

Phân tích hệ gen ty thể và mối quan hệ phát sinh chủng loại của gà Móng

Giang Thị Thanh Nhân¹, Phạm Thị Phương Mai¹, Nguyễn Văn Ba¹, Trần Thị Thu Thủy¹, Nguyễn Thị Quỳnh Châu¹, Trần Thị Hậu¹, Hoàng Thị Âu¹, Nguyễn Khánh Vân¹, Lưu Quang Minh², Phạm Doãn Lâm^{1*}

¹Phòng Thí nghiệm Trọng điểm Công nghệ Tế bào Động vật, Viện Chăn nuôi, 9 Tân Phong, phường Thụy Phương, quận Bắc Từ Liêm, Hà Nội, Việt Nam

²Vụ Khoa học và Công nghệ các ngành Kinh tế - Kỹ thuật, Bộ Khoa học và Công nghệ, 113 Trần Duy Hưng, phường Trung Hòa, quận Cầu Giấy, Hà Nội, Việt Nam

Ngày nhận bài 16/11/2023; ngày chuyển phản biện 20/11/2023; ngày nhận phản biện 10/12/2023; ngày chấp nhận đăng 16/12/2023

Tóm tắt:

Trong nghiên cứu này, trình tự nucleotide hoàn chỉnh hệ gen ty thể của gà Móng và một giống gà bản địa của Việt Nam 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 giữa giống gà này với các giống gà khác. Dữ liệu trình tự nucleotide hoàn chỉnh hệ gen ty thể gà Móng được đăng ký trên Ngân hàng gen NCBI với mã số truy cập OR643716. Hệ gen ty thể của gà Móng có kích thước 16785 cặp bazơ (bp), bao gồm 22 gen RNA vận chuyển (tRNA), 2 gen RNA ribosome (rRNA), 13 gen mã hóa protein và 1 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, 23,76, 13,48 và 32,48%. Kết quả phân tích quan hệ phát sinh chủng loại dựa trên 33 trình tự hoàn chỉnh hệ gen ty thể cho thấy, gà Móng có nguồn gốc tiến hóa từ gà rừng lông đỏ phân loài *Gallus gallus spadiceus*. Gà Móng có mối quan hệ gần với giống gà Đông Tảo và gà lùn Cao Sơn của Việt Nam; gà vàng Rugao (Rugao yellow) và gà Xiaoxiang của Trung Quốc.

Từ khóa: gà Móng, hệ gen ty thể, phát sinh chủng loại.

Chỉ số phân loại: 4.2, 4.6

1. Đặt vấn đề

Gà Móng là một giống gà bản địa của Việt Nam, có phát tích từ làng Móng, xã Tiên Phong, nay là xã Tiên Sơn, thị xã Duy Tiên, tỉnh Hà Nam. Giống gà Móng đã được phát hiện và đưa vào Chương trình “Bảo tồn nguồn gen vật nuôi quốc gia” từ năm 2001 [1]. Gà Móng được đánh giá có chất lượng thịt và trứng thơm ngon, da giòn, không có hoặc có ít mỡ khi gà béo [2, 3]. Về đặc điểm hình thái, gà Móng lúc 1 ngày tuổi có màu lông trắng ngà, lông bông, thân hình nhỏ gọn, mỏ và da chân có màu vàng. Ở 20 tuần tuổi, gà trống có màu lông nâu đỏ, đỏ tía (màu mã lĩnh) còn gà mái có màu lông nâu nhạt (màu lá chuối khô). Gà Móng có thân hình khỏe, chắc chắn, chân to, mỏ nụ, tích phát triển có màu đỏ tươi [1]. Gà trống đạt khối lượng 1823,3±144,4 g, gà mái đạt khối lượng 1512,2±60,3 g ở 20 tuần tuổi [3].

Nhằm khai thác nguồn gen gà Móng phục vụ sản xuất, các nghiên cứu mô tả đặc điểm ngoại hình, đánh giá khả năng sản xuất cũng như chọn lọc, nhân thuần để tạo các dòng gà Móng thương phẩm phục vụ sản xuất đã được thực hiện [1, 4-6]. Tuy nhiên, những nghiên cứu tư liệu hóa thông tin di truyền nhằm lưu trữ các đặc điểm di truyền của giống gà Móng, hỗ trợ cho công tác quản lý, bảo tồn và khai thác nguồn gen gà Móng còn hạn chế. Một nghiên cứu của S.Q.

*Tác giả liên hệ: Email: pdlanvn@yahoo.com

Do và cs (2019) [7] đã xác định một phần trình tự vùng điều khiển không mã hóa (D-loop) hệ gen ty thể với độ dài 525 bp cho 22 cá thể gà Móng để đánh giá đa dạng di truyền, xác định nguồn gốc dòng mẹ của gà Móng và tìm hiểu mối quan hệ di truyền giữa gà Móng với giống gà Tò, gà Sáu ngón của Việt Nam. Kích thước tương đối nhỏ so với toàn bộ hệ gen ty thể của vùng D-loop đã hạn chế độ phân giải trong phân tích phát sinh chủng loại [8], gần đây trình tự toàn bộ hệ gen ty thể đã được sử dụng để tái hiện lại mối quan hệ phát sinh chủng loại của một số động vật như gà, lợn, bò và ngựa [8-11]. Vì vậy, nghiên cứu này được thực hiện nhằm cung cấp trình tự toàn bộ hệ gen ty thể của gà Móng và sử dụng trình tự này để tìm hiểu nguồn gốc tiến hóa cũng như mối quan hệ di truyền của gà Móng với các giống gà khác. Đồng thời đăng ký trình tự hệ gen ty thể gà Móng trên Ngân hàng gen NCBI nhằm tư liệu hóa thông tin di truyền của gà Móng phục vụ các nghiên cứu bảo tồn cũng như hỗ trợ việc truy xuất giống gà bản địa.

2. Vật liệu và phương pháp nghiên cứu

2.1. Vật liệu

Nghiên cứu được thực hiện trên vật liệu di truyền DNA của giống gà Móng. Một mẫu gà Móng được thu thập từ xã Tiên Sơn, thị xã Duy Tiên, tỉnh Hà Nam (nơi đang bảo tồn

Analysis of the mitochondrial genome and phylogenetic relationships of Mong chicken

Thi Thanh Nhan Giang¹, Thi Phuong Mai Pham¹,
Van Ba Nguyen¹, Thi Thu Thuy Tran¹,
Thi Quynh Chau Nguyen¹, Thi Hau Tran¹,
Thi Au Hoang¹, Khanh Van Nguyen¹,
Quang Minh Luu², Doan Lan Pham^{1*}

¹Key Laboratory of Animal Cell Technology, National Institute of Animal Science,
9 Tan Phong Street, Thuy Phuong Ward, Bac Tu Liem District, Hanoi, Vietnam

²Ministry of Science and Technology,

113 Tran Duy Hung Street, Trung Hoa Ward, Cau Giay District, Hanoi, Vietnam

Received 16 November 2023; revised 10 December 2023; accepted 16 December 2023

Abstract:

In this study, the complete nucleotide sequence of the mitochondrial genome of the Mong chicken and an indigenous chicken breed of Vietnam, was determined by the Sanger sequencing method, structurally analysed and used to evaluate the phylogenetic relationship with different chicken breeds. The complete nucleotide sequence data of the Mong chicken' mitochondrial genome was registered on GenBank - National Center for Biotechnology Information (NCBI) with the accession number OR643716. The Mong chicken' mitochondrial genome has a size of 16785 base pair (bp) and includes twenty-two transfer RNA genes, two ribosomal RNA genes, thirteen protein-coding genes, and one non-coding control region (D-loop). A, T, G, and C nucleotide proportions were 30.28, 23.76, 13.48, and 32.48%, respectively. Results of the analysis of phylogenetic relationships based on 33 complete mitochondrial genome sequences showed that the Mong chicken has evolutionary origin from the red junglefowl subspecies *Gallus gallus spadiceus*. The Mong chicken is in close relationship with the Dong Tao chicken and Cao Son dwarf chicken in Vietnam, Rugao yellow chicken and Xiaoxiang chicken in China.

Keywords: mitochondrial genome, Mong chicken, phylogenetic relationships.

Classification numbers: 4.2, 4.6

và phát triển giống gà Móng). Cá thể gà Móng được lựa chọn để thu mẫu máu dựa trên đặc điểm hình thái đặc trưng cho giống đã được công bố trong cuốn *Át lát các giống vật nuôi Việt Nam* [12].

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Thu mẫu và tách chiết ADN tổng số: 1 mm máu gà Móng được lấy từ tĩnh mạch cánh và bảo quản trong ống có chứa chất chống đông EDTA 0,5 M ở 4°C. DNA tổng số được tách chiết từ máu bằng bộ kit GeneJET Genomic ADN Purification Kit (Thermo Scientific™, Thermo Fisher Scientific, Waltham, Mỹ) và bảo quản ở -20°C. Nồng độ DNA tổng số được xác định bằng thiết bị định lượng DNA Qubit 3.0 (Invitrogen™, Thermo Fisher Scientific, Waltham, Mỹ). Tính toàn vẹn DNA được đánh giá bằng phương pháp điện di trên gel agarose 1,5%.

Nhân đặc hiệu và giải trình tự các phân đoạn hệ gen ty thể: Trình tự toàn bộ hệ gen ty thể của gà Móng được khuếch đại bằng phản ứng chuỗi trùng hợp (Polymerase chain reaction - PCR) với bộ mồi gồm 23 cặp mồi được thiết kế bởi H.G. Bao và cs (2008) [13]. 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 DNA 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 mồi), kéo dài ở 72°C trong 1 phút; kéo dài cuối cùng ở 72°C trong 7 phút. Các sản phẩm PCR được trộn với dung dịch Loading Dye 6X trước khi kiểm tra kích thước bằng điện di trên gel agarose 1,5% trong 35 phút ở 100 V. Gel agarose được nhuộm bằng thuốc nhuộm RedSafe™ Nucleic Acid Staining Solution (iNtRON Biotechnology, Seongnam, Hàn Quốc) để có thể quan sát các sản phẩm PCR dưới máy soi UV. Các sản phẩm nhân đặc hiệu của các phản ứng PCR được tinh sạch bằng kit PureLink™ PCR Purification Kit (Invitrogen™, Thermo Fisher Scientific, Waltham, Mỹ) và giải trình tự hai chiều trên máy ABI 3130 (Applied Biosystems, Foster, CA, Mỹ) sử dụng cùng 23 cặp mồi của phản ứng PCR.

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.

Phân tích 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>). Tần số 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.

Phân tích mối quan hệ phát sinh chủng loại: Trình tự nucleotide hoàn chỉnh hệ gen ty thể của gà Móng 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 truy xuất từ Ngân hàng gen NCBI 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 và bàn luận

3.1. Đặc điểm hệ gen ty thể của gà Móng

Hệ gen ty thể của gà Móng có kích thước là 16785 bp. Trình tự nucleotide hoàn chỉnh hệ gen ty thể của gà Móng được xác định và đăng ký trên Ngân hàng gen NCBI với mã số truy cập là OR643716. Các nucleotide C, A, T và G trong hệ gen ty thể gà Móng có tỷ lệ tương ứng là 32,48, 30,28, 23,76 và 13,48%. Các tỷ lệ nucleotide này tương đồng với một số giống gà bản địa Trung Quốc: Longsheng Feng, Luhua, Piao, Taoyan, Huang-shan [14-18] và một số gà bản địa Việt Nam như: Lạc Sơn, Tò và gà lùn Cao Sơn đã được công bố [19-21]. Hệ gen ty thể gà Móng theo hướng giàu A/T với hàm lượng A+T (54,04%) lớn hơn hàm lượng G+C (45,96%), đây là một đặc điểm điển hình của hệ gen ty thể động vật có xương sống.

Kết quả chú giải hệ gen ty thể cho thấy, hệ gen ty thể gà Móng tương tự hệ gen ty thể điển hình của loài gà đã được P. Desjardins và cs (1990) [22] báo cáo, bao gồm 1 vùng D-loop, 2 gen mã hóa RNA ribosome (rRNA), 13 gen mã hóa protein, 22 gen mã hóa RNA vận chuyển (tRNA) (bảng 1). Vùng D-loop nằm trên chuỗi nặng, giữa gen tRNA-*Phe* và gen tRNA-*Glu*, có độ dài là 1232 bp. 2 gen rRNA 12S và 16S cũng nằm trên chuỗi nặng và có chiều dài lần lượt là 975 và 1622 bp. Các gen tRNA có chiều dài từ 65 đến 76 bp. 8 trong 22 gen tRNA ở trên chuỗi nhẹ. Tổng chiều dài của 13 gen mã hóa protein là 11394 bp, chiếm 67,88% chiều dài toàn bộ hệ gen. Các gen mã hóa protein có chiều dài dao động từ 165 (*ATP8*) đến 1818 bp (*ND5*) chủ yếu nằm trên chuỗi nặng, ngoại trừ gen *ND6* trên chuỗi nhẹ. Hầu hết các gen mã hóa protein có codon khởi đầu là ATG, ngoại trừ gen *COI*, sử dụng GTG làm codon khởi đầu. Đối với codon kết thúc, các gen mã hóa protein chủ yếu có codon kết thúc là TAA. 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 [23]; gen *ND2* kết thúc bằng codon TAG; gen *COI* kết thúc bằng codon AGG. Trong hệ gen ty thể gà Móng, 17 đoạn trình tự không mã hóa được tìm thấy giữa các gen và có chiều dài dao động 1-9 bp. Ngoài ra còn xác định được 7 đoạn trình tự trùng nhau giữa các gen với kích thước 1-10 bp. Chú giải chi tiết cấu trúc hệ gen ty thể gà Móng được thể hiện ở bảng 1.

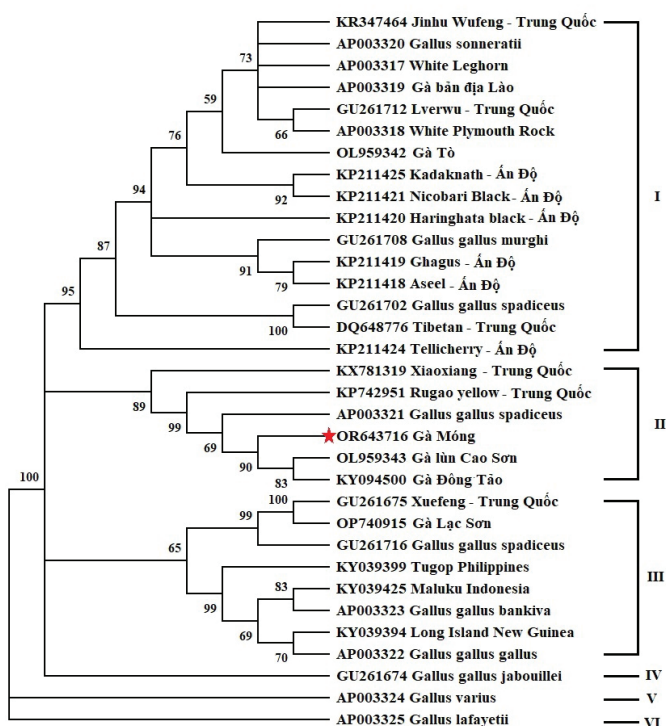
Bảng 1. Cấu trúc hệ gen ty thể gà Móng.

Tên gen	Chuỗi	Vị trí		Kích thước (bp)	Khoảng cách giữa 2 gen	Bộ ba khởi đầu	Bộ ba kết thúc	Bộ ba đối mã
		Khởi đầu	Kết thúc					
D-loop	H	1	1232	1232	0			
tRNA- <i>Phe</i>	H	1233	1302	70	0			GAA
12S rRNA	H	1303	2277	975	0			
tRNA- <i>Val</i>	H	2278	2350	73	0			TAC
16S rRNA	H	2351	3972	1622	0			
tRNA- <i>Leu</i> ²	H	3973	4046	74	+9			TAA
<i>ND1</i>	H	4056	5030	975	0	ATG	TAA	
tRNA- <i>Ile</i>	H	5031	5102	72	+5			GAT
tRNA- <i>Gln</i>	L	5108	5178	71	-1			TTG
tRNA- <i>Met</i>	H	5178	5246	69	0			CAT
<i>ND2</i>	H	5247	6287	1041	-2	ATG	TAG	
tRNA- <i>Trp</i>	H	6286	6361	76	+6			TCA
tRNA- <i>Ala</i>	L	6368	6436	69	+3			TGC
tRNA- <i>Asn</i>	L	6440	6512	73	+1			GTT
tRNA- <i>Cys</i>	L	6514	6579	66	-1			GCA
tRNA- <i>Tyr</i>	L	6579	6649	71	+1			GTA
<i>COI</i>	H	6651	8201	1551	-9	GTG	AGG	
tRNA- <i>Ser</i> ²	L	8193	8267	75	+2			TGA
tRNA- <i>Asp</i>	H	8270	8338	69	+1			GTC
<i>COII</i>	H	8340	9023	684	+1	ATG	TAA	
tRNA- <i>Lys</i>	H	9025	9092	68	+1			TTT
<i>ATP8</i>	H	9094	9258	165	-10	ATG	TAA	
<i>ATP6</i>	H	9249	9932	684	-1	ATG	TAA	
<i>COIII</i>	H	9932	10715	784	0	ATG	T--	
tRNA- <i>Gly</i>	H	10716	10784	69	0			TCC
<i>ND3</i>	H	10785	11136	352	+1	ATG	TAA	
tRNA- <i>Arg</i>	H	11138	11205	68	0			TCG
<i>ND4L</i>	H	11206	11502	297	-7	ATG	TAA	
<i>ND4</i>	H	11496	12873	1378	0	ATG	T--	
tRNA- <i>His</i>	H	12874	12942	69	+1			GTG
tRNA- <i>Ser</i> ¹	H	12944	13008	65	+1			GCT
tRNA- <i>Leu</i> ¹	H	13010	13080	71	0			TAG
<i>ND5</i>	H	13081	14898	1818	+4	ATG	TAA	
<i>Cytb</i>	H	14903	16045	1143	+3	ATG	TAA	
tRNA- <i>Thr</i>	H	16049	16117	69	0			TGT
tRNA- <i>Pro</i>	L	16118	16187	70	+6			TGG
<i>ND6</i>	L	16194	16715	522	2	ATG	TAA	
tRNA- <i>Glu</i>	L	16718	16785	68				TTC

“+n”: số nucleotide giữa 2 gen; “-n”: số nucleotide trùng lặp giữa 2 gen; “0”: 2 gen liền kề nhau; H: chuỗi nặng (Heavy strand); L chuỗi nhẹ (Light strand).

3.2. Môi quan hệ phát sinh chủng loại dựa trên trình tự hoàn chỉnh hệ gen ty thể

Dựa trên các trình tự nucleotide hoàn chỉnh hệ gen ty thể của các giống gà khác được truy xuất từ Ngân hàng gen NCBI và của gà Móng, cây phát sinh chủng loại thể hiện mối quan hệ giữa gà Móng với các loài gà rừng và các giống gà nhà phân bố ở Việt Nam, Trung Quốc, Ấn Độ, Lào, Philippines, Indonesia, New Guinea và châu Âu đã được xây dựng (hình 1).



Hình 1. Cây phát sinh chủng loại Maximum likelihood dựa vào trình tự nucleotide hoàn chỉnh hệ gen ty thể của gà Móng, các loài gà rừng và các giống gà nhà. Các giá trị bootstrap ước tính ($\geq 50\%$) với 1.000 lần lặp lại được thể hiện ở đầu các nhánh.

Hình ảnh cây phát sinh chủng loại cho thấy, các trình tự hệ gen ty thể của các giống gà được phân thành 6 nhánh chính. Trong đó, gà Móng được phân nhánh cùng với 2 giống gà bản địa của Việt Nam (gà Đông Tảo và gà lùn Cao Sơn), 2 giống gà bản địa của Trung Quốc (gà Xiaoxiang và gà vàng Rugao) cùng với gà rừng lông đỏ phân loài *Gallus gallus spadiceus* (nhánh II). Kết quả này thể hiện mối quan hệ gần gũi của gà Móng với gà rừng lông đỏ phân loài *Gallus gallus spadiceus*. Gà rừng lông đỏ (*Gallus gallus*) gồm có 5 phân loài phụ là *G.g. gallus*, *G.g. murghi*, *G.g. spadiceus*, *G.g. bankiva* và *G.g. jabouillei*, được xem là tổ tiên của gà nhà ngày nay. Trong khi A. Fumihito và cs (1996) [24] cho rằng, phân loài *G.g. gallus* (ở Thái Lan) là tổ tiên hoang dã duy nhất của gà nhà ngày nay, những nghiên cứu gần đây cho thấy, cả 5 phân loài của gà rừng lông đỏ đều là tổ tiên gà

nhà ngày nay [8, 25, 26]. Nghiên cứu của M.S. Wang và cs (2020) [27] trên toàn bộ hệ gen nhân của 863 con gà nhà, 4 giống gà rừng và 5 phân loài gà rừng lông đỏ 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, gà đã phân tán khắp Đông Nam Á, Nam Á và lai tạo với các phân loài gà rừng lông đỏ cũng như các loài gà rừng khác [27]. Như vậy, mối quan hệ gần gũi của gà Móng với phân loài *G.g. spadiceus* cho thấy, gà Móng có nguồn gốc từ phân loài gà rừng *G.g. spadiceus* và mối quan hệ này đã ủng hộ quan điểm nguồn gốc đa phân loài gà rừng lông đỏ của gà nhà.

Ngoài ra, cây phát sinh chủng loại còn cho thấy mối quan hệ gần gũi của gà Móng với 2 giống gà bản địa khác của Việt Nam là gà Đông Tảo (phân bố ở tỉnh Hưng Yên) và gà lùn Cao Sơn (phân bố ở tỉnh Quảng Ninh), nhưng có khoảng cách di truyền xa với gà Lạc Sơn (phân bố ở tỉnh Quảng Bình) và gà Tò (phân bố ở tỉnh Thái Bình). Trong nghiên cứu của S.Q. Do và cs (2019) [7], gà Móng cũng thể hiện mối quan hệ xa với gà Tò nhưng lại có quan hệ gần gũi với gà Sáu ngón. Cây phát sinh chủng loại cũng thể hiện mối quan hệ phát sinh giữa gà Móng với các giống gà ở các khu vực địa lý khác, cụ thể gà Móng có mối quan hệ gần với 2 giống gà bản địa Trung Quốc: gà vàng Rugao và Xiaoxiang hơn so với các giống gà ở khu vực quần đảo Đông Nam Á và Ấn Độ. Nghiên cứu của S.Q. Do và cs (2019) [7] cũng cho rằng, gà Móng có nguồn gốc đa dòng mẹ, trong đó có các dòng mẹ phân bố ở phía nam, tây nam Trung Quốc và các khu vực lân cận cũng như ở Đông Nam Á. Mối quan hệ gần gũi này có thể liên quan đến vị trí địa lý gần gũi giữa Việt Nam và Trung Quốc cũng như của lịch sử di dân của người Trung Quốc đến Việt Nam trong các thế kỷ trước [28].

4. Kết luận

Trình tự nucleotide và cấu trúc hệ gen ty thể gà Móng đã được xác định và đăng ký trên Ngân hàng gen NCBI. Gà Móng có nguồn gốc tiến hoá từ gà rừng lông đỏ phân loài *G.g. spadiceus*. Trong mối quan hệ phát sinh chủng loại với các giống gà bản địa Việt Nam, gà Móng có mối quan hệ gần với gà Đông Tảo, gà lùn Cao Sơn hơn so với gà Tò và gà Lạc Sơn. Ngoài ra, gà Móng có mối quan hệ gần với gà vàng Rugao và Xiaoxiang của Trung Quốc hơn so với các giống gà bản địa của Ấn Độ và quần đảo Đông Nam Á.

LỜI CẢM ƠN

Các tác giả xin chân thành cảm ơn sự hỗ trợ kinh phí từ Bộ Khoa học và Công nghệ cho Phòng Thí nghiệm Trọng điểm Công nghệ Tế bào Động vật để thực hiện nghiên cứu này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] N.T.K. Cuc, P.D. Tien, N.H. Cuong, et al. (2016), "Selection of Mong chicken breed", *Journal of Animal Science and Technology*, **61**, pp.22-32 (in Vietnamese).
- [2] D.V. Dien (2004), "Result of conservation of Mong chicken breed", *Conference on Conservation of Animal Genetic Resources 1990-2004*, National Institute of Animal Sciences, pp.129-132 (in Vietnamese).
- [3] H.X. Tung, N.V. Dat, N.V. Dong, et al. (2009), "Evaluation of appearance characteristics, growth and reproduction performance of 3 chicken breeds: Ho, Mia and Mong (Tien Phong) at Lien Ninh experimental farm", *Scientific Reports 2008 - Genetic and Animal Breed Section*, National Institute of Animal Sciences, pp.286-295 (in Vietnamese).
- [4] N.T. Tuyen, N.T.K. Cuc, P.D. Tien, et al. (2016a), "Phenotypic characteristics and productivity of the Mong Tien Phong chicken breeding through three generations of selection", *Journal of Animal Science and Technology*, **69**, pp.38-47 (in Vietnamese).
- [5] N.T. Tuyen, N.T.K. Cuc, P.D. Tien, et al. (2016b), "Growth potential of the Mong Tien Phong chicken", *Journal of Animal Science and Technology*, **69**, pp.54-61 (in Vietnamese).
- [6] P.V. Son, N.T.T. Hien, D.V. Dung, et al. (2022), "Growth capacity of Mong chicken", *Journal of Animal Science and Technology*, **136**, pp.61-71 (in Vietnamese).
- [7] S.Q. Do, L.T.P. Nguyen, T.H. Nguyen, et al. (2019), "Genomic characterisation of three Vietnamese indigenous chicken varieties using mitochondrial D-loop sequences", *Canadian Journal of Animal Science*, **99(4)**, pp.833-839, DOI: 10.1139/cjas-2019-0025.
- [8] Y.W. Miao, M.S. Peng, G.S. Wu, et al. (2013), "Chicken domestication: An updated perspective based on mitochondrial genomes", *Heredity*, **110(3)**, pp.277-282, DOI: 10.1038/hdy.2012.83.
- [9] G.S. Wu, Y.G. Yao, K.X. Qu, et al. (2007), "Population phylogenomic analysis of mitochondrial DNA in wild boars and domestic pigs revealed multiple domestication events in East Asia", *Genome Biology*, **8(11)**, DOI: 10.1186/gb-2007-8-11-r245.
- [10] A. Achilli, S. Bonfiglio, A. Olivieri, et al. (2009), "The multifaceted origin of taurine cattle reflected by the mitochondrial genome", *PLOS ONE*, **4(6)**, DOI: 10.1371/journal.pone.0005753.
- [11] A. Achilli, A. Olivieri, P. Soares, et al. (2012), "Mitochondrial genomes from modern horses reveal the major haplogroups that underwent domestication", *Proceedings of The National Academy of Sciences*, **109(7)**, pp.2449-2454, DOI: 10.1073/pnas.1111637109.
- [12] V.V. Su, P.C. Thieu (2016), *Atlas of Livestock Breeds in Vietnam*, Agriculture Publisher, 62pp (in Vietnamese).
- [13] H.G. Bao, C.J. Zhao, J.Y. Li, et al. (2008), "Sequencing and alignment of mitochondrial genomes of Tibetan chicken and two lowland chicken breeds", *Science in China Series C: Life Sciences*, **51(1)**, pp.47-51, DOI: 10.1007/s11427-008-0005-0.
- [14] J. Gu, S. Li (2020a), "Complete mitochondrial genome of the Longsheng Feng chicken (*Gallus gallus*)", *Mitochondrial DNA Part B Resour.*, **5(3)**, pp.2911-2912, DOI: 10.1080/23802359.2020.1791753.
- [15] J. Gu, S. Li (2020b), "The complete mitochondrial genome of the Luhua chicken (*Gallus gallus*)", *Mitochondrial DNA Part B Resour.*, **5(3)**, pp.2832-2834, DOI: 10.1080/23802359.2020.1791021.
- [16] J. Gu, S. Li (2020c), "Next-generation sequencing of the complete mitochondrial genome of the Piao chicken (*Gallus gallus*)", *Mitochondrial DNA Part B Resour.*, **5(3)**, pp.2870-2871, DOI: 10.1080/23802359.2020.1791755.
- [17] L.L. Liu, H.B. Xie, Q.F. Yu, et al. (2016), "Determination and analysis of the complete mitochondrial genome sequence of Taoyuan chicken", *Mitochondrial DNA Part A*, **27(1)**, pp.371-372, DOI: 10.3109/19401736.2014.895991.
- [18] S. Jin, H. Zang, P. He, et al. (2021), "Complete mitochondrial genome and phylogenetic analysis of Huangshan Black chicken (*Gallus gallus*)", *Mitochondrial DNA Part B Resour.*, **6(1)**, pp.243-244, DOI: 10.1080/23802359.2020.1860694.
- [19] G.T.T. Nhan, P.T.P. Mai, N.V. Ba, et al. (2023a), "The complete mitochondrial genome sequence and phylogenetic analysis of Lac Son chicken", *Journal of Animal Husbandry Sciences and Technics*, **284**, pp.2-7 (in Vietnamese).
- [20] L.D. Pham, T.T.N. Giang, V.B. Nguyen, et al. (2023), "The complete mitochondrial genome and phylogenetic analyses of To chicken in Vietnam", *Genes*, **14(5)**, DOI: 10.3390/genes14051088.
- [21] G.T.T. Nhan, P.T.P. Mai, N.V. Ba, et al. (2023b), "The complete mitochondrial genome sequence and phylogenetic analysis of Lun Cao Son chicken", *Vietnam Journal of Agriculture and Rural Development*, **8**, pp.148-155 (in Vietnamese).
- [22] P. Desjardins, R. Morais (1990), "Sequence and gene organisation of the chicken mitochondrial genome: A novel gene order in higher vertebrates", *Journal of Molecular Biology*, **212(4)**, pp.599-634, DOI: 10.1016/0022-2836(90)90225-B.
- [23] D.A. Clayton (1991), "Replication and transcription of vertebrate mitochondrial DNA", *Annual Review of Cell Biology*, **7**, pp.453-478.
- [24] A. Fumihito, T. Miyake, M. Takada, et al. (1996), "Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls", *Proceedings of The National Academy of Sciences*, **93(13)**, pp.6792-6795, DOI: 10.1073/pnas.93.13.6792.
- [25] Y.P. Liu, G.S. Wu, Y.G. Yao, et al. (2006), "Multiple maternal origins of chickens: Out of the Asian jungles", *Molecular Phylogenetics and Evolution, Domestications*, **38(1)**, pp.12-19, DOI: 10.1016/j.ympev.2005.09.014.
- [26] S. Kanginakudru, M. Metta, R.D. Jakati, et al. (2008), "Genetic evidence from Indian red jungle fowl corroborates multiple domestications of modern day chicken", *BMC Evolutionary Biology*, **8(1)**, DOI: 10.1186/1471-2148-8-174.
- [27] M.S. Wang, M. Thakur, M.S. Peng, et al. (2020), "863 genomes reveal the origin and domestication of chicken", *Cell Research*, **30**, pp.693-701, DOI: 10.1038/s41422-020-0349-y.
- [28] N.T.K. Cuc, H. Simianer, L.F. Groeneveld, et al. (2011), "Multiple maternal lineages of Vietnamese local chickens inferred by mitochondrial DNA D-loop sequences", *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, **24(2)**, pp.155-161, DOI: 10.5713/ajas.2011.10155.