

ỨNG DỤNG CỦA CHỈ THỊ SNP TRONG NGHIÊN CỨU DI TRUYỀN CHỌN GIỐNG THỦY SẢN

Lưu Thị Hà Giang^{1*}, Nguyễn Quốc Vương¹, Kim Thị Phương Oanh², Vũ Văn In¹

TÓM TẮT

Nghiên cứu gen và di truyền là phương pháp hữu ích hỗ trợ tăng năng suất và chất lượng sản phẩm thủy sản. Phân tích đa hình nucleotide đơn (SNP) là công nghệ gen mới với các ứng dụng rộng rãi và quan trọng trong nuôi trồng thủy sản. SNP có thể được sử dụng để xây dựng bản đồ liên kết di truyền, tìm ra các vị trí gen liên kết với tính trạng số lượng (QTL), đánh giá chọn giống dựa vào hệ gen và chọn giống dựa vào chỉ thị phân tử. Công nghệ giải trình tự gen thế hệ mới giúp nhanh chóng phát triển các SNP liên kết và không liên kết với các tính trạng, tăng hiệu quả của các chương trình chọn giống thủy sản. Các nghiên cứu và ứng dụng thành công của SNP trong di truyền chọn giống thủy sản được tổng quan trong bài báo này.

Từ khóa: Chỉ thị phân tử, chọn giống hệ gen, di truyền thủy sản, gen liên kết, SNP.

1. MỞ ĐẦU

Nuôi trồng thủy sản trên toàn cầu đóng vai trò ngày càng quan trọng trong việc củng cố an ninh lương thực, tăng trưởng sản lượng hàng năm là 8,12% và tiếp tục tăng nhanh hơn các ngành sản xuất thực phẩm khác, với tổng sản lượng nuôi trồng thủy sản năm 2018 là 114,5 triệu tấn (FAO, 2020). Sản lượng thủy sản đang tiếp tục gia tăng, trong đó có vai trò của ứng dụng kỹ thuật di truyền vào sản xuất giống và nuôi trồng. Công nghệ chọn giống thủy sản đã có nhiều bước tiến mới dựa trên việc sử dụng thông tin kiểu hình của các cá thể kết hợp với thông tin về cấu trúc di truyền và ước tính các giá trị trong di truyền số lượng. Giá trị chọn giống dự đoán chính xác hơn bằng cách sử dụng thông tin về sai khác trong trình tự ADN giữa cá thể chọn giống, hay còn gọi là các chỉ thị phân tử (ADN marker). Các chỉ thị phân tử phổ biến sử dụng gần đây trong nghiên cứu di truyền và chọn giống thủy sản bao gồm RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), microsatellite và SNP (Single Nucleotide Polymorphism).

Công nghệ giải trình tự gen thế hệ mới (New generation sequencing - NGS) đã giúp giảm thiểu độ phức tạp trong việc phát triển các chỉ thị phân tử, đặc biệt là phân tích các đa hình đơn nucleotide (SNP). SNP là chỉ thị được ứng dụng rộng rãi và quan trọng trong nghiên cứu di truyền, xây dựng các bản đồ gen liên kết, xác định vị trí gen liên kết với tính trạng

(QTL) cho các tính trạng quan trọng như sinh trưởng, kháng bệnh, khả năng thích ứng thay đổi môi trường hoặc biến đổi khí hậu, chống lại stress; xác định tuổi thành thực, xác định giới tính, bảo tồn đa dạng sinh học thủy sản, hỗ trợ chọn giống bằng cách ước tính các thông số di truyền quần thể, xác định cơ sở di truyền của tính trạng quan tâm (Yanez *et al.*, 2015). Khái niệm cơ bản về chỉ thị SNP và một số ứng dụng gần đây của SNP trong nghiên cứu bộ gen, di truyền và chọn giống thủy sản sẽ được giới thiệu trong bài viết này.

2. ỨNG DỤNG CỦA CHỈ THỊ SNP

2.1. Phát triển chỉ thị SNP

SNP (Single nucleotide polymorphism) mô tả đa hình alen gây ra bởi đột biến điểm tại một vị trí nucleotide nhất định, đó là sự thay thế các base thường là từ adenine (A) thành guanine (G) hoặc từ cytosine (C) thành thymine (T) (Beuzen *et al.*, 2000). Với sự phát triển của các công nghệ giải trình tự thế hệ mới, bộ dữ liệu chuỗi với quy mô lớn cho phép xác định SNP với hiệu suất cao và hiệu quả từ bộ gen của các sinh vật khác nhau. Các chỉ thị SNP đã được công bố trên một số loài thủy sản phổ biến được trình bày ở bảng 1.

SPN đang ngày càng trở nên phổ biến trong nghiên cứu các loài nuôi trồng thủy sản, so với các phương pháp phân tích kiểu gen công nghệ cao khác, chỉ thị SNP có lợi thế là tăng độ chính xác của kiểu gen và độ ổn định cao, vì các chỉ thị SNP được kiểm tra lặp lại nhiều lần (Robledo *et al.*, 2018). Phân tích các đa hình nucleotide đơn (SNP) đã được sử dụng để nghiên cứu cấu trúc di truyền của rất nhiều

¹ Viện Nghiên cứu Nuôi trồng thủy sản I

² Viện Nghiên cứu hệ gen

*Email: hagiang@ria1.org

tính trạng quan trọng, SNP còn có thể được sử dụng để xây dựng các bản đồ liên kết di truyền, tìm ra vị trí gen liên kết với tính trạng (QTL) cho các tính trạng hữu ích như sinh trưởng, khối lượng cơ thể, khả

năng chịu đựng nhiệt và oxy thấp, chống lại stress và bệnh tật, xác định giới tính, đánh giá lựa chọn bộ gen và chọn giống sử dụng chỉ thị phân tử trong nuôi trồng thủy sản.

Bảng 1. Phát triển chỉ thị SNP cho một số loài cá

TT	Loài nghiên cứu	Phương pháp giải trình tự	Số lượng chỉ thị SNP phát triển	Phần mềm phân tích	Tác giả
1	Cá hồi (<i>Salmo salar</i>) châu Âu	RAD-Sequencing và lập thư viện mRNA, Illumina - based sequencing	Hơn 400.000 SNP	Affymetrix Axiom® myDesign	Houston <i>et al.</i> , 2014
2	Cá hồi (<i>Salmo salar</i>) châu Mỹ	Illumina NovaSeq	Hơn 6,6 triệu SNP, (5.822 SNP tiềm năng trong phân biệt cá hồi châu Âu - châu Mỹ)	BWA and SAMtools	Gao <i>et al.</i> , 2020
3	Cá chép (<i>Cyprinus carpio</i>)	Illumina Hiseq2000	Tổng số 712.042 SNP cho tất cả các dòng cá chép	BWA and SAMtools	Xu <i>et al.</i> , 2012
4	Cá nheo Mỹ (<i>Ictalurus punctatus</i>)	Illumina	407.861 SNP	SAMtools	Liu <i>et al.</i> , 2014
5	Cá rô phi (<i>Oreochromis niloticus</i>)	Illumina HiSeq X platform	30.000 SNP	SAMtools	Peñaloza <i>et al.</i> , 2020

2.2. Ứng dụng của SNP trong lập bản đồ gen

Lập bản đồ gen nhằm mục đích phân loại mối quan hệ của bộ gen và xác định vị trí các gen liên kết với tính trạng. Số lượng lớn SNP được phát hiện theo hệ thống cho phép xây dựng các bản đồ gen liên kết ở mật độ cao. Nghiên cứu trên cá hồi Đại Tây Dương (*Salmo salar*) sử dụng tới 96.000 SNP xây dựng bản đồ liên kết giới tính cho cá hồi đực và cái, qua đó xác định được sự khác biệt tỉ lệ tái tổ hợp ở cá đực và cá cái (Houston *et al.*, 2014). Trên cá hồi Chinook (*Oncorhynchus tshawytscha*), bản đồ liên kết gen đã được xây dựng sử dụng 14.620 SNP, 286 bộ khung sinh học (Scaffold) của hệ gen và 11.728 EST; bản đồ này đã xác định các vùng gen sai khác giữa các quần thể và một số gen tiềm năng liên quan đến các tính trạng như khả năng thích ứng với điều kiện bất lợi, sinh trưởng và các hoạt động của cá (McKinney *et al.*, 2016).

Bản đồ hệ gen của cá da trơn đã được lắp ghép, lập QTL và nhận diện vị trí của các gen chịu trách nhiệm cho các tính trạng quan trọng. Trên cá nheo Mỹ (*Ictalurus punctatus*), bản đồ liên kết di truyền mật độ cao được xây dựng và tích hợp với bản đồ vật lý bằng cách áp dụng kiểu gen của họ cá da trơn sử dụng 250.000 SNP, qua đó hơn 50.000 SNP đã được

xác định vị trí trên bản đồ liên kết, chiếm 90% (867Mb) của bộ gen cá da trơn. Kích thước di truyền ước tính là 3.505,4cM và độ phân giải 0,22cM cho bản đồ di truyền (Li *et al.*, 2015). Bản đồ liên kết di truyền mật độ cao cũng được xây dựng cho con lai giữa cá nheo *Ictalurus punctatus* và *Ictalurus furcatus*, xác định được hơn 26.000 chỉ thị SNP thuộc 29 nhóm liên kết. Bản đồ này cũng cho thấy kiểu di truyền lệch đáng kể so với lý thuyết Mendel, nguyên nhân là do các allen từ dòng mẹ *Ictalurus furcatus* không được tái tổ hợp ở thế hệ con, bản đồ đã chỉ ra mối quan hệ và sự tiến hóa bộ gen giữa 2 loài cá nheo, giải thích được nguyên nhân khó khăn trong việc sản xuất con lai (Liu *et al.*, 2016).

Trên cá chép (*Cyprinus carpio*), bản đồ di truyền đã được xây dựng cho nhóm cá thuần và một gia đình lai ngược dòng từ 8.487 chỉ thị SNP trên các gen bao phủ 50 nhóm liên kết và kéo dài 3.762,88cM; phát hiện nhóm liên kết tính trạng trên bản đồ di truyền với 217 chỉ thị microsatellites và 336 SNP, thông qua phân tích bộ gen ADN phát hiện 14 QTL thuộc 10 nhóm liên kết liên quan đến khối lượng, chiều dài và giới tính (Xu *et al.*, 2014).

Đối với cá biển, cá song chấm (*Epinephelus coioides*) đã được lập bản đồ liên kết di truyền mật

độ cao với tổng cộng 4.608 SNP, độ bao phủ 1.581,7cM được tạo ra bằng phương pháp giải trình tự shotgun (You *et al.*, 2013). Bản đồ liên kết di truyền của cá chình Nhật Bản (*Anguilla japonica*) dựa trên kỹ thuật giải trình tự RAD đã được xây dựng với chiều dài 1.748,8cM (cá cái) và 1.294,5cM (cá đực), tổng cộng có 2.672 chỉ thị SNP từ 1.252 gen và tổng kích thước là 151 Mb (Kai *et al.*, 2014). Bản đồ liên kết di truyền cũng đã và đang được tiếp tục nghiên cứu xây dựng cho một số loài quan trọng khác trong nuôi trồng thủy sản như cá tráp, cá chẽm, cá bơn, tôm sú, tôm thẻ chân trắng,... nhằm mở rộng thêm hiểu biết về cấu trúc di truyền các đối tượng này.

2.3. Ứng dụng của SNP xác định gen liên kết với tính trạng số lượng

Nghiên cứu đầu tiên tìm ra các chỉ thị SNP liên kết chặt chẽ với sinh trưởng là trên loài cá hồi Bắc cực (*Salvelinus alpinus*) ở Canada, các chỉ thị SNP này được tìm thấy trên các vùng gen có chức năng giải phóng hormone sinh trưởng và các gen polypeptide kích hoạt adenylate cyclase tuyến yên (GHRH/ ACAP2) (Tao và Boulding, 2003). Chỉ thị SNP cũng đã được mô tả trong vùng điều hòa của gen IGF-I trên cá hồi bằng cách giải trình tự các đoạn Exon, căn chỉnh và so sánh giữa các cá thể, SNP được đánh giá có tác động trực tiếp đến sự biểu hiện kiểu hình của tính trạng khối lượng cơ thể và tỷ lệ phi lê (Tsai *et al.*, 2014). Trên cá chim vây vàng (*Trachinotus blochii*), nghiên cứu đa hình trên gen mã hóa leptin, một protein đa chức năng tham gia vào các quá trình điều chỉnh tổng khối lượng cơ thể, tiêu thụ thức ăn và điều chỉnh sự thèm ăn, đã chỉ ra 13 chỉ thị SNP có liên quan chặt chẽ đến các tính trạng sinh trưởng, đa hình trong các locus gen leptin-a có thể được sử dụng trong chọn giống cá chim vây vàng sinh trưởng nhanh (Wu *et al.*, 2016).

Sinh trưởng là tính trạng đa gen, nghiên cứu của Schaeffer và đồng tác giả (2018) đã chỉ ra 270 chỉ thị SNP liên quan đến các đặc điểm khối lượng và chiều dài thuộc tính trạng sinh trưởng của cá hồi ở các môi trường nước khác nhau (nước ngọt và nước mặn). Trước đó, nghiên cứu sử dụng công nghệ giải trình tự thế hệ mới cho cá hồi so sánh với bộ gen tham chiếu có sẵn đã xác định số lượng lớn SNP với mật độ xuất hiện rất cao, chỉ ra 8 SNP từ các gen khác nhau có liên kết với tính trạng sinh trưởng, cho thấy bản chất đa gen của các tính trạng này và tiềm năng ứng dụng trong chọn giống cá hồi (Tsai *et al.*, 2016).

Các nghiên cứu về chỉ thị phân tử liên kết với tính trạng sinh trưởng và ứng dụng trong chọn giống trên cá hồi vân được thực hiện dựa trên công nghệ giải trình tự hệ gen phiên mã. Nghiên cứu của Salem và đồng tác giả (2012) trên 778 cá thể (từ 40 gia đình) cá hồi vân, xác định được 22 chỉ thị SNP liên quan đến sinh trưởng và sự mất cân bằng alen giữa nhóm cá được chọn giống sinh trưởng nhanh và nhóm cá không chọn lọc di truyền, kết quả đã xác định được một số SNP đặc trưng cho 2 nhóm trên gen có liên kết với hoạt động trao đổi chất. Phân tích hệ gen phiên mã khi so sánh di truyền giữa nhóm cá hồi vân sinh trưởng nhanh và sinh trưởng chậm qua vụ nuôi khác nhau, đánh giá kiểm định cho 23 chỉ thị trong số 26 SNP đã được công bố trước đó là có mối quan hệ chặt chẽ tới tốc độ tăng trưởng và quyết định đến biểu hiện kiểu hình khác biệt trong sinh trưởng (Danzmann *et al.*, 2016).

Trên loài cá bơn (*Scophthalmus maximus*), phân tích mô cơ và gan từ 18 cá thể đã phát hiện tổng cộng 20.447 gen và 85.344 SNP, qua đó 43 SNP từ các gen liên kết tính trạng sinh trưởng đã được lựa chọn, các SNP này đều nằm trên gen tổng hợp hormone sinh trưởng (Robledo *et al.*, 2016). Giải trình tự hệ gen ADN trên cá chẽm (*Lates calcarifer*) đã xác định được 64 QTL liên quan đến sinh trưởng và 4 QTL liên quan đến tính chống chịu stress trên 18 trong tổng số 40 nhóm liên kết của bản đồ gen, các chỉ thị SNP trên các QTL này đã được tìm thấy ở thế hệ F2 giữa quần đàn cá bố mẹ có nguồn gốc tự nhiên từ 4 quốc gia Thái Lan, Indonesia, Malaysia và Singapore (Xia *et al.*, 2013). Bản đồ QTL và các chỉ thị SNP liên kết với tính trạng sinh trưởng, cụ thể là gen mã hóa axit béo (FA) và protein gắn (IFABP-a) trong ruột của cá vược (*Micropterus salmoides*) được phát hiện khi so sánh hệ gen của các cá thể khác nhau về tốc độ sinh trưởng (lớn nhanh và lớn chậm khi nuôi chung), qua đó cho thấy một số con đường trao đổi chất có thể liên quan đến sự phát triển của cơ thịt (Li *et al.*, 2017).

Trong các nghiên cứu về giáp xác, các chỉ thị SNP ở 23 gen tiềm năng có khả năng liên quan đến sinh trưởng cũng được tìm thấy trong tôm càng xanh chọn giống ở Việt Nam, *Macrobrachium rosenbergii* (Jung *et al.*, 2014). Trên tôm sú (*Penaeus monodon*), đa hình SNP liên quan đến các đặc điểm sinh sản (chỉ số thành thực và khối lượng buồng trứng) đã được tìm thấy tại thụ thể vitellogenin PmVtgr

(Klinbunga *et al.*, 2015). Ở Việt Nam, nhóm nghiên cứu của Nguyễn Thị Minh Thanh và đồng tác giả (2018) đã sàng lọc được tổng số 2887 SNPs trên loài tôm sú (*Penaeus monodon*), trong đó có 1799 SNPs chỉ xuất hiện ở nhóm tôm sú lớn nhanh và 2 chỉ thị SNP nằm trên gen mã hóa protein myosin heavy chain (MHC) liên quan đến tính trạng tăng trưởng ở họ giáp xác.

2.4. Ứng dụng của SNP xác định gen liên kết với tính trạng chất lượng

2.4.1. SNP xác định gen liên kết với chất lượng thịt

Trên cá hồi ở Na Uy, giải trình tự toàn bộ gen xác định được 5.650 SNP liên kết với tính trạng chất lượng thịt; kết quả cho thấy biến dị di truyền ảnh hưởng đến tỉ lệ mỡ phi lê nằm trên nhiễm sắc thể 9 và 10, và ảnh hưởng đến độ săn chắc của thịt trên nhiễm sắc thể 3 và 11 (Sodeland *et al.*, 2013). Phân tích tương quan bộ gen GWAS cho các tính trạng năng suất phi lê, cân nặng, khối lượng thịt bỏ đầu và khối lượng phi lê trong đàn cá hồi vân chọn giống sinh trưởng nhanh sử dụng bộ chỉ thị (38.107 SNP), chỉ ra sự đa hình của 875 cá thể từ các gia đình fulsib trên ba thế hệ chọn giống, lập bản đồ liên kết cho 20 SNP trong các gen quy định sự khác biệt kiểu hình về tốc độ sinh trưởng và năng suất phi lê ở cá hồi vân, cho thấy bản chất đa gen tự nhiên của các tính trạng được nghiên cứu (Gonzalez-Pena *et al.*, 2016). Nghiên cứu gần đây nhất trên cá hồi vân, sử dụng 57.000 chỉ thị SNP định dạng các gen liên quan đến năng suất (khối lượng cơ thể, khối lượng phi lê) và chất lượng (tổng lượng mỡ, tỷ lệ mỡ, màu thịt) cho 1.379 cá thể, phân tích tương quan bộ gen đã xác định một số gen liên kết tính trạng (*htr1*, *gnpat*, *ephx1*, *bcmo1* và *cyp2x*) thuộc hai vùng gen trên nhiễm sắc thể số 8, nghiên cứu này có thể hỗ trợ cho chương trình chọn giống thương mại trên ở cá hồi vân (Blay *et al.*, 2021).

Chỉ thị phân tử SNP cũng được sử dụng trong nghiên cứu cho các tính trạng về dinh dưỡng khác như thành phần protein và hàm lượng axit béo trong cơ thịt. Nghiên cứu đa hình SNP trong lipoprotein lipase, một loại enzyme xúc tác quá trình ôxy hóa triglyceride thành glycerin và axit béo, cho thấy mối liên kết tới tính ăn khác nhau của cá vược (*Siniperca chuatsi*) trong tự nhiên và nuôi trồng thủy sản (Yang *et al.*, 2011). Mức biểu hiện của các enzyme ligase FA-CoA chuỗi dài (ACSL), đóng vai trò quan trọng

trong quá trình chuyển hóa axit béo omega-3; hai SNP trong vùng exon và 6 SNP trong vùng intron đã được tìm thấy trong gen mã hóa ACSL, kết quả phân tích cho thấy 5/8 chỉ thị SNP và haplotype này có liên kết chặt chẽ với các tính trạng sinh trưởng (Dai *et al.*, 2015). Nghiên cứu toàn bộ hệ gen trên một gia đình chọn giống cá chêm (*Lates calcarifer*) F2 thông qua phân tích 22 chỉ thị SNP và microsatellite đã tìm thấy các QTL liên quan đến tổng hàm lượng axit béo trong thịt bao gồm QTL cho acid eicosapentaenoic (EPA) và acid docosahexaenoic (DHA) (Xia *et al.*, 2014). Các kết quả nghiên cứu này đều chỉ ra tiềm năng sử dụng các chỉ thị SNP trong các nghiên cứu sâu hơn về nâng cao chất lượng sản phẩm thủy sản.

2.4.2. SNP xác định gen liên kết với khả năng kháng bệnh

• Bệnh virus:

Chương trình chọn giống cá hồi (*Salmo salar*) phục vụ sản xuất thương mại ở Scotland đã phát hiện được 50 chỉ thị SNP liên kết với một QTL có ảnh hưởng đến khả năng kháng virus hoại tử tuyến tụy (IPNV) (Houston *et al.*, 2012). Các chỉ thị phân tử trên QTL kháng IPNV ở cá hồi Na Uy ban đầu được xác định bằng microsatellite và được hai công ty ở Na Uy và Scotland sử dụng trong chọn và sản xuất cá giống thương mại, dẫn đến giảm 75% sự bùng phát bệnh IPNV (Moen, 2015). Các nghiên cứu sau này sử dụng bản đồ di truyền SNP đã chỉ ra vị trí của QTL kháng bệnh và xác định là gen cadherin (*cdh1*) của biểu mô, đa hình của chỉ thị SNP trong gen *cdh1* cũng là yếu tố quyết định chính đến khả năng kháng IPNV của phần lớn các cá thể cá hồi. Nghiên cứu này cũng lần đầu tiên chỉ ra chức năng tham gia trong quá trình virus IPNV xâm nhập vào tế bào vật chủ, tương tự như vi khuẩn và nấm của protein cadherin biểu mô (Moen *et al.*, 2015).

Ngày càng có nhiều nghiên cứu công bố các chỉ thị SNP liên kết với khả năng kháng hoặc miễn cảm với bệnh virus cho các loài thủy sản từ khi các công nghệ gen phát triển. Các chỉ thị SNP có liên quan đến tính kháng và tính nhạy cảm với reovirus (GCRV) gây bệnh trên cá trắm cỏ được xác định bằng phân tích so sánh hệ gen phiên mã giữa mẫu bệnh thu tự nhiên và mẫu bệnh nuôi cấy (Liao *et al.*, 2017). Đối với bệnh do cyprinid herpesvirus 3 (CyHV-3) gây ra trên cá chép, 11 gen liên quan đến khả năng kháng bệnh đã được giải trình tự để tìm ra các chỉ thị SNP quan trọng phục vụ chương trình

chọn giống, qua đánh giá một gia đình full-sib xác định được 20 chỉ thị ở 9 locus riêng biệt có thể sử dụng trong phân tích tính kháng CyHV-3 (Kongchum *et al.*, 2010). Phân tích trên gen interleukin-1b của cá *Cyprinus pellegrini* và 5 dòng cá chép (*Cyprinus carpio*) ở Trung Quốc cho thấy sự biến đổi SNP tại 13 vị trí khác nhau trên gen Interleukin-1b (IL-1b) có liên quan đến khả năng kháng bệnh do *Koi herpesvirus* (KHV) và *Aeromonas hydrophila* gây ra, gen này đóng vai trò quan trọng trong khả năng tạo miễn dịch bẩm sinh và phản ứng viêm khi cá nhiễm bệnh (Jia *et al.*, 2015). Nghiên cứu về bệnh hoại tử thần kinh (VNN) do virus nervous necrosis gây ra cho rất nhiều loài cá biển gần đây đã phát triển được bộ chỉ thị số lượng lớn (khoảng 40.000 SNP) nằm trên 9 QTL có liên quan đến tính kháng VNN, những chỉ thị này có thể được sử dụng phân tích tương quan hệ gen và ước tính giá trị chọn giống cho cá chẽm châu Âu (*Dicentrarchus labrax*) (Griot *et al.*, 2021).

- **Bệnh vi khuẩn:**

Để xác định các chỉ thị SNP liên kết với khả năng kháng bệnh do vi khuẩn trong môi trường nước lạnh (BCWD) gây ra trên cá hồi vân ở Mỹ, tổng cộng 298 con lai từ hai gia đình half-sib đã được gây nhiễm với vi khuẩn *Flavobacterium psychrophilum* và được giải trình tự RAD, áp dụng phân tích tương quan trên toàn hệ gen (GWAS) đã xác định 18 SNP liên kết với tính trạng kháng BCWD, lập bản đồ QTL dựa trên chỉ thị SNP này để định vị các gen tiềm năng liên kết với tính trạng, kết quả chỉ ra 3 QTL quan trọng đối với kháng BCWD ở cá hồi vân (Liu *et al.*, 2015). Một bệnh vi khuẩn quan trọng khác gây bệnh nguy hiểm trên họ cá hồi là bệnh nhiễm trùng máu *piscirickettsiosis*. Sử dụng 50.000 SNP đánh giá kiểu gen của 2.601 cá thể cá hồi Đại Tây Dương (*Salmo salar*) từ 40 cá bố và 118 cá mẹ trong một chương trình chọn giống ở Chile đã được cảm nhiễm với *Piscirickettsia salmonis*, kết quả cho thấy có 5 SNP trên các gen tiềm năng (bao gồm interleukin và fucosyltransferase) có liên kết vật lý với tính trạng kháng bệnh vi khuẩn (Correa *et al.*, 2015).

Nghiên cứu vi khuẩn *Vibrio harveyi* gây bệnh trên cá chẽm, phân tích ARN và so sánh biểu hiện gen Chemotaxin-2 có nguồn gốc từ tế bào bạch cầu (LECT2 - một protein quan trọng của hệ thống miễn dịch bẩm sinh để chống lại sự lây nhiễm vi khuẩn), kết quả phát hiện 3 SNP có liên quan đến tính kháng

bệnh phình bụng của cá chẽm (Fu *et al.*, 2014). SNP liên quan đến tính kháng bệnh hoại tử gan tụy do vi khuẩn *Vibrio parahaemolyticus* gây ra trên tôm thẻ chân trắng, đã được sàng lọc từ 508 chỉ thị SNP nằm trên các gen liên quan đến miễn dịch cho nhóm tôm kháng và nhạy cảm, 30 SNP được phát hiện liên kết với tính kháng bệnh hoại tử gan tụy cho tôm thẻ chân trắng (Zhang *et al.*, 2019). Nghiên cứu bệnh nhiễm trùng huyết ở ruột cá nheo Mỹ (ESC) do vi khuẩn *Edwardsiella ictaluri* gây ra, Zhou và đồng tác giả (2017) đã phân tích kiểu gen sử dụng phương pháp kiểm nghiệm 250.000 SNP và xây dựng một số QTL liên quan đến kháng ESC, đã xác định được chỉ thị SNP trên gen nck1 liên kết với khả năng tăng cường miễn dịch với bệnh ESC. Nghiên cứu di truyền trên một quần đàn cá trắm cỏ là vật liệu chọn giống bao gồm các cá thể miễn cảm và cá thể kháng bệnh tụ huyết trùng do *Aeromonas hydrophila* gây ra, đã phát hiện 6 SNP trong biến thể của gen C7 và SNP tại vị trí 425 C> T được đánh giá là chỉ thị phân tử quan trọng về kháng bệnh này (Shen *et al.*, 2016).

Nghiên cứu biểu hiện gen ở các cơ quan ruột, thận, lá lách và gan trên cá rô phi (*Oreochromis mossambicus*) cảm nhiễm với hai vi khuẩn gây bệnh *Streptococcus agalactiae* và *Aeromonas hydrophila*, đã xác định được 2 SNP ở gen LBP liên kết với tính trạng kháng *Aeromonas hydrophila* và 3 SNP trong gen MCP-8 có liên quan đến tính trạng kháng *Streptococcus agalactiae* (Fu *et al.*, 2014). Trên dòng cá rô phi lai *Oreochromis* spp. sự biểu hiện của gen duodenase-1 được quan sát tăng cao trong ruột, gan và lá lách, 4 SNP trên gen này có liên kết với khả năng kháng *Streptococcus agalactiae* và 1 SNP có liên quan đến tính trạng sinh trưởng (Shen *et al.*, 2015). Tương tự, biểu hiện của hai gen Gadd45a1 và Gadd45a2 cũng tăng cao trong các mô lá lách, thận, gan và ruột, đây là hai gen đóng vai trò quan trọng trong việc kháng *Streptococcus agalactiae*, kết quả đã xác định được 10 chỉ thị SNP tiềm năng, các chỉ thị này là căn cứ hiệu quả cho việc chọn giống kháng bệnh trên cá rô phi (Shen *et al.*, 2016).

2.4.3. SNP xác định gen liên kết với khả năng chống chịu với môi trường

Nghiên cứu trên cá hồi vân khi nuôi mật độ cao, sử dụng phân tích tương quan hệ gen phát hiện 26 chỉ thị SNP liên quan đến phản ứng với cortisol (chỉ tiêu biểu hiện sự stress ở cá), lập bản đồ liên kết tính trạng dựa trên SNP và nghiên cứu biểu hiện gen tìm

ra được 2 QTL (gen serine và threonine protein kinase) có biểu hiện thay đổi trong gan để phản ứng dưới áp lực của mật độ cao (Liu *et al.*, 2015). Phân tích gen Fih-1 và mối tương quan di truyền giữa nhóm cá nhạy cảm và nhóm cá có khả năng thích nghi với tình trạng thiếu oxy ở cá tráp (*Megalobrama amblycephala*), kết quả xác định 3 chỉ thị SNP liên quan đến yếu tố nhận biết thiếu oxy (Zhang *et al.*, 2016). Tình trạng chịu mặn cũng được nghiên cứu trên cá rô phi vàng (*Oreochromis niloticus*), so sánh biểu hiện gen transferrin giữa nhóm cá có khả năng thích ứng và nhóm cá không có khả năng thích ứng khi nuôi trong muối trường nước mặn, đã tìm thấy được một số các axit amin mã hoá protein bị thay đổi do các SNP gây ra khi gen transferrin biểu hiện tăng cao trong điều kiện cá rô phi tiếp xúc với môi trường nước mặn (Rengmark và Lingaas, 2007).

Nghiên cứu tình trạng chịu nhiệt độ cao trên cá nheo lai sử dụng bộ chỉ thị 250.000 SNP trong phân tích tương quan hệ gen, đã sàng lọc được 14 gen liên kết (là các gen chức năng sinh tổng hợp protein, tổ chức tế bào, chuyển hóa năng lượng) và 3 chỉ thị SNP liên quan chặt chẽ đến sai khác kiểu hình của cá khi nuôi trong môi trường nhiệt độ cao (36°C) (Jin *et al.*, 2017). Trên tôm thẻ chân trắng *Litopenaeus vannamei*, gen TCP- 1-eta đã được giải trình tự và phân tích biểu hiện, kết quả cho thấy biểu hiện gen TCP-1-eta phụ thuộc vào nhiệt độ và một chỉ thị SNP được xác định có liên quan mật thiết đến khả năng chịu lạnh của các cá thể tôm (Yin *et al.*, 2011). Nghiên cứu chỉ thị SNP liên kết của các gen tiềm năng cho tính trạng chịu nhiệt độ cao ở sò điệp (*Argopecten irradians*) cho thấy tần số alen của chỉ thị SNP 53308-760 T/C có sự sai khác lớn giữa nhóm nhạy cảm và nhóm chịu nhiệt, mức độ biểu hiện gen của chỉ thị SNP này có tương quan nghịch với khả năng chịu nhiệt của sò điệp, chứng minh SNP all-53308-760 T/C là chỉ thị quan trọng ứng dụng trong công tác chọn giống sò điệp chịu nhiệt (Du *et al.*, 2014). Nghiên cứu phân tử cho khả năng chịu nhiệt cũng được thực hiện cho loài sò điệp (*Argopecten irradians*), kết quả cho thấy đa hình SNP trong promoter của gen metallothionein 1 và protein heat shock 90 có liên kết với tính trạng chịu nhiệt ở loài này (Yang *et al.*, 2015).

2.5. Ứng dụng của SNP trong chọn giống hệ gen

Chọn giống hệ gen được bắt đầu thực hiện trên cá hồi từ những năm 2010 và đã cải thiện di truyền

cho rất nhiều tính trạng, bao gồm sinh trưởng nhanh, tăng hàm lượng axit béo, kháng bệnh ký sinh trùng và vi khuẩn (Boudry *et al.*, 2021). Quần thể cá hồi bố mẹ (dòng chọn giống 'Mowi') được nuôi từ giữa những năm 1980 ở Canada đã được so sánh với bốn quần thể cá tự nhiên Na Uy bằng cách phương pháp xác định kiểu gen sử dụng bộ chỉ thị 6.500 SNP, kết quả xác định được 44 chỉ thị phân tử liên kết với các gen chức năng có thể liên quan đến việc chọn lọc nâng cao sinh trưởng, kháng bệnh và đáp ứng môi trường bất lợi, tính trạng thành thực sớm không mong muốn, đây đều là những tính trạng kinh tế quan trọng (Gutierrez *et al.*, 2016). Các chương trình chọn giống hệ gen thương mại được thực hiện hàng năm sử dụng bộ chỉ thị phân tử SNP có số lượng lên đến 200.000. Trong các chương trình chọn giống gần đây trên cá hồi, số lượng chỉ thị SNP sử dụng đã được giảm xuống để tăng hiệu quả kinh tế, thông thường các mảng SNP với mật độ 50.000 – 70.000 được sử dụng hoặc thậm chí vài trăm chỉ thị SNP (Tsairidou *et al.*, 2020).

Chọn giống hệ gen cá hồi vân cũng được thực hiện bởi nhiều công ty chăn nuôi ở châu Âu và Mỹ cho các tính trạng quan trọng, đặc biệt là kháng bệnh. Nghiên cứu tính trạng kháng bệnh vi khuẩn nước lạnh (Bacterial cold-water diseases – BCWD) được xác định có cấu trúc di truyền phức tạp khó khăn khi đánh giá bằng QTL và biến dị di truyền. Vallejo và đồng tác giả (2017) đã sử dụng phương pháp chọn giống hệ gen dựa trên việc sử dụng dữ liệu kiểu gen SNP mật độ cao (bộ 57.000 SNP) và dữ liệu về kiểu hình để ước tính các giá trị giống (GEBV) cho tính trạng kháng bệnh BCWD trên 10 gia đình cá hồi vân thuộc thế hệ chọn giống đầu tiên của Trung tâm Nuôi trồng Thủy sản Nước lạnh Quốc gia Mỹ. Nghiên cứu bệnh truyền nhiễm hoại tử tuyến tụy IPNV và bệnh columnaris dựa trên phân tích tương quan di truyền bộ chỉ thị 57.000 SNP cũng phát hiện được các chỉ thị SNP liên kết với các gen kháng bệnh, là căn cứ cho chương trình chọn giống cá hồi vân.

Trên cá nheo Mỹ (*Ictalurus perflatus*), số lượng lớn SNP được xác định với phương pháp giải trình tự thế hệ mới NGS đã được sử dụng để phân tích các hiệu ứng thuần hóa và chọn giống hệ gen ở Bắc Mỹ, kết quả đã công bố bộ dữ liệu hệ gen tham chiếu cho cá nheo, xác định các gen chức năng liên kết với tính trạng kinh tế sử dụng trong chọn giống, trong đó đã

được sử dụng số lượng lớn SNP (250.000) để lập bản đồ liên kết chỉ thị phân tử và một bộ công cụ SNP mật độ cao (690.000 chỉ thị) đã được phát triển cho việc phân tích di truyền trên cá nheo Mỹ (Zeng *et al.*, 2017).

Chương trình chọn giống vẹm xanh (*Mytilus galloprovincialis*) ở Úc đã sử dụng phương pháp chọn giống hệ gen để hỗ trợ việc tái tạo phả hệ từ các gia đình trong thế hệ chọn giống G2; phát triển được bộ chỉ thị với 179 SNP sử dụng để ước tính giá trị chọn giống và hệ số di truyền của khối lượng, hình dạng và năng suất thịt. Kết quả cho thấy giá trị chọn lọc tăng 10%, nghiên cứu cũng khẳng định chất liệu di truyền có thể được cải thiện hơn nữa thông qua chương trình chọn giống gia đình (Nguyen *et al.*, 2014).

2.6. Ứng dụng của SNP trong truy xuất nguồn gốc

Với tiềm năng trong việc xác định loài, quần thể và nguồn gốc phả hệ; chỉ thị SNP đã được lựa chọn là công cụ truy xuất nguồn gốc địa lý trong một dự án quốc tế - FishPopTrace, được tài trợ bởi chương trình khung của Liên minh châu Âu (FP7), cho bốn loài cá quan trọng, bao gồm cá tuyết (*Gadus morhua*), cá *Merluccius merluccius*, cá trích (*Clupea harengus*) và loài cá bơn (*Solea solea*) (Martinsohn *et al.*, 2009).

Chỉ thị SNP là công cụ hữu hiệu để theo dõi nguồn gốc các sản phẩm thủy hải sản bày bán trên thị trường như cá phi lê cho đến xác định loài của các sản phẩm thực phẩm từ cá ngừ và trứng cá tầm (Ogden *et al.*, 2013). Holman và đồng tác giả (2017) đã thiết kế một bảng gồm 94 SNP có khả năng xác định phả hệ gia đình có độ chính xác 100% cho loài cá hồi. Nghiên cứu theo dõi xuất xứ di truyền cũng cho độ chính xác lên tới 100% trong truy xuất nguồn gốc quốc gia loài tôm hùm đá (*Jasus edwardsii*), ở Úc và New Zealand, sử dụng 2 bộ chỉ thị SNP (tổng số 656 SNP) (Villacorta-Rath *et al.*, 2016).

Nghiên cứu phát triển bộ chỉ thị SNP phục vụ truy xuất nguồn gốc và phát sinh loài cá vược (*Micropterus floridanus*) đã sàng lọc từ 58.450 SNP trên toàn hệ gen và thiết kế được 58 chỉ thị có khả năng xác định phả hệ gia đình độ chính xác là 100% (Zhao *et al.*, 2018). Phả hệ gia đình trên hàu (*Crassostrea angulata*) cũng được xác định có độ chính xác tới 98% khi sử dụng bộ chỉ thị 400 SNP (Vu *et al.*, 2021); cho thấy chỉ thị SNP có thể được sử

dụng thay cho phương pháp gắn thẻ truyền thống trong theo dõi phả hệ gia đình phục vụ công tác chọn giống.

Phát triển các công cụ SNP phục vụ truy xuất nguồn gốc đang được tập trung nghiên cứu cho nhiều loài thủy sản ở nhiều quốc gia. Loài tôm hùm gai (*Panulirus homarus*) là loài thủy sản có tầm quan trọng về mặt sinh thái và kinh tế ở Việt Nam, Nhon và đồng tác giả (2021) đã phát hiện 12 chỉ thị SNP tiềm năng đặc trưng cho quần đàn tôm của Việt Nam, nghiên cứu tối ưu hóa PCR đã phát triển được 2 SNP phục vụ cho việc truy xuất nguồn gốc của loài này, nhóm tác giả cũng hướng tới giải trình tự toàn bộ gen để phát triển mảng SNP phục vụ truy xuất nguồn gốc chính xác hơn.

3. KẾT LUẬN

SNP hiện nay đã được công nhận là chỉ thị phân tử phổ biến nhất và là công cụ mạnh mẽ cho các nghiên cứu chuyên sâu về cơ sở di truyền của các tính trạng đa gen phức tạp, tạo điều kiện thuận lợi cho cả các nghiên cứu chọn giống và phân tích hệ gen quần thể. SNP có thể được sử dụng để xây dựng bản đồ liên kết di truyền chất lượng cao, tìm ra QTL cho các tính trạng hữu ích trong nuôi trồng thủy sản, xây dựng phả hệ cho thế hệ con cháu trong các chương trình chọn giống cũng như dự đoán giá trị chọn giống thông qua phân tích hệ gen. Chỉ thị SNP cũng có thể sử dụng xác định các gen, trình tự và nucleotide (thay thế) ảnh hưởng trực tiếp đến các thay đổi ở kiểu hình, do đó mở ra khả năng chọn lựa các tính trạng mong muốn trong chọn giống. Trong trường hợp các tính trạng đa gen phức tạp thì việc chọn giống hệ gen mang lại hiệu quả hơn phương pháp chọn giống truyền thống.

LỜI CẢM ƠN

Công trình này được thực hiện với sự tài trợ kinh phí của Quỹ Khoa học và Công nghệ Quốc gia (NAFOSTED) thông qua nhiệm vụ “Phát triển chỉ thị phân tử SNPs liên kết với tính trạng sinh trưởng trên cá chép *Cyprinus caprio* phục vụ chọn giống”, mã số 07/TN/2020.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Blay, C., Haffray, P., Bugeon, J., D’ambrosio, J., Dechamp, N., Collewet, G., Enez, F., Petit, V., Cousin, X., Corraze, G. and Phocas, F., 2021. Genetic parameters and genome-wide association studies of quality traits characterised using imaging

technologies in Rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss*. *Frontiers in Genetics*, 12, p.219.

2. Boudry, P., Allal, F., Aslam, M. L., Bargelloni, L., Bean, T. P., Brard-Fudulea, S., Brieuc, M. S., Calboli, F. C., Gilbey, J., Haffray, P. and Lamy, J. B., 2021. Current status and potential of genomic selection to improve selective breeding in the main aquaculture species of International Council for the Exploration of the Sea (ICES) member countries. *Aquaculture Reports*, 20, p.100700.

3. Correa, K., Lhorente, J. P., Lopez, M. E., Bassini, L., Naswa, S., Deeb, N., Di Genova, A., Maass A., Davidson W. S., Yanez J. M., 2015. Genomewide association analysis reveals loci associated with resistance against *Piscirickettsia salmonis* in two Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) chromosomes. *BMC Genomics*, 16, p.854.

4. Danzmann, R. G., Kocmarek, A. L., Norman, J. D., Rexroad, C. E., Palti, Y., 2016. Transcriptome profiling in fast versus slow-growing rainbow trout across seasonal gradients. *BMC Genomics*, 17, p60.

5. FAO, 2020. State Of World Fisheries And Aquaculture 2020: Sustainability In Action. Food & Agriculture Org.

6. Gonzalez-Pena, D., Gao, G., Baranski, M., Moen, T., Cleveland, B. M., Kenney, P. B., Vallejo, R. L., Palti Y., Leeds, T. D., 2016. Genome-wide association study for identifying loci that affect fillet yield, carcass, and body weight traits in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Front Genet*, 7, p203.

7. Griot, R., Allal, F., Phocas, F., Brard-Fudulea, S., Morvezen, R., Bestin, A., Haffray, P., François, Y., Morin, T., Poncet, C. and Vergnet, A., 2021. Genome-wide association studies for resistance to viral nervous necrosis in three populations of European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) using a novel 57k SNP array DlabChip. *Aquaculture*, 530, p.735930.

8. Holman, L. E., 2017. The development of molecular tools and resources for selective breeding in aquaculture (Doctoral dissertation, University of St Andrews).

9. Houston, R. D., Taggart, J. B., Cézard, T., Bekaert, M., Lowe, N. R., Downing, A., 2014. Development and validation of a high density SNP genotyping array for Atlantic salmon (*Salmo salar*). *BMC Genomics*, 15, p.90.

10. Jin, Y., Zhou, T., Geng, X., Liu, S., Chen, A., Yao, J., Jiang, C., Tan, S., Su, B. and Liu, Z., 2017. A

genome-wide association study of heat stress-associated SNPs in catfish. *Animal genetics*, 48(2), pp.233-236.

11. Klinbunga, S., Sittikankaew, K., Jantee, N., Prakopphet, S., Janpoom, S., Hiransuchalert, R., Menasveta, P., Khamnamtong, B., 2015. Expression levels of vitellogenin receptor (Vtgr) during ovarian development and association between its single nucleotide polymorphisms (SNPs) and reproduction-related parameters of the giant tiger shrimp *Penaeus monodon*. *Aquaculture*, 435, p.18.

12. Li, S., Liu, H., Bai, J. and Zhu, X., 2017. Transcriptome assembly and identification of genes and SNPs associated with growth traits in largemouth bass (*Micropterus salmoides*). *Genetica*, 145(2), p.175.

13. Liao, Z., Wan, Q., Shang, X. and Su, J., 2017. Large-scale SNP screenings identify markers linked with GCRV resistant traits through transcriptomes of individuals and cell lines in *Ctenopharyngodon idella*. *Scientific reports*, 7(1), p.1.

14. Martinsohn, J. T., Ogden, R. and FishPopTrace Consortium, 2009. FishPopTrace-Developing SNP-based population genetic assignment methods to investigate illegal fishing. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 2(1), p.294.

15. McKinney, G. J., Seeb, L. W., Larson, W. A., Gomez-Uchida, D., Limborg, M. T., Brieuc, M. S. O., Everett, M. V., Naish, K. A., Waples, R. K. and Seeb, J. E., 2016. An integrated linkage map reveals candidate genes underlying adaptive variation in Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*). *Molecular ecology resources*, 16(3), p.769.

16. Nguyen, T. T., Hayes, B. J. and Ingram, B. A., 2014. Genetic parameters and response to selection in blue mussel (*Mytilus galloprovincialis*) using a SNP-based pedigree. *Aquaculture*, 420, p.295.

17. Robledo, D., Palaiokostas, C., Bargelloni, L., Martínez, P. and Houston, R., 2018. Applications of genotyping by sequencing in aquaculture breeding and genetics. *Reviews in Aquaculture*, 10(3), p.670.

18. Schaeffer, L. R., Ang, K. P., Elliott, J. A., Herlin, M., Powell, F. and Boulding, E. G., 2018. Genetic evaluation of Atlantic salmon for growth traits incorporating SNP markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 135(5), p.349.

19. Shen, Y., Fu, G. H., Liu, F. and Yue, G. H., 2015. Characterization of the duodenase-1 gene and its associations with resistance to *Streptococcus agalactiae* in hybrid tilapia (*Oreochromis* spp.). *Fish & shellfish immunology*, 45(2), p.717.
20. Sodeland, M., Gaarder, M., Moen, T., Thomassen, M., Kjøglum, S., Kent, M. and Lien, S., 2013. Genome-wide association testing reveals quantitative trait loci for fillet texture and fat content in Atlantic salmon. *Aquaculture*, 408, p.169.
21. Tsairidou, S., Hamilton, A., Robledo, D., Bron, J. E. and Houston, R. D., 2020. Optimizing low-cost genotyping and imputation strategies for genomic selection in Atlantic salmon. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 10(2), pp.581-590.
22. Vallejo, R. L., Leeds, T. D., Gao, G., Parsons, J. E., Martin, K. E., Evenhuis, J. P., Fragomeni, B. O., Wiens, G. D. and Palti, Y., 2017. Genomic selection models double the accuracy of predicted breeding values for bacterial cold water disease resistance compared to a traditional pedigree-based model in rainbow trout aquaculture. *Genetics Selection Evolution*, 49(1), p.13.
23. Vu, S. V., Premachandra, H. K. A., O'Connor, W., Nguyen, N. T., Dove, M., Van Vu, I., Le, T. S., Vendrami, D. L. and Knibb, W., 2021. Development of SNP parentage assignment in the Portuguese oyster *Crassostrea angulata*. *Aquaculture Reports*, 19, p.100615.
24. Wu, C., G. Wu, G. Zhang, Q. Wang, J. Luo. and G. Chen., 2016. Single nucleotide polymorphisms in the leptin-a gene and associations with growth traits in the golden pompano, *Trachinotus blochii*. *Journal of the World Aquaculture Society*, 47, p.414.
25. Xu, P., Zhang, X., Wang, X., Li, J., Liu, G., Kuang, Y., Xu, J., Zheng, X., Ren, L., Wang, G. and Zhang, Y., 2014. Genome sequence and genetic diversity of the common carp, *Cyprinus carpio*. *Nature genetics*, 46(11), p.1212.
26. Yin, Q., Peng, J. X., Cui, L., Xie, D. X., Wang, Z. W., Li, K. and Chen, X. H., 2011. Molecular cloning of *Litopenaeus vannamei* TCP-1-eta gene and analysis on its relationship with cold tolerance. *Yi Chuan= Hereditas*, 33(2), p.168.
27. Zhao, H., Li, C., Hargrove, J. S., Bowen, B. R., Thongda, W., Zhang, D., Mohammed, H., Beck, B. H., Austin, J. D. and Peatman, E., 2018. SNP marker panels for parentage assignment and traceability in the Florida bass (*Micropterus floridanus*). *Aquaculture*, 485, p.30.
28. Zhou, T., Liu, S., Geng, X., Jin, Y., Jiang, C., Bao, L., Yao, J., Zhang, Y., Zhang, J., Sun, L. and Wang, X., 2017. GWAS analysis of QTL for enteric septicemia of catfish and their involved genes suggest evolutionary conservation of a molecular mechanism of disease resistance. *Molecular genetics and genomics*, 292(1), p.231.

APPLICATIONS OF SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM MARKERS IN AQUACULTURE GENETICS

Luu Thi Ha Giang¹, Nguyen Quoc Vuong¹,
Kim Thi Phuong Oanh², Vu Van In¹

¹Research Institute for Aquaculture number 1

²Institute of Genome Research

Summary

Genomics and genetic analysis are useful technologies for improving productivity and quality of aquaculture products. Single nucleotide polymorphisms (SNPs) have been emerged as a genotyping technology which is widely and effectively applied for aquaculture. SNPs can be used for construction of genetic linkage maps, quantitative trait loci (QTL), estimating breeding value in genomic selection and marker assisted selection. The next generation sequencing technology helps to develop SNPs linked or unlinked traits which are effectively for aquaculture selection program. The success of SNP applications in aquaculture genetics and selection are reviewed in the article.

Keywords: *Aquaculture genetics, genomic selection, gene mapping, molecular markers, SNP.*

Người phản biện: PGS.TS. Nguyễn Hữu Ninh

Ngày nhận bài: 10/6/2021

Ngày thông qua phản biện: 12/7/2021

Ngày duyệt đăng: 19/7/2021