trữ và biến dưỡng mỡ, đa hình vùng 5' của gene này ảnh hưởng đến sự tăng mỡ giết (Barendse, 2009; Sing và Chung, 2007; Anton và cs., 2013).

Bên cạnh đó, gene *FABP4* (Fatty acid-binding protein 4) nằm trên nhiễm sắc thể 14 được cho là có vai trò quan trọng trong việc điều hòa biến dưỡng lipid kết hợp với thay đổi thủy phân lipid và acid béo nội bào (Cacas và cs., 2003; Cho và cs., 2008) và nó cũng cần thiết cho cân bằng glucose nội môi thông qua cơ chế tương tác với

thụ thể kích hoạt tăng sinh peroxisome (Ardicli và cs., 2017) và được xem là gene ứng cử cho đánh giá sự tổng hợp mỡ trên bò cũng như các đặc trưng về thịt xẻ (Michal và cs., 2006; Fortes và cs., 2009; Lee và cs., 2010; Shin và cs., 2012; Maharani và cs. 2012; Sasazaki và cs., 2024).

Ở Việt Nam, nghiên cứu về gene mỡ giết được thực hiện trên heo (Chung Anh Dũng và cs., 2016) nhưng chưa có thông tin về đa hình gene *FABP4* trên bò thịt, đặc biệt là trên nhóm bò lai Wagyu. Vì thế, nghiên cứu này thực hiện nhằm đánh giá đa hình gene ở vị trí *FABP4/NlaIII* và mối liên hệ giữa đa hình gene với chỉ số mỡ giết làm cơ sở dữ liệu ở mức phân tử cho ứng dụng hỗ trợ chọn lọc cải thiện chất lượng thịt ở bò.

Vật liệu và phương pháp nghiên cứu

Vật liệu nghiên cứu

Kit ly trích DNA TopPURE® Blood DNA Extraction Kit (ABT-Việt Nam), DreamTaq™ PCR Master Mix (2X) (Thermo Scientific-Hoa Kỳ), Agarose (Bioline-Vương quốc Anh), GelGreen 6X (ABT-Việt Nam), thang DNA 100bp (Thermo Scientific-Hoa Kỳ), thang DNA 25bp (BioBasic-Canada), dung dịch đệm TBE (ABT-Việt Nam), enzyme giới hạn *HhaI* (Thermo Scientific-Hoa Kỳ).

Tổng số 112 mẫu máu của hai nhóm bò lai hướng thịt (Hình 1): bò lai giữa tinh bò đực Wagyu với bò cái lai (Red Angus × Brahman) ở Hình 1A và bò cái lai (Charolais × Brahman) ở Hình 1B.

Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được triển khai từ tháng 10/2024 đến tháng 6/2025 tại Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển Chăn nuôi Gia súc lớn phối hợp với Phòng Công nghệ Phôi Động vật, Trường Đại học Nông Lâm TP. Hồ Chí Minh.

Phương pháp nghiên cứu

Bố trí thí nghiệm

Bò được nuôi tại Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển Chăn nuôi Gia súc lớn thuộc Phân Viện Chăn nuôi Nam Bộ - Viện Chăn nuôi. Cả hai nhóm bò lai WAB và WCB được nuôi

dưỡng trong điều kiện tương tự nhau về chuồng trại, chăm sóc nuôi dưỡng, quản lý dịch bệnh và khẩu phần ăn theo tiêu chuẩn NRC (2016) nhưng khác nhau về độ tuổi khi thu nhận mẫu.

Thu nhận mẫu máu và ly trích DNA

Thu nhận mẫu máu

Mẫu máu được thu nhận từ tĩnh mạch khẩu đuôi bởi kỹ thuật viên có kinh nghiệm và bò được cố định khi lấy mẫu nhằm giảm thiểu stress. Mẫu máu (1 mL/con) sau khi lấy bằng syring 5 mL gắn kim 18G được chuyển vào ống đựng mẫu có chất chống đông (ethylenediamine tetra-acetic acid - EDTA), bảo quản ở 4°C và vận chuyển về phòng thí nghiệm trong vòng 4-6 giờ, và mẫu máu sau đó được bảo quản ở nhiệt độ âm 30°C cho đến khi sử dụng (Đậu Văn Hải và cs., 2025; Bui và cs., 2025).

Ly trích DNA

DNA tổng số được ly trích từ mẫu máu bằng bộ kit DNA TopPURE® Blood DNA Extraction Kit (ABT-Việt Nam), theo hướng dẫn của nhà sản xuất. Kiểm tra chất lượng và độ tinh sạch DNA bằng điện di trên gel agarose 1% và đo quang phổ hấp thụ ở bước sóng 260 và 280nm.

Khuếch đại gene mục tiêu và phân tích đa hình

Khuếch đại đoạn gene FABP4 trên vùng exon: Trình tự cặp mồi (5'–3') với mồi xuôi: ACCCCTATGATGCTATTCCACA và mồi ngược: ATACGGTTCACATTGAGAGGGA. Kích thước sản phẩm PCR dự kiến là 565 bp (Shin và cs., 2012). Thể tích phản ứng là 25µl gồm: 12,5µl DreamTaq™ Mix 2X, 1µl mỗi mồi, 4µl DNA khuôn, 6,5µl nước không chứa nuclease. Phản ứng được thực hiện trên máy Thermal Cycler (Bioer, Trung Quốc) với chu trình nhiệt: (1) Khởi động ở 95°C - 4 phút; (2) Biến tính ở 95°C - 1 phút; (3) Gắn mồi ở 59°C - 1 phút; (4) Kéo dài ở 72°C - 1 phút; (5) Lặp lại 25 chu kỳ từ bước 2 đến 4; (6) Kéo dài cuối ở 72°C - 5 phút. Sản phẩm khuếch đại được kiểm tra bằng điện di trên gel agarose 1%, thang chuẩn 100bp, ghi ảnh bằng hệ thống GelDoc It2 (UVP, USA).

Phân tích đa hình gene *FABP4*: Đa hình gene *FABP4* được xác định bằng phương pháp PCR-RFLP, sử dụng enzyme giới hạn *Nla*III phân cắt sản phẩm PCR. Thể tích phản ứng là 10 μ l gồm: 0,5 μ l sản phẩm PCR, 0,25 μ l enzyme, 1 μ l đệm 10X, 8,25 μ l nước không chứa nuclease, ủ hỗn hợp ở 37°C trong 2 giờ. Sản phẩm được điện di trên gel agarose 3%, phân tích bằng hệ thống GelDoc It2 với thang chuẩn 25bp. Các kiểu gene được xác định: GG (463/71/31bp), GA: (463/233/230/71/31bp) và AA: (233/230/71/31bp).

Xác định khối lượng và tỷ lệ mỡ giết

Khối lượng của bò lai lúc 12 tháng tuổi: được xác định bằng cân điện tử (Model 1200 weighing system của hãng Ruddweigh Australia Pty-Ltd với sai số 0,5kg), bò được cân cả thể vào thời điểm khoảng 8,0 giờ sáng, trước khi cho bò ăn.

Tỷ lệ mỡ giết: được xác định bằng phương pháp siêu âm (Exago với đầu dò L3130B của hãng IMV, Pháp). Đo tại vị trí xương sườn thứ 12 tới xương sườn thứ 13 (4 xương sườn từ cuối lên) vuông góc với đường sống lưng trên bò sống. Chỉ số về tỷ lệ mỡ giết (%) được ước tính trên phần mềm Biosoft Toolbox III for Swine từ hình ảnh siêu âm thu nhận được.

Những cá thể bò được thu nhận mẫu máu phân tích đa hình gene có đủ dữ liệu ban đầu

về khối lượng và chỉ số mỡ giết lúc 12 tháng tuổi được sử dụng cho phân tích mối liên hệ giữa đa hình gene *FABP4*/*Nla*III với khối lượng và chỉ số mỡ giết.

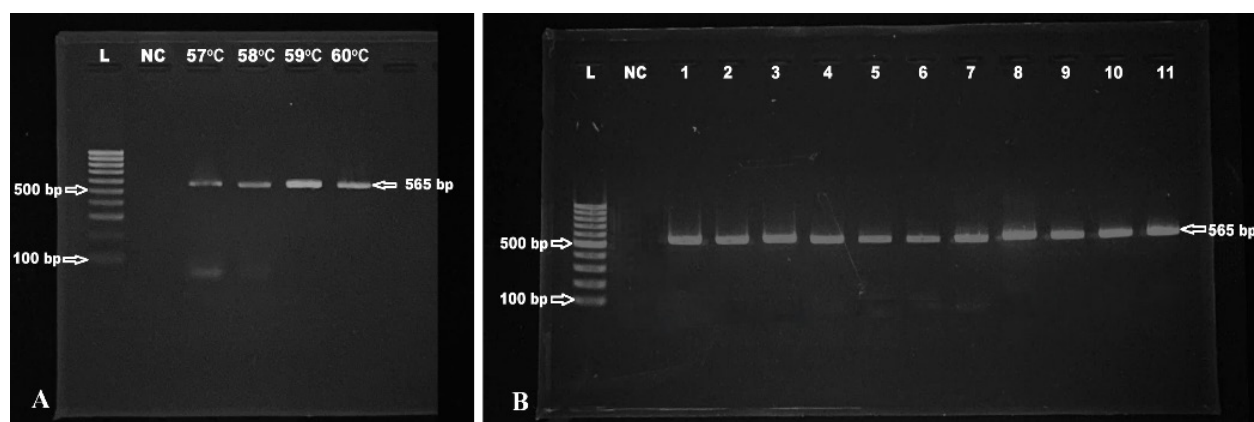
Xử lý số liệu

Tần số alen, kiểu gene, hệ số dị hợp mong đợi (He), chỉ số thông tin đa hình (PIC), kiểm định phân bố di truyền theo Hardy–Weinberg bằng χ^2 (Chi-square test). Áp dụng thống kê mô tả và ANOVA, trắc nghiệm Tukey trên phần mềm Minitab 17.0 để phân tích ảnh hưởng của giống, kiểu gene đến khối lượng cơ thể (kg/con) và tỷ lệ mỡ giết (%) lúc 12 tháng tuổi, sự khác biệt có ý nghĩa thống kê khi giá trị $P < 0,05$, số liệu trình bày dưới dạng Mean \pm SEM.

Kết quả và thảo luận

Khuếch đại đoạn gene mục tiêu trên exon 3 của gene *FABP4*

Tối ưu điều kiện nhiệt độ gắn mồi (57; 58; 59 và 60°C) cho phản ứng PCR được thực hiện, kết quả được trình bày ở Hình 1A và phản ứng PCR khuếch đại vùng gen mục tiêu *FABP4* trên các mẫu dựa vào nhiệt độ bắt cặp tối ưu, kết quả điện di đại diện sản phẩm PCR được trình bày ở Hình 1B.



Hình 1. Hình ảnh điện di sản phẩm PCR.

(A) nhiệt độ gắn mồi (57–60°C) và (B) khuếch đại gene mục tiêu (1–11: mẫu sản phẩm PCR đại diện với kích thước 565bp). L: ladder 100bp; NC: đối chứng âm.

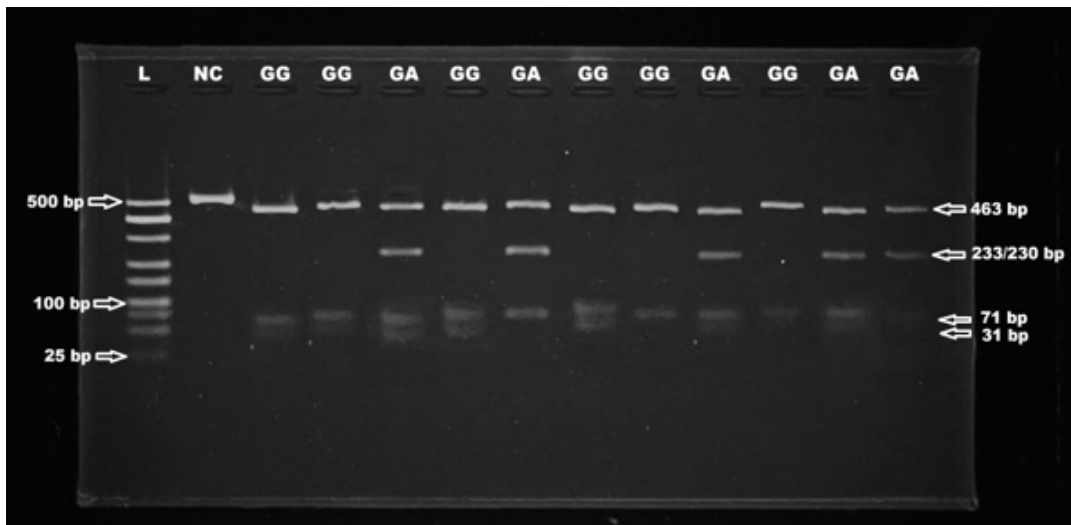
Từ kết quả hình ảnh điện di ở Hình 1A cho thấy sản phẩm PCR với kích thước khoảng 565 bp được khuếch đại ở các nhiệt độ gắn mỗi khác nhau và ở nhiệt độ 59°C cho thấy băng sản phẩm sáng và rõ ràng so với các nhiệt độ còn lại. Vậy có thể xem nhiệt độ gắn mỗi ở 59°C được chọn là nhiệt độ tối ưu cho phản ứng và được sử dụng để khuếch đại gene mục tiêu cho toàn bộ mẫu.

Kết quả từ Hình 1B cho thấy, hình ảnh điện di sản phẩm PCR sau khuếch đại có các băng sản phẩm rõ ràng với kích thước phù hợp với dự

kiến (565 bp), không có băng phụ cho thấy quá trình khuếch đại đoạn gen *BAFP4* mục tiêu là thành công. Kết quả thu nhận được từ nghiên cứu này tương tự một số kết quả đã được công bố (Lee và cs., 2010; Shin và cs., 2012; Ardicli và cs., 2021).

Nhận diện đa hình bằng enzyme phân cắt *NlaIII*

Sản phẩm PCR sau khi khuếch đại vùng gene mục tiêu được tiến hành phân cắt bởi enzyme *NlaIII*, kết quả một số mẫu đại diện cho phân cắt được trình bày ở Hình 2.



Hình 2. Hình ảnh đại diện sau khi phân cắt sản phẩm PCR bằng enzyme *NlaIII*. GG: 463/71/31bp; GA: 463/233/230/71/31bp; (L): ladder 25bp; (NC): đối chứng âm

Từ kết quả ở Hình 2 cho thấy, sản phẩm PCR phân cắt bởi enzyme *NlaIII* nhận diện được 2 kiểu gen GG (463/71/31bp), GA (463/233/230/71/31bp) và chưa nhận diện kiểu gene AA: (233/230/71/31bp) ở nhóm bò được khảo sát. Khi tiến hành phân tích đa hình gene *FABP4* trên ba exon (1, 2 và 3) ở bò Hanoo (Hàn Quốc), Shin và cs. (2012) cho thấy nhận diện 2 kiểu gene trên vùng exon 1 (GG: 85/133/372 bp và CC: 85/98/133/274 bp), hai kiểu gene trên vùng exon 2 (AA: 555 bp, TT: 86/469 bp) và trên exon 3 có hai kiểu gene (GG: 31/71/463 bp, AA: 31/71/230/233 bp). Trong khi đó, khi khảo sát trên nhóm bò lai giữa Wagyu và Limousin F₂ cho thấy có ba kiểu gene nhận diện được ba kiểu gene CC, CG, GG bởi enzyme *MspA1I* (Michal

và cs., 2006). Trong khi đó, tiến hành phân tích đa hình gene *FABP4* với enzyme *NlaIII* trên nhóm bò Aberdeen Angus và Hereford đều nhận diện được 3 kiểu gene (Ardicli và cs., 2021). Tuy nhiên, khi khảo sát trên nhóm bò Aceh (Indonesia), Azhar và cs. (2020) cho thấy sự đồng hình ở vị trí *FABP4/NlaIII* với 1 kiểu gene AA.

Phân tích các tham số liên quan đa hình tại vị trí *FABP4/NlaIII*

Tiến hành phân tích tần số allele, kiểu gene, tần số di hợp mong đợi (He), hàm lượng thông tin đa hình (PIC) tại vị trí đa hình *FABP4/NlaIII*, kết quả được tổng hợp ở Bảng 1.

Bảng 1. Tần số allele, kiểu gene, hệ số dị hợp và hàm lượng thông tin đa hình

Giống	Chỉ tiêu	Kiểu gen			Alen		He	PIC	χ^2
		GG	GA	AA	G	A			
WAB	Số cá thể	50	6	0					
	Tần số quan sát	0,893	0,107	0,000	0,946	0,054	0,101	0,096	0,179
	Tần số mong đợi	0,896	0,101	0,003					
WCB	Số cá thể	29	27	0					
	Tần số quan sát	0,518	0,482	0,000	0,759	0,241	0,366	0,299	5,650
	Tần số mong đợi	0,576	0,366	0,058					
Chung	Số cá thể	79	33	0					
	Tần số quan sát	0,705	0,295	0,000	0,853	0,147	0,251	0,220	3,343
	Tần số mong đợi	0,727	0,251	0,022					

Ghi chú: He là hệ số dị hợp mong đợi. PIC: hàm lượng thông tin đa hình; $df=1$; 0,05; χ^2 bảng = 3,841

Từ kết quả Bảng 1 cho thấy, hiện diện hai allele G và A với tần số tương ứng 0,946 và 0,054 trên nhóm bò WAB; 0,759 và 0,241 trên nhóm bò WCB hay 0,853 và 0,147 trên toàn quần thể bò khảo sát. Sự phân bố tần số kiểu gene GG và GA lần lượt trên nhóm bò WAB là 0,893 và 0,107; ở nhóm bò WCB là 0,518 và 0,482 và chung quần thể khảo sát là 0,705 và 0,295. Nghiên cứu trên nhóm bò Aberdeen Angus và Hereford, Ardicli và cs. (2021) cho thấy tần số allele A và G trên nhóm bò Aberdeen Angus là 0,33 và 0,67 và nhóm bò Hereford là 0,29 và 0,71 hay chung cho quần thể khảo sát là 0,32 và 0,68. Bên cạnh đó, nghiên cứu còn cho thấy kiểu gene GG cũng cho thấy có xu hướng trội trong quần thể khảo sát hay theo nhóm giống khác nhau. Tương tự, khi nghiên cứu trên nhóm bò Holstein Fresian, Kaczor và cs. (2017) cũng cho thấy tần số allele G(0,85), A(0,15) và có ba kiểu gene được nhận diện với GG(0,74), GA(0,23) và AA(0,03).

Giá trị He ở nhóm bò WAB (0,101) thấp hơn ở nhóm bò WCB (0,366) hay chung cả quần thể (0,251). Tương tự, hàm lượng thông tin đa hình ở nhóm WAB (0,096) rất thấp so với nhóm bò WCB (0,299) hay chung toàn quần thể khảo sát (0,220). Theo khuyến cáo của Bostein và cs. (1980), giá trị PIC phản ánh tính đa hình và chia thành ba mức: khi $PIC > 0,05$ có tính đa

hình cao, $0,25 < PIC < 0,05$ có tính đa hình trung bình và $PIC < 0,25$ có tính đa hình thấp. So với khuyến cáo thì giá trị PIC từ nghiên cứu này (0,220) thuộc nhóm đa hình thấp. Khi nghiên cứu trên bò Hanwoo, Shin và cs. (2012) cho giá trị He và PIC là 0,498 và 0,401 hay trên nhóm bò Aberdeen Angus và Hereford có giá trị PIC là 0,341 (Ardicli và cs., 2021) đều cao hơn so với kết quả về giá trị PIC từ nghiên cứu này. Từ kết quả về giá trị $He < Ho$ và PIC thấp (Bảng 1) cho thấy có sự giảm tần số di hợp mong đợi và tính đa hình thấp, điều này có thể do (i) quần thể khảo sát nhỏ và giao phối không ngẫu nhiên, (ii) các yếu tố khác như đột biến, dòng gen (gene flow) và sự trôi dạt di truyền cũng có thể ảnh hưởng đến tần số allele và kiểu gen trong quần thể. Bên cạnh đó, khi giá trị $He < Ho$ thường cho thấy rằng quần thể đang có xu hướng không ở trạng thái cân bằng di truyền, và có thể có các yếu tố đang ảnh hưởng đến sự đa dạng di truyền của nó (Goszczynski và cs., 2017; Ardicli và cs., 2019; Sasazaki và cs., 2024).

Tần số allele ở nhóm bò WAB và chung cho nhóm bò nghiên cứu tuân theo xu hướng cân bằng Hardy-Weinberg tuy nhiên ở nhóm bò WCB cho thấy không cân bằng theo Hardy-Weinberg. Tương tự, khi khảo sát trên nhóm bò Aberdeen Angus và Hereford tại Turkey hay

nhóm bò lai hướng thịt Brasil cũng cho thấy có sự cân bằng theo Herdy-Weinberg (Blecha và cs., 2015; Ardicli và cs., 2021) nhưng xu hướng lệch cân bằng được nhận thấy ở nhóm bò đực Holstein Friesian (Ardicli và cs., 2019).

Việc chưa nhận diện được kiểu gene AA (233/230/71/31bp) trong nhóm bò khảo sát hay sự lệch hướng cân bằng Hardy-Weinberg trên nhóm bò WCB có thể do dung lượng mẫu khảo sát chưa đủ lớn hoặc có thể do hạn chế nguồn tinh bò đực giống sử dụng.

Phân tích ảnh hưởng đa hình tại locus *FABP4/NlaIII* đến khối lượng và tỷ lệ mỡ giắt

Tổng số 100/112 cá thể (số còn lại có độ tuổi nhỏ hơn 12 tháng tuổi nên chưa có đủ thông tin) cá thể có đủ dữ liệu về giá trị kiểu hình cho khối lượng và tỷ lệ mỡ giắt lúc 12 tháng tuổi được sử dụng để phân tích ảnh hưởng giữa hai nhóm giống, đa hình gene tại vị trí *FABP4/NlaIII* với giá trị kiểu hình (khối lượng, chỉ số mỡ giắt lúc 12 tháng tuổi). Kết quả được tổng hợp và trình bày ở Bảng 2.

Bảng 2. Ảnh hưởng của giống, kiểu gene tại vị trí đa hình *FABP4/NlaIII* đến khối lượng và chỉ số mỡ giắt ở bò lúc 12 tháng tuổi

Chỉ tiêu	Giống bò		Kiểu gene <i>FABP4/NlaIII</i>	
	WAB (n=50)	WCB (n=50)	GG (n=70)	GA (n=30)
KL12 (kg/con)	275,54 ^a ± 3,95	296,78 ^b ± 3,69	284,39 ^a ± 3,58	290,30 ^a ± 4,80
MB12 (%)	1,38 ^a ± 0,01	1,87 ^b ± 0,01	1,57 ^a ± 0,03	1,79 ^b ± 0,04

Ghi chú: KL12 là khối lượng cơ thể lúc 12 tháng tuổi; MB12: tỷ lệ mỡ giắt (%) lúc 12 tháng tuổi. Trong cùng yếu tố, số liệu trong cùng hàng mang các ký tự khác nhau sai khác có ý nghĩa ($P < 0,05$), số liệu được trình bày dưới dạng mean ± SEM.

Từ kết quả ở Bảng 2 cho thấy, có sự khác biệt có ý nghĩa ($P < 0,05$) về khối lượng lúc 12 tháng tuổi giữa hai nhóm giống WAB (275,54 kg/con) so với WCB (296,78 kg/con) và tỷ lệ mỡ giắt lúc 12 tháng tuổi ở nhóm bò WAB (1,38%) so với WCB (1,87%). Tương tự, kiểu gene GA tại vị trí đa hình *FABP4/NlaIII* có ảnh hưởng tích cực đến chỉ số tỷ lệ mỡ giắt lúc 12 tháng tuổi (GG: 1,57% so với GA: 1,79%; $P < 0,05$) nhưng không ảnh hưởng đến khối lượng lúc 12 tháng tuổi (GG: 284,39 kg/con so với 290,30 kg/con; $P > 0,05$).

Nghiên cứu trên các nhóm bò lai hướng thịt: 50 1/2 Valdostana + 1/2 Nelore (VN), 50 1/2 Angus + 1/2 Nelore (AN) hay 80 1/2 Caracu + 1/2 Nelore (CN) tại Barasil cho thấy nhóm bò mang kiểu GA có chỉ số về tỷ lệ mỡ giắt cao hơn so với GG hay AA nhưng không có ảnh hưởng đến chỉ tiêu độ dày mỡ lưng giữa các nhóm bò mang kiểu gene khác nhau (Blecha và cs., 2015). Trên bò sữa, Kaczor và cs. (2017) cũng cho thấy bò mang kiểu gene GA cải thiện đáng kể lượng acid béo tổng số trong sữa. Kết quả từ nghiên cứu này cũng cho thấy xu hướng nhóm bò mang kiểu gen GA-*FABP4/NlaIII* cải

thiện đáng kể chỉ số mỡ giắt trên bò lai Wagyu và đây có thể được xem là nghiên cứu đầu tiên nhận diện đa hình gene *FABP4/NlaIII* trên nhóm bò lai Wagyu tại Việt Nam.

Kết luận và đề nghị

Kết luận

Đây là nghiên cứu đầu tiên được thực hiện trên nhóm bò lai Wagyu đã nhận diện được đa hình tại vị trí *FABP4/NlaIII* với hai allele (G và A) và hai kiểu gene (GG và GA). Giá trị He và PIC tại vị trí đa hình *FABP4/NlaIII* thấp. Nhóm bò mang kiểu gene GA (*FABP4/NlaIII*) có ảnh hưởng tích cực đến chỉ số mỡ giắt lúc 12 tháng tuổi so với kiểu gene GG (*FABP4/NlaIII*) trên toàn quần thể bò khảo sát.

Đề nghị

Tiếp tục khảo sát với dung lượng mẫu nhiều hơn, kết hợp phân tích liên kết giữa đa hình gene với tính trạng mỡ giắt ở thời điểm 24 tháng tuổi và lúc giết mổ nhằm tạo cơ sở dữ liệu ở mức phân tử hỗ trợ chọn lọc theo hướng cải thiện chất lượng thịt ở bò. Bên cạnh đó, việc duy trì

kiểu gene GA của đa hình *FABP4/NlaIII* trong quần thể là điều cần quan tâm.

Tài liệu tham khảo

Tiếng Việt

Chung Anh Dũng, Bùi Anh Xuân, và Nguyễn Đắc Thành. 2016. Phân tích kiểu gen H-FABP và tần suất các allele H-FABP của đàn heo kiểm tra năng suất. Tạp chí Khoa học Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam, 12(73): 28-33.

Đâu Văn Hải, Nguyễn Văn Tiến, Hoàng Thị Ngân, Nguyễn Thị Thủy và Nguyễn Ngọc Tấn. 2025. Sinh lý máu bò lai Wagyu nuôi tại Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển chăn nuôi Gia súc lớn. KHKT Chăn nuôi, 308, tr. 27-32.

Tiếng nước ngoài

Anton, I., Zsolnai, A., Hollo, I., Repa, I., and Hollo, G. 2013. Effect of thyroglobulin gene polymorphism on the intramuscular fat content in cattle examined by x-ray computed tomography and Soxhlet methods. Archiv Tierzucht, 56, pp. 593-596.

Ardicli, S., Samli, H., Alpay, F., Dincel, D., Soyudal, B., and Balci, F. 2017. Association of single nucleotide polymorphisms in the *FABP4* gene with carcass characteristics and meat quality in Holstein bulls. Annal. Anim. Sci., 17, pp. 117-130.

Ardicli, S., Samli, H., Vatanserver, B., Soyudal, B., Dincel, D., and Balci, F. 2019. Comprehensive assessment of candidate genes associated with fattening performance in Holstein-Friesian bulls. Arch Anim Breed., 62(1):9-32. doi: 10.5194/aab-62-9-2019.

Ardicli, S., Üstüner, H., and Arslan, O. 2021. Genetic variability of *FABP4* c.328 G>A (rs110652478) polymorphism and its association with slaughter weight and carcass traits in Aberdeen Angus and Hereford bulls imported into Turkey. J. Res. Vet. Med., 40(1), pp. 10-18. doi:10.30782/jrv.m.895372.

Azhar, A., Akmal, M., Hambal, M., Sabri, M., and Rosa, T.S. 2020. Effects of polymorphism of *myostatin* and *fatty acid-binding protein 4* genes on the chemical composition of meat in cull female *Aceh* cattle. Veterinary World, 13(7), pp. 1334-1343.

Barendse, W., Bunch, R.J., Thomas, M.B., and Harrison, B.E. 2009. A splice site single nucleotide polymorphism of the fatty acid binding protein 4 gene appears to be associated with intramuscular fat deposition in longissimus muscle in Australian cattle. Anim. Genet., 40, pp. 770-773.

Blecha, I.M.Z., Siqueira, F., Ferreira, A.B.R., Feijó, G.L.D., Torres Junior, R.A.A., Medeiros, S.R., Sousa, I.I., Santiago, G.G., and Ferraz, A.L.J. 2015.

Identification and evaluation of polymorphisms in *FABP3* and *FABP4* in beef cattle. Genet. Mol. Res. 14 (4), pp. 16353-16363. doi.org/10.4238/2015.

Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M., and Davis, R.W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. Am. J. Hum. Genet., 32, pp. 314-331.

Bui, T.A., Phan, K. L., Dinh, T.M.H., Ly, G.H., Nguyen, D.D., and Nguyen, N.T. 2025. Determination of hematological profiles of Holstein Friesian young calves and heifers under smallholder farms condition. J. Anim. Husb. Sci. Tech., 311: 60-64.

Casas, E., Shackelford, S.D., Keele, J.W., Koohmaraie, M., Smith, T.P., and Stone, R.T. 2003. Detection of quantitative trait loci for growth and carcass composition in cattle. J Anim Sci., 81(12), pp. 2976-2983. doi: 10.2527/2003.81122976x.

Cho, S., Park, T.S., Yoon, D.H., Cheong, H.S., Namgoong, S., Park, B.L., Lee, H.W., Han, C.S., Kim, E.M., Cheong, I.C., Kim, H., and Shin, H.D. 2008. Identification of genetic polymorphisms in *FABP3* and *FABP4* and putative association with back fat thickness in Korean native cattle. BMB Rep., 41(1), pp. 29-34. doi: 10.5483/bmbrep.2008.41.1.029.

Fortes, M.R., Curi, R.A., Chardulo, L.A., Silveira, A.C., Assumpção, M.E., Visintin, J.A., and de Oliveira, H.N. 2009. Bovine gene polymorphisms related to fat deposition and meat tenderness. Genet Mol Biol., 32(1):75-82. doi: 10.1590/S1415-47572009000100011.

Goszczynski, D.E., Papaleo-Mazzucco, J., Ripoli, M.V., Villarreal, E.L., Rogberg-Muñoz, A., Mezzadra, C.A., Melucci, L.M., and Giovambattista, G. 2017. Genetic Variation in *FABP4* and Evaluation of Its Effects on Beef Cattle Fat Content. Anim Biotechnol., 28(3), pp. 211-219. doi: 10.1080/10495398.2016.1262868.

Kaczor, U., Famielec, M., Dudziak, P., Kaczor, A., Kucharski, M., and Mandrecki, A. 2017. Fatty acid binding protein 4 (*FABP4*) and Thyreoglobulin (TG) polymorphisms in relation to milk performance traits in the Holstein-Friesian cattle. Acta Sci. Pol. Zootechnica 16(4), pp. 11-16. doi:10.21005/asp.2017.16.4.02.

Lee, S.H., van der Werf, J.H., Lee, S.H., Park, E.W., Oh, S.J., Gibson, J.P., and Thompson, J.M. 2010. Genetic polymorphisms of the bovine fatty acid binding protein 4 gene are significantly associated with marbling and carcass weight in Hanwoo (Korean Cattle). Anim Genet., (4), pp. 442-444. doi: 10.1111/j.1365-2052.2010.02024.x.

Maharani, D., Jung, Y., Jung, W.Y., Jo, C., Ryoo, S.H., Lee, S.H., Yeon, S.H., and Lee, J.H. 2012.

- Association of five candidate genes with fatty acid composition in Korean cattle. *Mol. Biol. Rep.*, 39(5), pp. 6113-6121. doi: 10.1007/s11033-011-1426-6.
- Michal, J.J., Zhang, Z.W., Gaskins, C.T., and Jiang, Z. 2006. The bovine fatty acid binding protein 4 gene is significantly associated with marbling and subcutaneous fat depth in Wagyu × Limousin F₂ crosses. *Anim. Genet.*, 37, pp. 400–402. doi:10.1111/j.1365-2052.2006.01464.x.
- Nutrient Requirement of Beef Cattle: Eighth Revised Edition. 2016. Animal series. The National Academics of Sciences – Engineering – Medicine. National Research Council.
- Rivera-Prieto, R.A., Garza-Hernandez, D., Torres-Grimaldo, A.A., Cardenas-Ramos, S.G., Reyes-Cortes L.M., Karr-de-Leon, S.F., and Barrera-Saldaña, H.A. 2015. Analysis of Tenderness and Marbling-related Polymorphisms in Beefmaster Cattle. *Asi. J. Anim. Vet. Adv.*, 10 (7), pp. 345-351. doi: 10.3923/ajava.2015.345.351.
- Sasazaki, S., Kondo, H., Moriishi, Y., Kawaguchi, F., Oyama, K., and Mannen, H. 2024. Comprehensive genotyping analysis of single nucleotide polymorphisms responsible for beef marbling in Japanese black cattle. *BMC Genomic Data*, 25:17. doi.org/10.1186/s12863-024-01199-w.
- Shin, S.C., and Chung, E.R. 2007. SNP detection of carboxypeptidase E gene and its association with meat quality and carcass traits in Korean cattle. *Asian-Aust J Anim Sci.*, 20, pp. 328–333
- Shin, S.C., Heo, J.P., and Chung, E.R. 2012. Genetic variants of the *FABP4* gene are associated with marbling scores and meat quality grades in Hanwoo (Korean cattle). *Mol. Biol. Rep.*, 39, pp. 5323–5330. doi:10.1007/s11033-011-1331-z.

ABSTRACT

Initial results of determination of the polymorphism of *FABP4* gene and its relationship with marbling index in Wagyu crossbred cattle

This study aimed to evaluate the polymorphism of *FABP4* gene in two groups of Wagyu crossbreds cattle by PCR/RFLP. A total of 112 blood samples were collected, in which 56 samples from crossbred between Wagyu×(Red Angus × Brahman crossed)-WAB and Wagyu × (Charolais × Brahman crossed)-WCB. Amplification of target gene with 565 bp and digested by *Nla*III enzyme. The results showed that the polymorphic at *FABP4/Nla*III were detected. There are two alleles with frequencies were G (0.853) and A (0.147) with two genotypes GG (0.705) and GA (0.295) identified. The value of He and PIC was 0.251 and 0.220, respectively. In a WAB group, the allele frequency was G (0.946) and A (0.054), the genotype frequency was GG (0.893) and GA (0.157). The value of He and PIC was 0.101 and 0.096. Similar, in the WCB group, the allele frequency was G (0.759) and A (0.241), the genotype frequency was GG (0.518) and GA (0.482). The value of He and PIC was 0.366 and 0.299. HWE testing revealed that the population was determined to be compatible with the equilibrium ($P>0.05$) in the total population and WAB group examined. In conclusion, the polymorphic at *FABP4/Nla*III was identified with two alleles and two genotypes in which the GG genotype is trended to be dominant, the value of $He < H_o$ and low PIC in the population examined. A group of cattle with GA genotype had positive effect on marbling index at 12 months of age. Further study with increasing the sample size, relationship between genetic polymorphism with marbling index at 24 months of age and slaughter time are necessary in depth to obtain the basic data at molecular level to support the selection for improving of beef meat quality. Beside this, maintaining the GA genotype in the practical condition should be considered.

Keywords: *Wagyu crossbred, genetic polymorphism, FABP4 gene, marbling.*

Người phản biện: TS. Đoàn Đức Vũ