

PHÂN TÍCH HỆ GEN TY THỂ VÀ MỐI QUAN HỆ PHÁT SINH CHỦNG LOẠI CỦA GÀ TRỤI LÔNG CỔ

Giang Thị Thanh Nhân¹, Phạm Thị Phương Mai¹, Nguyễn Văn Ba¹,
Trần Thị Thu Thủy¹, Nguyễn Thị Quỳnh Châu¹, Trần Thị Hậu¹,
Nguyễn Khánh Vân¹, Phạm Doãn Lân^{1,*}

¹ Phòng Thí nghiệm trọng điểm Công nghệ tế bào động vật, Viện Chăn nuôi

* Email: pdlanvn@yahoo.com

TÓM TẮT

Trong nghiên cứu này, trình tự nucleotide hoàn chỉnh hệ gen ty thể của gà trụi lông cổ, một nguồn gen gà bản địa của Việt Nam thuộc huyện Quế Phong, tỉnh Nghệ An được xác định bằng phương pháp giải trình tự Sanger, phân tích cấu trúc và sử dụng để xác định mối quan hệ phát sinh chủng loại với các giống gà khác. Hệ gen ty thể của gà trụi lông cổ có kích thước là 16.785 cặp bazơ, bao gồm: 22 gen ARN vận chuyển (*tRNA*), 02 gen ARN ribosome (*rRNA*), 13 gen mã hóa protein và một vùng điều khiển không mã hóa (D-loop). Tỷ lệ các loại nucleotide thành phần A, T, G và C lần lượt tương ứng là 30,28%, 23,75%, 13,48% và 32,48%. Trình tự nucleotide toàn bộ hệ gen ty thể gà trụi lông cổ được đăng ký trên ngân hàng gen với mã số truy cập PQ412228. Kết quả phân tích quan hệ phát sinh chủng loại dựa trên trình tự hệ gen ty thể cho thấy, gà trụi lông cổ có nguồn gốc từ gà rừng lông đỏ phân loài *Gallus gallus spadiceus*. Gà trụi lông cổ có quan hệ gần gũi với gà Móng, gà Đông Tảo và gà lùn Cao Sơn của Việt Nam, gà vàng Rugao và gà Xiaoxang của Trung Quốc.

Từ khóa: Gà bản địa Việt Nam, hệ gen ty thể, phát sinh chủng loại.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Năm 2017, gà trụi lông cổ, một nguồn gen vật nuôi bản địa của người đồng bào dân tộc ở bản Na Sái, xã Hạnh Dịch, huyện Quế Phong, tỉnh Nghệ An đã được phát hiện và từ năm 2018 được đưa vào chương trình “Bảo tồn nguồn gen vật nuôi quốc gia” [1]. Gà trụi lông cổ được cho là dễ nuôi, thích nghi với địa hình và điều kiện khí hậu tự nhiên vùng miền núi. Về đặc điểm hình thái, gà trụi lông cổ 01 ngày tuổi có màu lông vàng nhạt hoặc nâu vàng, có đốm đen ở đầu, đuôi và đầu cánh; cổ dài và không có lông; da, mỏ và chân có màu vàng [1]. Ở 20 tuần tuổi, gà có màu sắc lông đa dạng, mắt tròn, mỏ đen vàng. Đặc biệt mặt trên của cổ, kéo dài từ tai xuống thân hoàn toàn không có lông. Da mặt và da cổ của gà trống có màu đỏ tươi trong khi đó của gà mái có màu hồng nhạt. Với đặc điểm trụi lông cổ này, gà có khả năng chịu nóng tốt. Gà trống có thân hình lớn hơn gà mái, gà trống đạt khối lượng 1.382,97 g, còn con mái đạt khối lượng

1.116,83 g ở 20 tuần tuổi [1]. Tuổi đẻ quả trứng đầu tiên là 182 ngày tuổi và đạt đỉnh vào 257,5 ngày tuổi. Năng suất trứng trong 52 tuần đẻ trứng đạt trung bình 24,35 quả/mái [1].

Nguồn gen gà trụi lông cổ được đánh giá là một nguồn gen quý, đặc biệt là khả năng chịu nóng tốt. Một khả năng cần thiết ở gia cầm để chống chịu với vấn đề stress nhiệt hay còn gọi là căng thẳng nhiệt trong bối cảnh nhiệt độ trái đất ngày càng nóng lên do ảnh hưởng của biến đổi khí hậu. Hiện nay, các nghiên cứu về gà trụi lông cổ tại Việt Nam là rất ít và chủ yếu tập trung nghiên cứu mô tả đặc điểm ngoại hình, đánh giá khả năng sản xuất của gà trụi lông cổ [1]. Những nghiên cứu tư liệu hóa thông tin di truyền nhằm lưu giữ các đặc điểm di truyền, hỗ trợ cho công tác quản lý, bảo tồn và khai thác nguồn gen gà trụi lông cổ chưa được thực hiện. ADN ty thể (mitochondrial DNA) được sử dụng rộng rãi trong các nghiên cứu di truyền bảo tồn để đánh giá sự tiến hóa, đa dạng

di truyền của quần thể và mối quan hệ giữa các cá thể và các loài. Một phần trình tự ADN của vùng D-loop ty thể đã được sử dụng trong một số nghiên cứu đa dạng di truyền và mối quan hệ di truyền của gà bản địa Việt Nam [2 - 4]. Tuy nhiên, trình tự toàn bộ hệ gen ty thể được cho là cung cấp đầy đủ và chính xác thông tin hơn so với vùng D-loop trong phân tích phát sinh chủng loại [5]. Do đó, gần đây trình tự toàn bộ hệ gen ty thể đã được sử dụng để tái hiện lại mối quan hệ phát sinh loài của một số động vật như: Lợn, bò, ngựa và gà [5 - 8]. Trong những năm gần đây, hệ gen ty thể của một số giống gà bản địa Việt Nam: Đông Tảo, Tò, Lạc Sơn, lùn Cao Sơn và Móng [9 - 13] cũng đã được nghiên cứu, tư liệu hóa và sử dụng để đánh giá mối quan hệ di truyền.

Nghiên cứu này tiếp tục xác định trình tự nucleotide toàn bộ hệ gen ty thể của gà trĩ lông cổ, tìm hiểu nguồn gốc và mối quan hệ di truyền giữa gà trĩ lông cổ với các giống gà khác. Đồng thời đăng ký thông tin di truyền của gà trĩ lông cổ

trên ngân hàng gen nhằm phục vụ cho các nghiên cứu bảo tồn.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Thu mẫu và tách chiết ADN tổng số

Gà trĩ lông cổ ở xã Hạnh Dịch, huyện Quế Phong, tỉnh Nghệ An được lựa chọn để lấy mẫu máu. Ba cá thể gà trĩ lông cổ được lựa chọn ngẫu nhiên để lấy mẫu máu và giải trình tự. Một mililit máu được lấy từ tĩnh mạch cánh, chống đông bằng EDTA 0,5 M và bảo quản ở 4°C. Sau đó, ADN tổng số được tách chiết từ máu bằng kit GeneJET Genomic ADN Purification Kit (Thermo Scientific™, Thermo Fisher Scientific, Waltham, Mỹ) và được bảo quản ở -20°C. Nồng độ ADN tổng số được xác định bằng thiết bị định lượng ADN Qubit 3.0 (Invitrogen™, Thermo Fisher Scientific, Waltham, Mỹ) và tính toán vận ADN được kiểm tra bằng phương pháp điện di trên gel agarose 1,5%.



(a)



(b)

Hình 1: Gà trĩ lông cổ (a) gà mái; (b) gà trống

2.2. Nhân đặc hiệu và giải trình tự các phân đoạn hệ gen ty thể

Sử dụng bộ mồi gồm 23 cặp mồi được thiết kế bởi Bao và cs (2008) [14], trình tự nucleotide hệ gen ty thể của gà trĩ lông cổ được khuếch đại bằng phản ứng chuỗi trùng hợp (polymerase chain reaction - PCR). Một phản ứng PCR có thể tích 25

μl chứa 12,5 μl đệm DreamTaq PCR Master Mix 2X (Thermo Scientific™, Thermo Fisher Scientific, Mỹ), 0,5 μl mỗi mồi (10 pM), 100 ng ADN tổng số và nước không chứa các enzyme nuclease. Chu trình nhiệt phản ứng PCR bắt đầu ở 94°C trong 3 phút; tiếp theo là 35 chu kỳ biến tính ở 94°C trong 30 giây, gắn mồi ở nhiệt độ (Ta°C) trong 30 giây

(Ta°C phụ thuộc vào từng cặp môi), kéo dài ở 72°C trong 1 phút; kéo dài cuối cùng ở 72°C trong 7 phút. Các sản phẩm PCR được kiểm tra kích thước bằng điện di trên gel agarose 1,5% trong 35 phút ở 100V. Các sản phẩm PCR được tinh sạch bằng kit PureLink™PCR Purification Kit (Invitrogen™, Thermo Fisher Scientific, Waltham, Mỹ) và giải trình tự hai chiều trên máy giải trình tự ABI 3130 (Applied Biosystems, Foster, CA, Mỹ) sử dụng cùng 23 cặp môi của phản ứng PCR.

2.3. Ghép nối trình tự các phân đoạn thành hệ gen ty thể hoàn chỉnh

Dữ liệu thô thu được sau giải trình tự sẽ được đánh giá bằng phần mềm BioEdit. Các phân đoạn trình tự nucleotide hệ gen ty thể được lắp ráp, ghép nối bằng phần mềm Unipro UGENE phiên bản 40.1 để thu được trình tự nucleotide hoàn chỉnh hệ gen ty thể ở định dạng file FASTA.

2.4. Chú giải cấu trúc hệ gen ty thể

Trình tự nucleotide hoàn chỉnh hệ gen ty thể được chú thích bằng công cụ trực tuyến MITOS (<http://mitos.bioinf.uni-leipzig.de/index.py>). Phân trăm các nucleotide A, C, G, T và hàm lượng A+T, G+C của hệ gen ty thể được tính toán bằng phần mềm DAMBE phiên bản 7.3.5.

2.5. Phân tích mối quan hệ phát sinh chủng loài

Trình tự nucleotide hoàn chỉnh hệ gen ty thể của gà trĩ lông cổ được đóng hàng đa trình tự với các trình tự nucleotide hoàn chỉnh hệ gen ty thể của các giống gà rừng và gà nhà được truy xuất từ ngân hàng gen NCBI với các mã số truy cập như ở hình 2 bằng thuật toán MUSCLE trong phần mềm MEGA phiên bản X. Cây phát sinh chủng loại được xây dựng bằng phần mềm MEGA phiên bản X theo phương pháp maximum likelihood với 1.000 lần lặp lại.

3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đặc điểm hệ gen ty thể của gà trĩ lông cổ

Hệ gen ty thể của ba mẫu gà trĩ lông cổ nghiên cứu có trình tự nucleotide giống nhau, do đó chúng có cùng kích thước là 16.785 cặp bazơ (base pair), bao gồm: 5.452 nucleotide C chiếm 32,48%, 5.083 nucleotide A chiếm 30,28%, 3.987 nucleotide T chiếm 23,75% và 2.263 nucleotide G

chiếm 13,48%. Các tỷ lệ nucleotide này tương đồng với một số giống gà bản địa Trung Quốc như gà Longsheng Feng, gà Luhua, gà Piao, gà đen Huang-shan [15 - 18] và một số gà bản địa Việt Nam như gà Tò, gà Lạc Sơn, gà lùn Cao Sơn, và gà Móng [10 - 13] đã được báo cáo. Thành phần hệ gen ty thể gà trĩ lông cổ thể hiện độ lệch thành phần theo hướng giàu A+T, A+T chiếm 54,04% các bazơ, trong khi đó G+C chiếm 45,96%, đây là một đặc điểm điển hình của hệ gen ty thể động vật có xương sống. Trình tự nucleotide hệ gen ty thể của gà trĩ lông cổ được đăng ký trên ngân hàng gen NCBI với mã số truy cập là PQ412228.

Hệ gen ty thể gà trĩ lông cổ bao gồm 1 vùng không mã hóa (D-loop), 2 gen mã hóa ARN ribosom (*rRNA*), 13 gen mã hóa protein, 22 gen mã hóa ARN vận chuyển (*tRNA*) (Bảng 1). Vùng không mã hóa D-loop nằm trên chuỗi nặng, giữa gen *tRNA - Phe* và gen *tRNA-Glu*, có độ dài là 1.232 bp. Hai gen *rRNA 12S* và *16S* cũng nằm trên chuỗi nặng và có tổng chiều dài là 2.597 bp. Gen *rRNA 12S* (975 bp) nằm giữa hai gen *tRNA-Phe* và *tRNA-Val*, gen *rRNA 16S* (1622 bp) nằm giữa hai gen *tRNA-Val* và *tRNA-Leu*². Các gen *tRNA* có chiều dài từ 65 - 76 bp. Tám trong 22 gen *tRNA* ở trên chuỗi nhẹ. Tổng chiều dài của 13 gen mã hóa protein là 11.394 bp, chiếm 67,88% chiều dài toàn bộ hệ gen. Các gen mã hóa protein có chiều dài dao động từ 165 bp (*ATP8*) đến 1.818 bp (*ND5*) và chủ yếu nằm trên sợi nặng, ngoại trừ gen *ND6* trên chuỗi nhẹ. Hầu hết các gen mã hóa protein có codon khởi đầu là ATG và codon kết thúc là TAA. Ngoại trừ các gen sau: gen *COI*, codon khởi đầu là GTG; gen *COIII* và *ND4* kết thúc bằng codon không hoàn toàn (T-), codon kết thúc TAA sẽ hình thành sau khi trải qua quá trình polyadenyl hóa trong quá trình phiên mã [19]; gen *ND2* kết thúc bằng codon TAG và gen *COI* kết thúc bằng codon AGG. Trong hệ gen ty thể gà trĩ lông cổ, 17 đoạn trình tự không mã hóa được tìm thấy giữa các gen và có chiều dài dao động từ 1 - 9 bp. Ngoài ra, các gen ty thể trùng nhau tổng cộng 31 bp ở 7 đoạn trình tự có kích thước từ 1 - 10 bp, sự trùng nhau dài nhất (10 bp) giữa gen *ATP8* và *ATP6*. Chú giải chi tiết cấu trúc hệ gen ty thể gà trĩ lông cổ được thể hiện trong bảng 1.

Bảng 1. Cấu trúc hệ gen ty thể gà Trại lông cổ

Tên gen	Chuỗi	Vị trí		Kích thước (bp)	Số nucleotide giữa 2 gen	Bộ ba khởi đầu	Bộ ba kết thúc	Bộ ba đối mã
		Khởi đầu	Kết thúc					
D-loop	H	1	1.232	1.232	0			
<i>tRNA^{Phe}</i>	H	1.233	1.302	70	0			GAA
<i>12S rRNA</i>	H	1.303	2.277	975	0			
<i>tRNA^{Val}</i>	H	2.278	2.350	73	0			TAC
<i>16S rRNA</i>	H	2.351	3.972	1.622	0			
<i>tRNA^{Leu}²</i>	H	3.973	4.046	74	+ 9			TAA
<i>ND1</i>	H	4.056	5.030	975	0	ATG	TAA	
<i>tRNA^{Ile}</i>	H	5.031	5.102	72	+ 5			GAT
<i>tRNA^{Gln}</i>	L	5.108	5.178	71	-1			TTG
<i>tRNA^{Met}</i>	H	5.178	5.246	69	0			CAT
<i>ND2</i>	H	5.247	6.287	1.041	-2	ATG	TAG	
<i>tRNA^{Trp}</i>	H	6.286	6.361	76	+ 6			TCA
<i>tRNA^{Ala}</i>	L	6.368	6.436	69	+ 3			TGC
<i>tRNA^{Asn}</i>	L	6.440	6.512	73	+ 1			GTT
<i>tRNA^{Cys}</i>	L	6.514	6.579	66	-1			GCA
<i>tRNA^{Tyr}</i>	L	6.579	6.649	71	+ 1			GTA
<i>COI</i>	H	6.651	8.201	1.551	-9	GTG	AGG	
<i>tRNA^{Ser}²</i>	L	8.193	8.267	75	+ 2			TGA
<i>tRNA^{Asp}</i>	H	8.270	8.338	69	+ 1			GTC
<i>COII</i>	H	8.340	9.023	684	+ 1	ATG	TAA	
<i>tRNA^{Lys}</i>	H	9.025	9.092	68	+ 1			TTT
<i>ATP8</i>	H	9.094	9.258	165	-10	ATG	TAA	

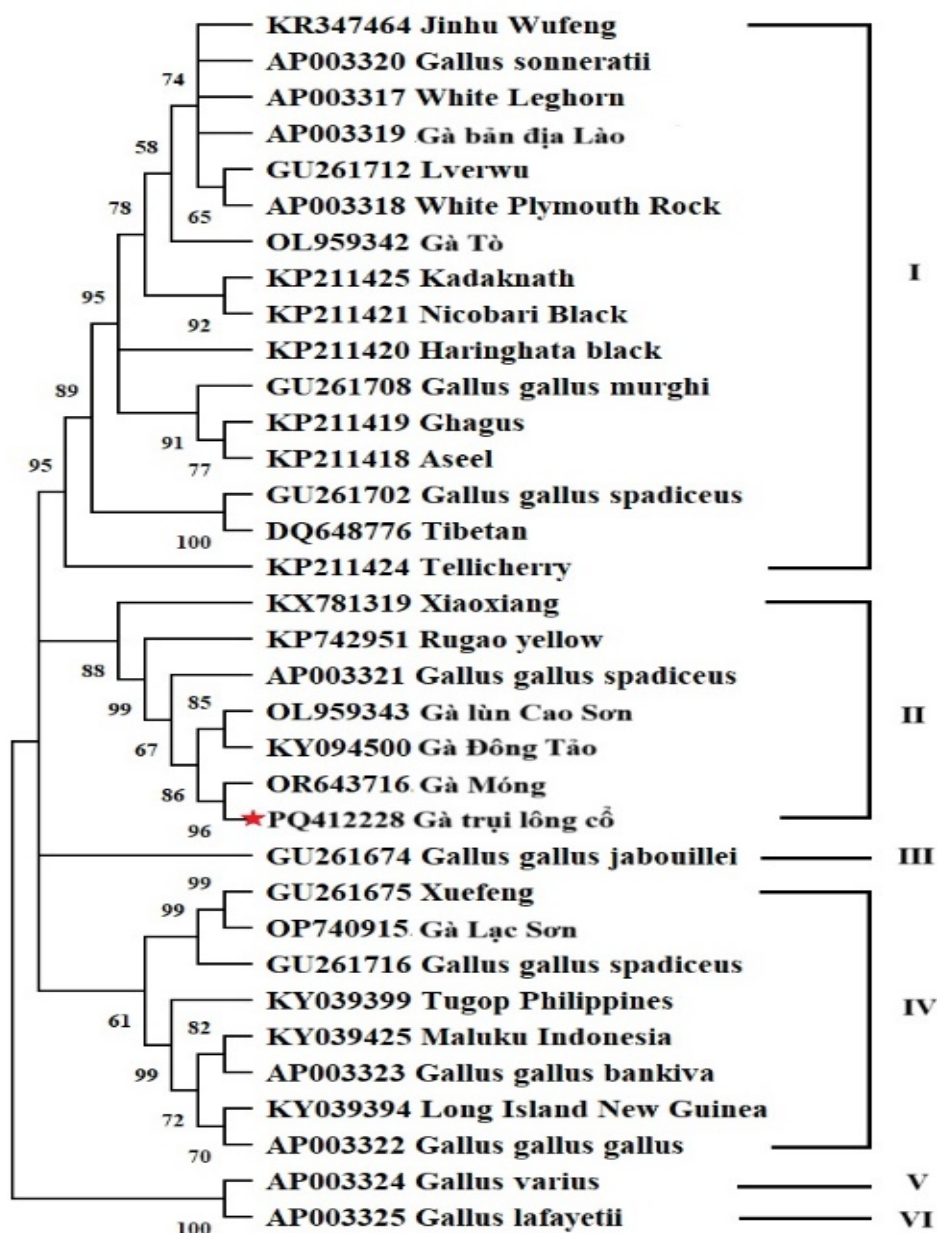
Tên gen	Chuỗi	Vị trí		Kích thước (bp)	Số nucleotide giữa 2 gen	Bộ ba khởi đầu	Bộ ba kết thúc	Bộ ba đối mã
		Khởi đầu	Kết thúc					
<i>ATP6</i>	H	9.249	9.932	684	-1	ATG	TAA	
<i>COIII</i>	H	9.932	10.715	784	0	ATG	T-	
<i>tRNA^{Gly}</i>	H	10.716	10.784	69	0			TCC
<i>ND3</i>	H	10.785	11.136	352	+ 1	ATG	TAA	
<i>tRNA^{Arg}</i>	H	11.138	11.205	68	0			TCG
<i>ND4L</i>	H	11.206	11.502	297	-7	ATG	TAA	
<i>ND4</i>	H	11.496	12.873	1.378	0	ATG	T-	
<i>tRNA^{His}</i>	H	12.874	12.942	69	+ 1			GTG
<i>tRNA^{Ser¹}</i>	H	12.944	13.008	65	+ 1			GCT
<i>tRNA^{Leu¹}</i>	H	13.010	13.080	71	0			TAG
<i>ND5</i>	H	13.081	14.898	1.818	+ 4	ATG	TAA	
<i>Cytb</i>	H	14.903	1.6045	1.143	+ 3	ATG	TAA	
<i>tRNA^{Thr}</i>	H	16.049	16.117	69	0			TGT
<i>tRNA^{Pro}</i>	L	16.118	16.187	70	+ 6			TGG
<i>ND6</i>	L	16.194	16.715	522	2	ATG	TAA	
<i>tRNA^{Glu}</i>	L	16.718	16.785	68				TTC

Ghi chú: (+): Số nucleotide giữa 2 gen; (-): Số nucleotide trùng lặp giữa 2 gen; 0: Hai gen liền kề nhau; H: Chuỗi nặng (Heavy strand); L: Chuỗi nhẹ (Light strand).

3.2. Mối quan phát sinh chủng loài

Mối quan hệ phát sinh chủng loài giữa gà trĩ lông cổ với các loài gà rừng và một số giống gà nhà phân bố ở Việt Nam, Trung Quốc, Ấn Độ, Lào, Philippines, Indonesia, New Guinea và châu Âu được tìm hiểu dựa trên các trình tự nucleotide hoàn chỉnh hệ gen ty thể và được thể hiện ở cây phát sinh chủng loài (Hình 2). Cây phát sinh

chủng loài cho thấy, các trình tự hệ gen ty thể các giống gà được phân thành 6 nhánh chính. Trong đó gà trĩ lông cổ được phân nhánh cùng với ba giống gà bản địa của Việt Nam là gà Móng, gà Đông Tảo và gà lùn Cao Sơn, hai giống gà bản địa của Trung Quốc là gà Xiaoxiang và gà vàng Rugao và cùng với gà rừng lông đỏ phân loài *Gallus gallus spadiceus* (nhánh II).



Hình 2. Cây phát sinh chủng loại dựa vào trình tự nucleotide hoàn chỉnh hệ gen ty thể của gà trụi lông cổ, các loài gà rừng và các giống gà nhà

Ghi chú: Các giá trị bootstrap ước tính ($\geq 50\%$) với 1.000 lần lặp lại được thể hiện ở đầu các nhánh.

Kết quả này thể hiện gà trụi lông cổ có mối quan hệ gần gũi với gà rừng lông đỏ phân loài *G.g.spadiceus*, điều này cho thấy, gà trụi lông cổ có nguồn gốc từ phân loài gà rừng *G. g. spadiceus*. Kết quả này tiếp tục ủng hộ quan điểm nguồn gốc đa phân loài gà rừng lông đỏ (*Gallus gallus*) của gà nhà. Fumihito và cs (1996) [20] cho rằng, phân

loài *G.g.gallus* (ở Thái Lan) là tổ tiên hoang dã duy nhất của gà nhà ngày nay. Tuy nhiên, những nghiên cứu gần đây cho thấy, cả năm phân loài phụ của gà rừng lông đỏ (*G.g.gallus*, *G.g.murghi*, *G.g.spadiceus*, *G.g.bankiva* và *G.g.jabouillei*) đều là tổ tiên gà nhà ngày nay [5, 21, 22]. Nghiên cứu của Wang và cs (2020) [23] trên toàn bộ hệ gen

nhân của 863 con gà nhà, bốn giống gà rừng và năm phân loài gà rừng lông đỏ hoang đã chỉ ra phân loài *G.g.spadiceus* phân bố chủ yếu ở khu vực Tây Nam Trung Quốc, Bắc Thái Lan và Myanmar ngày nay, là phân loài tổ tiên chính của gà nhà châu Á hiện đại. Sau khi được thuần hóa, phân loài *G.g.spadiceus* đã phân tán khắp Đông Nam Á, Nam Á và lai tạo với các phân loài gà rừng lông đỏ và các loài gà rừng khác [23].

Cây phát sinh loài còn thể hiện mối quan hệ di truyền giữa gà trụi lông cổ và một số giống gà nhà khác. Với các giống gà nhà Việt Nam, gà trụi lông cổ có mối quan hệ gần gũi với giống gà Móng (phân bố ở Hà Nam) hơn so với gà Đông Tảo (phân bố ở tỉnh Hưng Yên) và lùn Cao Sơn (phân bố ở tỉnh Quảng Ninh), trong khi đó có khoảng cách di truyền xa với gà Lạc Sơn (phân bố ở tỉnh Quảng Bình) và với gà Tò (phân bố ở tỉnh Thái Bình). Với các giống gà ở các khu vực địa lý khác, gà trụi lông cổ có mối quan hệ gần gũi với hai giống gà bản địa Trung Quốc (gà vàng Rugao và Xiaoxiang) hơn so với các giống gà ở khu vực Đông Nam Á. Mối quan hệ gần gũi giữa gà bản địa Việt Nam và Trung Quốc có thể liên quan đến sự gần gũi về vị trí địa lý giữa Việt Nam và Trung Quốc cũng như của lịch sử di cư của người Trung Quốc đến Việt Nam trong các thế kỷ trước [3].

4. KẾT LUẬN

Trình tự nucleotide và cấu trúc hệ gen ty thể gà trụi lông cổ đã được xác định và đăng ký trên ngân hàng gen NCBI. Gà trụi lông cổ có nguồn gốc từ gà rừng lông đỏ phân loài *G.g.spadiceus*. Gà trụi lông cổ có mối quan hệ gần gũi nhất với gà Móng, tiếp đến gà Đông Tảo, gà lùn Cao Sơn và có khoảng cách xa với gà Tò và gà Lạc Sơn. Ngoài ra, gà trụi lông cổ có mối quan hệ gần gũi với gà vàng Rugao, gà Xiaoxiang của Trung Quốc hơn so với các giống gà bản địa của Ấn Độ và của một số nước Đông Nam Á.

LỜI CẢM ƠN

Các tác giả xin trân trọng cảm ơn Bộ Khoa học và Công nghệ đã tài trợ kinh phí; Trung tâm Ứng dụng tiến bộ Khoa học và Công nghệ - Sở Khoa học và Công nghệ tỉnh Nghệ An đã hỗ trợ trong

quá trình thu thập mẫu để thực hiện nghiên cứu này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Dương Phương Lan, Phạm Công Thiều, Phạm Hải Ninh, Nguyễn Công Định, Ngô Thị Lệ Quyên, Nguyễn Khắc Đức (2021). Đánh giá đặc điểm ngoại hình và khả năng sản xuất của gà trụi lông cổ tại huyện Quế Phong, tỉnh Nghệ An. *Tạp chí Khoa học Công nghệ Chăn nuôi*, (121): 31 - 40.
2. Berthouly-Salazar C., Rognon X., Nhu Van T., Gély M., Vu Chi C., Tixier-Boichard M., Bed'Hom B., Bruneau N., Verrier E., Maillard J. C. (2010). Vietnamese chickens: a gate towards Asian genetic diversity. *BMC Genetics*, 11(1): 1 - 11.
3. Cuc N. T. K., Simianer H., Groeneveld L. F., Weigend S. (2011). Multiple maternal lineages of Vietnamese local chickens inferred by mitochondrial DNA D-loop sequences. *Asian-Australasian journal of animal sciences*, 24(2): 155 - 161.
4. Do S. Q., Nguyen L. T. P., Nguyen T. H., Nguyen T. Q., Miglior F. (2019). Genomic characterization of three Vietnamese indigenous chicken varieties using mitochondrial D-loop sequences. *Canadian Journal of Animal Science*, 99(4): 833 - 839.
5. Miao Y., Peng M. S., Wu G. S., Ouyang Y., Yang Z., Yu N., Liang J., Pianchou G., Beja-Pereira A., Mitra B. (2013). Chicken domestication: an updated perspective based on mitochondrial genomes. *Heredity*, 110(3): 277 - 282.
6. Wu G. S., Yao Y. G., Qu K. X., Ding Z. L., Li H., Palanichamy M. G., Duan Z. Y., Li N., Chen Y. S., Zhang Y. P. (2007). Population phylogenomic analysis of mitochondrial DNA in wild boars and domestic pigs revealed multiple domestication events in East Asia. *Genome biology*, 8(11): 1 - 12.
7. Achilli A., Bonfiglio S., Olivieri A., Malusa A., Pala M., Kashani B. H., Perego U. A., Ajmone-Marsan P., Liotta L., Semino O. (2009). The multifaceted origin of taurine cattle reflected by

the mitochondrial genome. *PLoS One*, 4(6): e5753. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0005753>

8. Achilli A., Olivieri A., Soares P., Lancioni H., Kashani B. H., Perego U. A., Nergadze S. G., Carossa V., Santagostino M., Capomaccio S. (2012). Mitochondrial genomes from modern horses reveal the major haplogroups that underwent domestication. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(7): 2449 - 2454.

9. Ton N. D., Ha N. H., Nhung V. P., Hoa N. T. T., Huyen M. T., Thuong T. T. B. N., Duong N. T., Van Hai N. (2018). Complete mitochondrial genome of Dong Tao chicken breed (*Gallus gallus domesticus*) of Vietnam. *Journal of Biotechnology*, 16(4): 589 - 593.

10. Pham L. D., Giang T. T. N., Nguyen V. B., Pham T. P. M., Tran T. T. T., Nguyen T. Q. C., Van Nguyen K., Do D. N. (2023). The complete mitochondrial genome and phylogenetic analyses of to chicken in Vietnam. *Genes*, 14(5): 1088.

11. Giang Thị Thanh Nhân, Phạm Thị Phương Mai, Nguyễn Văn Ba, Nguyễn Thị Quỳnh Châu, Trần Thị Thu Thủy, Nguyễn Khánh Vân, Phạm Doãn Lâm (2023a). Trình tự hoàn chỉnh hệ gen ty thể và mối quan hệ phát sinh chủng loại của gà Lạc Sơn. *Tạp chí Khoa học Kỹ thuật Chăn nuôi*, (284): 2 - 7.

12. Giang Thị Thanh Nhân, Phạm Thị Phương Mai, Nguyễn Văn Ba, Trần Thị Thu Thủy, Nguyễn Thị Quỳnh Châu, Nguyễn Khánh Vân, Lưu Quang Minh, Phạm Doãn Lâm (2023b). Trình tự nucleotide hoàn chỉnh hệ gen ty thể và mối quan hệ phát sinh chủng loài của gà lùn Cao Sơn. *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển nông thôn*, (8): 148 - 155.

13. Giang Thị Thanh Nhân, Phạm Thị Phương Mai, Nguyễn Văn Ba, Trần Thị Thu Thủy, Nguyễn Thị Quỳnh Châu, Trần Thị Hậu, Nguyễn Khánh Vân, Phạm Doãn Lâm (2024). Phân tích hệ gen ty thể và mối quan hệ phát sinh chủng loại của gà

Móng. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Việt Nam*, 66(2): 44 - 48.

14. Bao H. G., Zhao C. J., Li J. Y., Wu C. X. (2008). Sequencing and alignment of mitochondrial genomes of Tibetan chicken and two lowland chicken breeds. *Science in China Series C: Life Sciences*, 51(1): 47 - 51.

15. Gu J., Li S. (2020a). Complete mitochondrial genome of the Longsheng Feng chicken (*Gallus gallus*). *Mitochondrial DNA Part B*, 5(3): 2911 - 2912.

16. Gu J., Li S. (2020b). The complete mitochondrial genome of the Luhua chicken (*Gallus gallus*). *Mitochondrial DNA Part B*, 5(3): 2832 - 2834.

17. Gu J., Li S. (2020c). Next-generation sequencing of the complete mitochondrial genome of the Piao chicken (*Gallus gallus*). *Mitochondrial DNA Part B*, 5(3): 2870 - 2871.

18. Jin S., Zang H., He P., Jiang T., Pan S., Geng Z. (2021). Complete mitochondrial genome and phylogenetic analysis of Huangshan Black chicken (*Gallus gallus*). *Mitochondrial DNA Part B*, 6(1): 243 - 244.

19. Clayton D. A. (1991). Replication and transcription of vertebrate mitochondrial DNA. *Annual review of cell biology*, 7(1): 453 - 478.

20. Fumihito A., Miyake T., Takada M., Shingu R., Endo T., Gojobori T., Kondo N., Ohno S. (1996). Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 93(13): 6792 - 6795.

21. Liu Y. P., Wu G. S., Yao Y. G., Miao Y. W., Luikart G., Baig M., Beja-Pereira A., Ding Z. L., Palanichamy M. G., Zhang Y. P. (2006). Multiple maternal origins of chickens: Out of the Asian jungles. *Molecular phylogenetics and evolution*, 38(1): 12 - 19.

22. Kanginakudru S., Metta M., Jakati R. D., Nagaraju J. (2008). Genetic evidence from Indian red jungle fowl corroborates multiple

domestication of modern day chicken. *BMC Evolutionary Biology*, 8(1): p.174.

23. Wang M. S., Thakur M., Peng M. S., Jiang Y., Frantz L. A. F., Li M., Zhang J. J., Wang S., Peters J., Otecko N. O. (2020). 863 genomes reveal the origin and domestication of chicken. *Cell research*, 30(8): 693 - 701.

ANALYSIS OF THE MITOCHONDRIAL GENOME AND PHYLOGENETIC RELATIONSHIPS OF NAKED NECK CHICKEN

Giang Thi Thanh Nhan¹, Pham Thi Phuong Mai¹, Nguyen Van Ba¹,
Tran Thi Thu Thuy¹, Nguyen Thi Quynh Chau¹, Tran Thi Hau¹,
Nguyen Khanh Van¹, Pham Doan Lan¹

¹Key Laboratory of Animal Cell Biotechnology, National Institute of Animal Science

Summary

In this study, the complete nucleotide sequence of the naked neck chicken mitochondrial genome, a Vietnamese indigenous chicken in Que Phong district, Nghe An province was determined by the Sanger sequencing method, analyzed structure and used to evaluate the phylogenetic relationship with different chicken breeds. The mitochondrial genome of naked neck chicken has a size of 16.785 bp, including 22 transfer RNA genes, 2 ribosomal RNA genes, 13 protein-coding genes and 1 non-coding control region (D-loop). The proportion of A, T, G and C nucleotides were 30.28%, 23.75%, 13.48% and 32.48%, respectively. The mitochondrial genome sequence of the naked neck chicken was registered on GenBank with the accession number PQ412228. The analysis of phylogenetic relationships showed that the naked neck chicken originated from the red jungle fowl subspecies *Gallus gallus spadiceus*. The naked neck chicken was closely related to Vietnamese chicken breeds: Mong, Dong Tao and Cao Son dwarf chicken and Chinese chicken breeds: Rugao Yellow and Xiaoxang chicken.

Keywords: Vietnamese indigenous chickens, mitochondrial genome phylogenetic relationships.

Ngày nhận bài: 16/10/2024

Ngày chuyển phản biện: 6/11/2024

Ngày thông qua phản biện: 11/11/2024

Ngày duyệt đăng: 14/11/2024