Tạp chí Khoa học Đại học Cần Thơ
Số chuyên đề: Khoa học tự nhiên Đồng bằng sông Cửu Long
ISSN 1859-2333 | e-ISSN 2815-5599

DOI:10.22144/ctujos.2026.192

NGHIÊN CỨU ĐA DẠNG DI TRUYỀN CÁC LOÀI CÁ CHỐT THUỘC HỌ *Bagridae* BẰNG DẤU PHÂN TỬ ISSR

Nguyễn Tuyết Nga, Nguyễn Phạm Anh Thi và Nguyễn Thị Pha*
Viện Công nghệ Sinh học và Thực phẩm, Đại học Cần Thơ, Việt Nam
**Tác giả liên hệ (Corresponding author): ntpha@ctu.edu.vn*

Thông tin chung (Article Information)

Nhận bài (Received): 07/06/2026
Sửa bài (Revised): 28/06/2026
Duyệt đăng (Accepted): 25/08/2026

Title: *Genetic diversity of Bagrid catfishes belonging to the Bagridae based on ISSR markers*

Author(s): *Nguyen Tuyet Nga, Nguyen Pham Anh Thi and Nguyen Thi Pha**

Affiliation(s): *Institute of Food and Biotechnology, Can Tho University, Viet Nam*

TÓM TẮT

Trong những năm gần đây, nguồn lợi cá chốt tự nhiên đang có xu hướng suy giảm do khai thác quá mức và ô nhiễm môi trường nước. Sự suy giảm quần thể có thể ảnh hưởng đến đa dạng di truyền của loài. Nghiên cứu này được thực hiện nhằm đánh giá mức độ đa dạng di truyền của các giống cá chốt bằng cách sử dụng dấu phân tử ISSR (Inter-simple sequence repeat). Tổng cộng có 30 mẫu cá chốt được sử dụng trong nghiên cứu, thu tại 3 tỉnh (An Giang, Cần Thơ và Tây Ninh). Trong số 14 mồi ISSR được đánh giá, 6 mồi được chọn để khuếch đại đa hình các đoạn DNA. Các mồi này cho kết quả tổng cộng 104 băng với kích thước từ 105 bp đến 1750 bp, hệ số PIC từ 0,26 đến 0,57. Kết quả phân tích sơ đồ phân nhóm dựa vào phương pháp UPGMA cho thấy các mẫu cá chốt có hệ số tương đồng khá cao từ 70% đến 94%.

Từ khóa: *Cá chốt, đa dạng di truyền, họ Bagridae, ISSR*

ABSTRACT

In recent years, natural catfish resources have shown a declining trend due to overexploitation and water pollution. The reduction in population size may affect the genetic diversity of these species. This study aimed to assess the genetic diversity of catfish species using ISSR (Inter-Simple Sequence Repeat) molecular markers. A total of 30 catfish samples were used in the study, collected from three provinces: An Giang, Can Tho, and Tay Ninh. Of the 14 primers evaluated, 6 primers were selected for the amplification of polymorphic DNA fragments. These primers generated a total of 104 bands ranging in size from 105 bp to 1750 bp, with PIC values ranging from 0.26 to 0.57. The UPGMA cluster analysis revealed that the catfish samples exhibited relatively high genetic similarity coefficients, ranging from 70% to 94%.

Keywords: *Bagrid catfishes, Bagridae family, genetic diversity, ISSR*

1. GIỚI THIỆU

Cá chốt thuộc họ *Bagridae* là nhóm cá da trơn phân bố rộng rãi trong các hệ sinh thái nước ngọt ở Nam và Đông Nam Á, đặc biệt phổ biến tại lưu vực sông Mê Kông, Chao Phraya và các hệ thống sông lớn ở Ấn Độ (Ng & Kottelat, 2013). Họ *Bagridae* hiện bao gồm 16 chi với khoảng 224 loài và có phạm vi phân bố rộng khắp Châu Á, Châu Phi và Trung Đông (Fricke et al., 2024). Tại Việt Nam, các loài

cá chốt xuất hiện phổ biến ở khu vực Đồng bằng sông Cửu Long, nơi có mạng lưới sông ngòi và kênh rạch dày đặc, đồng thời đóng vai trò quan trọng đối với nguồn lợi thủy sản nội địa và sinh kế của người dân địa phương. Trong những năm gần đây, cá chốt tự nhiên đã chịu nhiều tác động từ hoạt động khai thác quá mức, ô nhiễm môi trường, biến đổi khí hậu và sự thay đổi điều kiện thủy văn của các thủy vực. Những tác động này có thể làm suy giảm kích thước quần thể, hạn chế dòng gen giữa các nhóm cá và dẫn đến sự suy giảm đa dạng di truyền (Huang et al., 2023). Đa dạng di truyền đóng vai trò là nền tảng cho khả năng thích nghi của sinh vật trước các biến động môi trường, đồng thời phản ánh tiềm năng tồn tại và phát triển lâu dài của quần thể. Mức độ đa dạng di truyền thấp có thể làm gia tăng nguy cơ cận huyết, làm giảm khả năng chống chịu với dịch bệnh và làm suy yếu năng lực thích nghi của loài trước những thay đổi của môi trường sống. Tuy nhiên, việc thực hiện các nghiên cứu về đa dạng di truyền của cá chốt tại Việt Nam hiện nay vẫn còn hạn chế. Sự thiếu hụt thông tin về cấu trúc di truyền và mức độ biến dị di truyền của các loài cá chốt gây khó khăn cho công tác bảo tồn, quản lý và khai thác bền vững nguồn lợi thủy sản. Vì vậy, việc đánh giá đa dạng di truyền của các loài cá chốt là yêu cầu cần thiết nhằm cung cấp cơ sở khoa học cho các chương trình bảo tồn nguồn gen, quản lý nguồn lợi và định hướng khai thác hợp lý trong tương lai. Chỉ thị ISSR (Inter-Simple Sequence Repeat) là một trong những công cụ phân tử hiệu quả được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền ở mức độ quần thể và loài. Kỹ thuật ISSR có khả năng phát hiện tính đa hình cao, không yêu cầu thông tin trình tự DNA ban đầu, có chi phí thực hiện thấp và cho kết quả đáng tin cậy (Peng et al., 2023). Nhờ những ưu điểm đó, chỉ thị ISSR đã được ứng dụng trong nhiều nghiên cứu để đánh giá đa dạng di truyền và phân tích mối quan hệ di truyền ở nhiều nhóm động vật và thủy sản. Do đó, chỉ thị ISSR đã được sử dụng trong nghiên cứu này để đánh giá đa dạng di truyền của các loài cá chốt nhằm cung cấp dữ liệu khoa học phục vụ công tác bảo tồn và quản lý nguồn lợi trong bối cảnh các loài tự nhiên đang chịu nhiều áp lực từ môi trường và hoạt động của con người.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu

Cá chốt được thu tại 3 tỉnh Cần Thơ, An Giang, Tây Ninh. Thời gian thu mẫu từ tháng 8 năm 2024 đến tháng 12 năm 2025. Trong đó, sáu loài cá chốt thu về đã được xác định bằng cách đối chiếu hình thái với dữ liệu hình thái trong sách "Mô tả định loại cá Đồng bằng sông Cửu Long" (Định và ctv., 2013). Ngoài ra, mỗi loài được lấy ngẫu nhiên một cá thể để thực hiện giải trình tự vùng gen COI và Cytb để kiểm tra định danh loài bằng công cụ BLAST trên NCBI nhằm xác định chính xác loài được sử dụng trong nghiên cứu.

2.2. Ly trích và kiểm tra DNA

DNA được trích từ vây cá sử dụng bộ kit ly trích DNA: TopPURE® Genomic DNA Extraction Kit. Phương pháp ly trích DNA bằng cột silica được áp dụng trong nghiên cứu này. Quy trình được thực hiện như trong hướng dẫn của bộ kit. DNA thu được sử dụng ngay hoặc bảo quản trong EB buffer ở -20°C.

DNA tổng số sau khi tách chiết được xác định nồng độ và độ tinh sạch bằng máy NanoDrop dựa trên nguyên lý hấp thụ tia tử ngoại ở bước sóng 260 nm. Độ tinh sạch của DNA được đánh giá thông qua tỷ lệ hấp thụ A260/A280 và A260/A230. Mẫu DNA được xem là đạt chất lượng tốt khi tỷ lệ A260/A280 dao động khoảng 1,8 - 2,0 và tỷ lệ A260/A230 nằm trong khoảng 2,0 - 2,2, cho thấy mẫu ít nhiễm protein, muối hoặc các hợp chất hữu cơ khác (Desjardins & Conklin, 2010; Lucena-Aguilar et al., 2016).

2.3. PCR với các mồi ISSR

Hai cá thể của mỗi loài được lấy ngẫu nhiên để thực hiện phản ứng khuếch đại (PCR) sàng lọc mồi. Những mồi cho băng DNA rõ và đa hình được chọn để tiếp tục khuếch đại trên tất cả cá thể nghiên cứu. Thông tin 14 mồi ISSR sử dụng để khảo sát được thể hiện trong Bảng 1.

Phản ứng PCR được thực hiện trong tổng thể tích 15 µL hỗn hợp gồm 7,5 µL Master Mix; 0,6 µL mồi (20 µM), 2 µL DNA và 4,9 µL nước cất tiệt trùng. Chu kì khuếch đại PCR bao gồm: giai đoạn khởi động 94°C trong 5 phút, 40 chu kì tiếp theo 94°C trong 30 giây, 50°C thời gian 45 giây, 2 phút ở 72°C và giai đoạn kết thúc là 72°C trong 10 phút. Mẫu được trữ trong máy PCR ở 4°C cho đến khi lấy mẫu ra ngoài.

Bảng 1. Trình tự và nhiệt độ gắn mồi của 14 mồi ISSR sử dụng trong nghiên cứu

Tên mồi	Trình tự (5′ - 3′)	Số nucleotide	Nhiệt độ gắn mồi (°C)	Nguồn tham khảo
UBC841	(GA)8YC	18	50	AlSaqufi and Hassanien (2020)
UBC864	(ATG)6	18	50	Monpara et al. (2017)
UBC884	HBH(AG)7	17	50	Monpara et al. (2017)
UBC886	VDV(CT)7	17	50	Monpara et al. (2017)
UBC891	HVH(TG)7	17	50	Monpara et al. (2017)
UBC826	(AC)8C	17	50	Monpara et al. (2017)
UBC814	(CT)8A	17	50	Monpara et al. (2017)
UBC840	(GA)8CT	18	50	Kumla et al. (2012)
UBC881	(GGGTG)3	15	50	Kumla et al. (2012)
HB13	(GAG)3GC	11	50	Kumla et al. (2012)
17899A	(CA)6AG	14	50	Yên và ctv. (2020)
ISSRF1	(GGAC)3A	13	50	Vitorino et al. (2015)
ISSRF2	(GGAC)3T	13	50	Vitorino et al. (2015)
ISSRF3	(GGAC)4	16	50	Vitorino et al. (2015)

2.1. Điện di và đọc kết quả PCR

Sản phẩm PCR được điện di với gel agarose 2% ở hiệu điện thế 25 V. Thang chuẩn 100 bp (Biohelix) được sử dụng để ước lượng kích thước băng của sản phẩm. Kết quả điện di được ghi nhận bằng máy đọc gel (BioRad UV 2000) và hình ảnh được phân tích bằng phần mềm Quantity One 4.6. Kết quả điện di sử dụng phân tích phải thu được các băng rõ ràng, không đứt gãy, các băng tách hoàn toàn.

2.2. Phân tích kết quả

Để xác định quan hệ di truyền giữa các loài, các kết quả thu được từ quá trình điện di sản phẩm PCR được xác lập dựa vào sự xuất hiện hay không xuất hiện của các băng DNA.

Số 0: Các alen không xuất hiện băng DNA.

Số 1: Các alen có xuất hiện băng DNA.

Các số liệu trên được nhập vào phần mềm Excel lần lượt theo từng mồi.

Các thông số He, PIC, EMR để đánh giá đa dạng di truyền và hiệu quả mồi được tính bằng công cụ iMEC.

Giản đồ phân nhóm được vẽ bằng chương trình NTSYSpc 2.1.

Biểu đồ PCoA (Principal Coordinate Analysis) được vẽ bằng phần mềm RStudio.

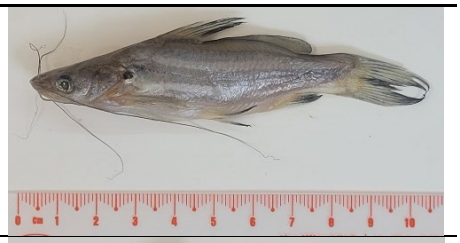
3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả thu mẫu vật liệu

Thông tin sáu loài cá chốt sử dụng trong nghiên cứu được thể hiện trong Bảng 2, hình thái các loài cá chốt được ghi nhận như sau:

Cá chốt sọc có đặc điểm nổi bật với ba sọc đậm chạy dọc theo thân và một đốm tròn màu đen phía sau đầu. Cá chốt bông có nền lưng màu nhạt với một vạch nâu rộng kéo dài trên thân, đồng thời trên mũi thùy vây đuôi xuất hiện một đốm đen và bên ngoài thân phủ lớp vảy màu vàng nghệ. Cá chốt giấy có vây mỡ dài, cơ thể màu xám bạc và một sọc trắng hẹp kéo dọc giữa thân. Cá chốt trắng có thân màu trắng bạc, vây mỡ ngắn và râu ngắn hơn so với các loài khác. Cá chốt cờ được nhận biết bởi vây lưng rất dài, vây mỡ kéo dài và phần mõm nhọn. Trong khi đó, cá chốt xám có cơ thể màu xám đen đồng nhất, vây mỡ dài hơn nhiều so với vây hậu môn và tiếp giáp với vây lưng; ngoài ra, loài này còn có râu rất dài, trong đó râu hàm trên kéo dài đến tận vây đuôi (Định và ctv., 2013). Kết quả khuếch đại COI và Cytb cho ra kích thước vùng gen COI khoảng 400 bp và vùng gen Cytb khoảng 700 bp, việc sử dụng công cụ BLASTn lên NCBI cho kết quả định danh trùng khớp với kết quả nhận diện bằng hình thái.

Bảng 2. Thông tin mẫu cá chốt sử dụng trong nghiên cứu

Ký hiệu mẫu	Địa điểm thu mẫu	Tên tiếng việt	Tên khoa học (có kết hợp xác định trình tự gen)	Hình mẫu cá
SC1 SC2 SC3 SC4 SA	Cần Thơ An Giang	Cá chốt sọc	*Mystus mysticetus*	
BC1 BC2 BC3 BA1 BA2	Cần Thơ An Giang	Cá chốt bông	*Pseudomystus siamensis*	
GC1 GC2 GC3 GA1 GA2	Cần Thơ An Giang	Cá chốt giấy	*Mystus albolineatus*	
TC1 TC2 TC3 TC4 TC5 TC6	Cần Thơ	Cá chốt trắng	*Mystus gulio*	
CT1 CT2 CT3	Tây Ninh	Cá chốt cờ	*Mystus bocourti*	
XC1 XC2 XC3 XC4 XC5 XC6	Cần Thơ	Cá chốt xám	*Mystus singaringan*	

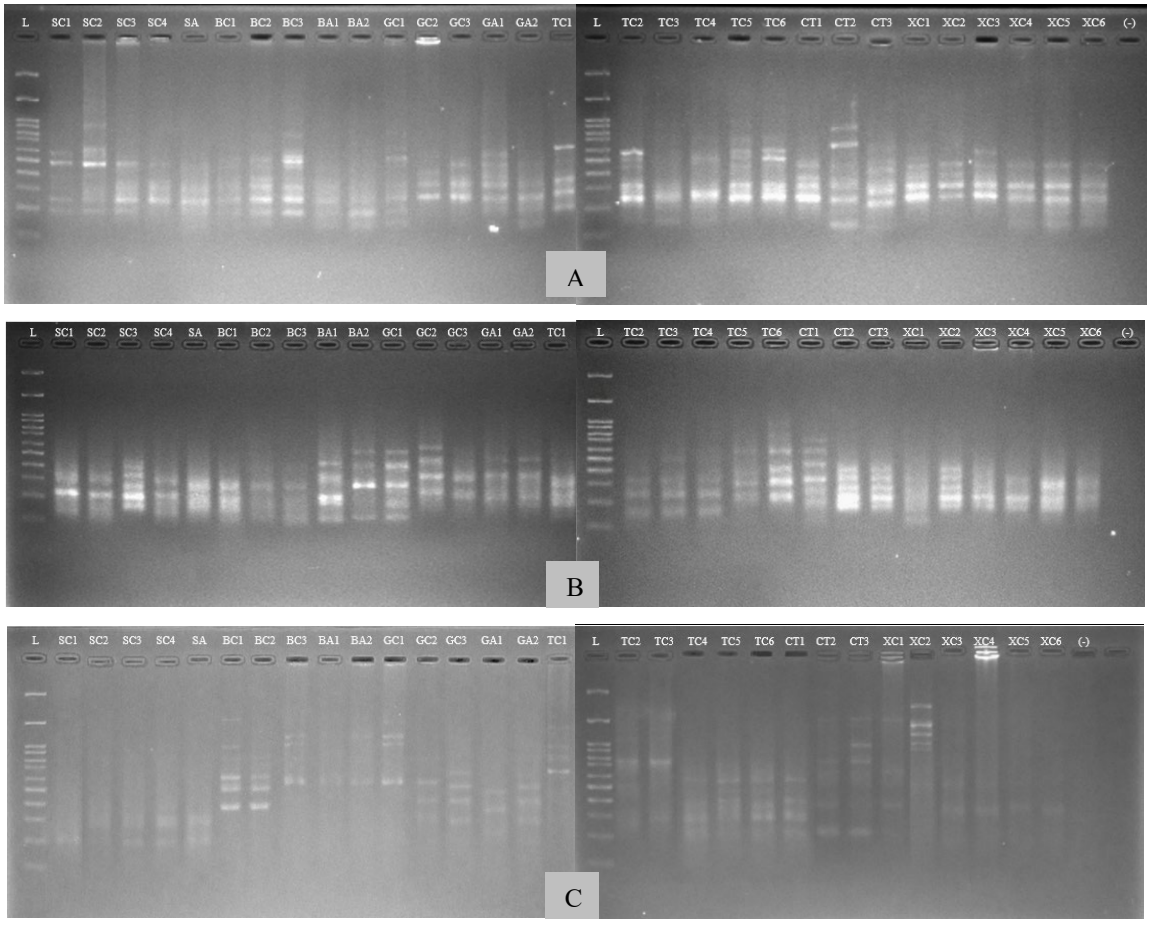
3.2. Đa dạng di truyền của cá chốt

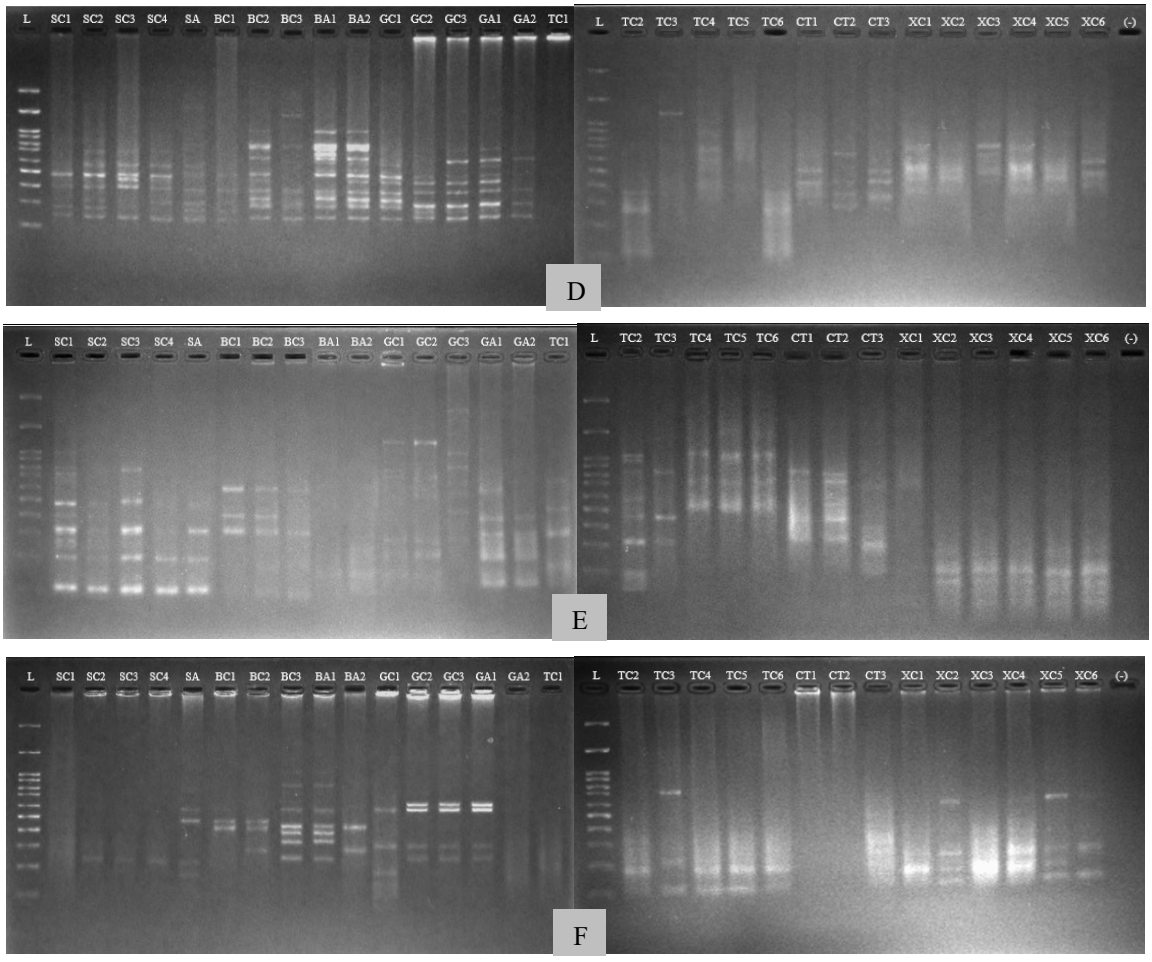
Kết quả điện di sản phẩm PCR của 6 mồi ISSR được thể hiện lần lượt trong Hình 1 và Bảng 3.

Trên tổng số 30 mẫu cá của 6 loài cá chốt, 6 mồi ISSR tạo ra tổng cộng 104 băng, 100% băng đa hình. Kích thước các băng được nhân bản trong khoảng 105 - 1750 bp. Số lượng các băng tương ứng mỗi mồi trong khoảng 12 - 21 băng, trong đó mồi ISSRF1 cho kết quả số băng ít nhất (12 băng) và mồi HB13 xuất hiện nhiều băng nhất (21 băng). Kết quả điện di cho thấy ba mồi ISSRF1, ISSRF2 và ISSRF3 khuếch đại được băng DNA ở tất cả các mẫu.

Mồi ISSRF1 và ISSRF2 trong Hình 1 cho kết quả các băng DNA khá rõ nét và phân bố tương đối đồng đều giữa các mẫu. Hầu hết các mẫu đều tạo nhiều băng với cường độ tương đối ổn định, chứng tỏ mồi ISSRF1 và ISSRF2 có khả năng bắt cặp tốt với nhiều vị trí trong hệ gen cá chốt. Bên cạnh đó, mồi hai này vẫn ghi nhận được sự khác biệt về số lượng và vị trí băng giữa các cá thể, qua đó thể hiện tính đa hình di truyền. Mồi ISSRF3 cũng cho thấy 100% mẫu đều được khuếch đại thành công. Tuy nhiên, cường độ băng của mồi này có phần không đồng đều hơn so với hai mồi trước. Một số mẫu xuất hiện băng rõ và dễ quan sát, trong khi một số mẫu có băng khá mờ hoặc số lượng băng ít hơn. Dù vậy, tất cả các mẫu vẫn xuất hiện ít nhất một hoặc nhiều băng DNA. Sự khác biệt về số lượng băng và vị trí băng giữa các mẫu tiếp tục phản ánh tính đa hình di truyền của các mẫu cá chốt trong nghiên cứu.

Mồi UBC881 cho thấy mức độ đa hình cao hơn so với ba mồi ISSRF1, ISSRF2 và ISSRF3. Phần lớn các mẫu đều xuất hiện nhiều băng DNA với vị trí khác nhau, tuy nhiên hai mẫu TC1 và TC5 không ghi nhận được băng. Hiện tượng này có thể xuất phát từ sự sai khác tại vị trí bắt cặp của mồi, chất lượng DNA khuôn chưa đồng đều hoặc hiệu quả khuếch đại PCR thấp ở các mẫu này. Các mẫu còn lại cho phổ băng tương đối đa dạng và thể hiện sự khác biệt rõ rệt về kiểu băng giữa các nhóm cá chốt. Kết quả PCR của mồi HB13 ngoại trừ hai mẫu BA1 và XC1 không xuất hiện băng DNA sau điện di các mẫu còn lại thể hiện số lượng và cường độ băng đa dạng. Điều này thể hiện khả năng khuếch đại của mồi HB13 phụ thuộc vào sự hiện diện của các trình tự bổ sung thích hợp trong hệ gen từng mẫu. Trong khi đó, mồi 17899A tạo được số lượng băng tương đối phong phú nhưng lại không khuếch đại được băng DNA ở năm mẫu SC1, GA2, TC1, CT1 và CT2. Kết quả này cho thấy mồi 17899A có tính chọn lọc cao hơn không dễ dàng bắt cặp và khuếch đại trên tất cả các vùng DNA của mọi mẫu





Hình 1. Kết quả PCR sáu mồi ISSR

Ghi chú: A. Mồi UBC88, B. Mồi HB13, C. Mồi 17899A, D. Mồi ISSRF1, E. Mồi ISSRF2, F. Mồi ISSRF3; L. Thang chuẩn 100 bp (Biohelix; SC, SA. Cá chốt sọc; BC, BA. Cá chốt bông; GC, GA. Cá chốt giấy; TC. Cá chốt trắng; CT. Cá chốt cờ; XC. Cá chốt xám (Cần Thơ); (-). Đối chứng âm.

Bảng 3. Các thông số đa dạng di truyền của 30 mẫu cá chốt

Mồi	Tổng số băng	Tổng số mẫu có băng	Kích thước băng dao động (bp)	Chỉ số dị hợp (He)	Chỉ số thông tin đa hình (PIC)	Tỷ lệ đa locus hiệu quả (EMR)
ISSRF1	12	30/30	150 – 900	0,405	0,42	3,379
ISSRF2	17	30/30	120 – 700	0,277	0,57	2,828
ISSRF3	18	30/30	200 – 1750	0,227	0,43	2,345
UBC881	17	29/30	200 – 1200	0,340	0,36	3,690
HB13	21	28/30	110 – 1750	0,201	0,26	2,380
17899A	18	25/30	105 – 1100	0,221	0,27	2,276

Hiện tượng không xuất hiện băng DNA ở một số mẫu có thể được giải thích chủ yếu bởi sự biến đổi trình tự nucleotide tại vùng gắn mồi ISSR trên hệ gen. Kỹ thuật ISSR hoạt động dựa trên nguyên tắc mồi bám vào các vùng vi vệ tinh (microsatellite) lặp lại trong DNA hệ gen. Khi giữa các cá thể tồn tại đột biến, mất đoạn hoặc thay đổi số lần lặp tại vị trí bổ sung với mồi, quá trình bắt cặp của mồi sẽ bị cản trở hoặc không xảy ra, dẫn đến phản ứng PCR không tạo được sản phẩm khuếch đại. Sự vắng mặt của băng DNA ở một số cá thể phản ánh tính đa hình di truyền giữa các mẫu nghiên cứu. Ngoài ra, sự không xuất hiện băng cũng có thể liên quan đến khoảng cách giữa hai vị trí gắn mồi quá lớn hoặc không phù

hợp cho quá trình khuếch đại PCR, khiến enzyme polymerase không thể tổng hợp đoạn DNA mục tiêu. Trong một số trường hợp, hàm lượng DNA khuôn thấp hoặc sự hiện diện của tạp chất ức chế PCR cũng có thể làm giảm hiệu quả khuếch đại. Tuy nhiên, khả năng này trong nghiên cứu hiện tại được xem là không đáng kể vì các mẫu DNA đã được kiểm tra trước khi thực hiện và những mẫu không xuất hiện băng ở một mồi vẫn khuếch đại tốt ở ba mồi ISSRF1, ISSRF2 và ISSRF3 cho kết quả dương tính ở toàn bộ mẫu. Do đó, hiện tượng một số mẫu không có băng DNA ở các mồi UBC881, HB13 và 17899A nhiều khả năng phản ánh sự khác biệt về cấu trúc di truyền giữa các cá thể cá chốt nghiên cứu. Đây cũng là cơ sở quan trọng cho thấy các mồi ISSR được sử dụng có khả năng phát hiện tính đa hình và thích hợp cho đánh giá đa dạng di truyền ở nhóm cá chốt.

Các mẫu TC2, TC3, XC2 và CT1 được loại khỏi phân tích cây phả hệ do sản phẩm PCR thu được không ổn định, băng DNA mờ hoặc xuất hiện không đồng nhất giữa các mồi ISSR, gây khó khăn trong quá trình ghi nhận dữ liệu đa hình. Việc loại bỏ các mẫu này nhằm đảm bảo độ chính xác và độ tin cậy của phân tích khoảng cách di truyền và xây dựng cây quan hệ di truyền.

3.2. Sự khác biệt di truyền giữa các quần thể của cá chốt

Kết quả sàng lọc đã tìm được 6/14 mồi ISSR có thể được dùng cho việc phân tích đa dạng di truyền của cá chốt trong nghiên cứu này. Thông tin mồi được sử dụng trong nghiên cứu và kết quả tính các thông số bao gồm chỉ số dị hợp (He), thông số thông tin đa hình (PIC) và tỷ lệ đa locus hiệu quả (EMR) được thể hiện trong Bảng 3.

Giá trị He (xác suất một cá thể trong quần thể có kiểu gen dị hợp tại một locus) dao động từ 0,201 đến 0,405, phản ánh mức độ đa dạng di truyền từ trung bình đến khá giữa các mẫu cá chốt. Mồi ISSRF1 có He cao nhất (0,405), thể hiện đây là mồi có khả năng phân biệt biến dị di truyền tốt hơn, trong khi HB13 có giá trị thấp nhất chỉ 0,201. Chỉ số PIC của sáu mồi ISSR biến động từ 0,26 đến 0,57, đều ở mức trung bình, chứng tỏ các mồi ISSR cung cấp giá trị thông tin ở mức tương đối trong phân tích đa dạng di truyền. ISSRF2 là mồi có PIC cao nhất (0,57). Giá trị PIC trung bình cho thấy nhóm cá chốt sử dụng trong nghiên cứu có mức đa dạng di truyền tương đối ổn định, kết quả bước đầu cho thấy các mẫu nghiên cứu vẫn duy trì mức độ biến dị di truyền nhất định bảo tồn nguồn gen khá tốt. Kết quả này phù hợp với xu hướng ghi nhận ở nhiều nghiên cứu trước đây trên các loài cá thuộc họ *Bagridae*, khi các quần thể tự nhiên thường biểu hiện mức đa dạng di truyền từ thấp đến trung bình nếu chưa chịu tác động mạnh bởi khai thác hoặc suy giảm sinh cảnh. Nghiên cứu của Kuang et al. (2021) trên loài *Hemibagrus guttatus* thuộc họ *Bagridae* tại sông Châu Giang (Trung Quốc) cho thấy quần thể loài này có mức đa dạng di truyền thấp với giá trị nucleotide diversity thấp hơn 0,005, đồng thời các quần thể có tính đồng nhất di truyền cao. Các tác giả cho rằng hiện tượng này có thể liên quan đến sự suy giảm nguồn lợi tự nhiên do áp lực khai thác và biến đổi môi trường. Chỉ số EMR (tỷ lệ locus đa hình được phát hiện) dao động từ 2,276 đến 3,690, trong đó UBC881 có EMR cao nhất (3,690), cho thấy mồi này tạo ra nhiều băng đa hình, góp phần giúp tăng hiệu quả phân tích di truyền.

Các mồi ISSR trong nghiên cứu đều thể hiện hiệu quả cao trong đánh giá đa dạng di truyền cá chốt, với mức độ đa hình khá và khả năng phân biệt cao. Trong đó, ISSRF1 là mồi nổi bật nhất về hiệu quả phân tích di truyền.

Giản đồ phân nhóm di truyền dựa trên 6 mồi ISSR trong Hình 2 cho thấy các mẫu cá chốt được phân tách thành những nhóm tương đối rõ ràng theo loài, phản ánh sự khác biệt về cấu trúc di truyền giữa các nhóm mẫu nghiên cứu. Hệ số tương đồng di truyền dao động khoảng 70% - 94% chứng tỏ các mẫu có mức độ tương đồng khá cao nhưng vẫn tồn tại sự phân hóa di truyền nhất định giữa các loài cá chốt. Các mẫu thuộc cùng một loài có xu hướng tập hợp thành cùng một nhánh thể hiện mức độ đồng nhất di truyền lớn giữa các cá thể trong cùng nội bộ loài. Kết quả này phù hợp với nghiên cứu của Yeesin et al. (2021) trên bốn loài cá thuộc giống Mystus ở Thái Lan. Nghiên cứu của Yeesin et al. (2021) đã ghi nhận các loài trong họ *Bagridae* có sự khác biệt rõ về đặc điểm nhiễm sắc thể và cấu trúc bộ gen, mặc dù giữa chúng vẫn tồn tại một số đặc điểm hình thái tương đồng. Các tác giả nhận định rằng sự biến đổi về karyotype phản ánh quá trình phân hóa di truyền và tiến hóa giữa các loài cá da trơn thuộc họ *Bagridae*. Khoảng cách giữa các cụm loài cũng thể hiện sự khác biệt di truyền giữa các loài cá chốt trong nghiên cứu.

Nhóm cá chốt sọc (SC1, SC2, SC3, SC4, SA) tập trung thành một cụm riêng với hệ số tương đồng khoảng 82%. Hai mẫu SC3 và SC4 có mức tương đồng cao nhất, gần 92%, chỉ ra hai mẫu này có quan hệ di truyền rất gần. Mẫu cá chốt sọc SA (An Giang) vẫn nằm cùng cụm với các mẫu SC (Cần Thơ). Các mẫu cá chốt sọc thu thập tại Cần Thơ và An Giang

trong nghiên cứu này biểu hiện mức độ tương đồng di truyền tương đối cao.

Nhóm cá chốt trắng bao gồm các mẫu TC1, TC4, TC5, TC6 được phân nhóm với hệ số tương đồng khoảng 84,5%. Hai mẫu TC4 và TC5 có hệ số tương đồng cao nhất khoảng 93%. Đặc điểm này thể hiện các mẫu cá chốt trắng được phân tích có mức độ tương đồng di truyền khá cao hoặc chịu tác động của điều kiện môi trường tương tự.

Nhóm cá chốt xám gồm các mẫu XC1, XC3, XC4, XC5 và XC6 tạo thành một cụm ở mức tương đồng khoảng 87,2%. Mức tương đồng cao nhất của cả giản đồ là ở hai mẫu XC3 và XC4 lên tới 94%. Sự tập trung của các mẫu cho thấy nhóm cá chốt xám được khảo sát có mức độ tương đồng di truyền lớn.

Hai mẫu cá chốt cờ CT2 và CT3 được xếp chung vào một nhánh với hệ số tương đồng khoảng 82,5%. Số lượng mẫu này tuy không nhiều nhưng kết quả vẫn thể hiện mối quan hệ di truyền gần gũi giữa hai cá thể.

Nhóm cá chốt bông (BC1, BC2, BC3, BA1, BA2) được gom thành cùng một cụm với hệ số tương đồng khoảng 87,2%. Đáng chú ý, một số mẫu ở Cần Thơ và An Giang vẫn nằm gần nhau trên giản đồ, cho thấy khoảng cách địa lý chưa tạo ra sự phân hóa di truyền rõ rệt trong loài này, xu hướng này tương tự với nghiên cứu của Kundu et al. (2019) trên *Mystus prabini*, khi phân tích trình tự COI cho thấy các cá thể cùng loài từ nhiều địa điểm khác nhau vẫn gom thành một nhánh riêng biệt và có khoảng cách di truyền thấp trong nội bộ loài. Tác giả cho rằng hiện tượng này phản ánh nguồn gốc tiến hóa chung gần đây hoặc còn duy trì dòng gen giữa các quần thể thông qua hệ thống sông liên thông.

Nhóm cá chốt giấy gồm các mẫu GC1, GC2, GC3, GA1 và GA2 tạo thành cụm riêng với hệ số tương đồng khoảng 80%. Nhóm này so với các nhóm còn lại nằm tách biệt hơn trên giản đồ; các mẫu trong nội bộ nhóm vẫn có hệ số tương đồng cao. Tuy nhiên, mẫu GC1 phân tách xa và chỉ liên kết với các nhóm còn lại ở mức khoảng 0,70, điều này chỉ ra rằng có sự sai khác di truyền đáng kể của GC1 so với các mẫu cá chốt giấy khác

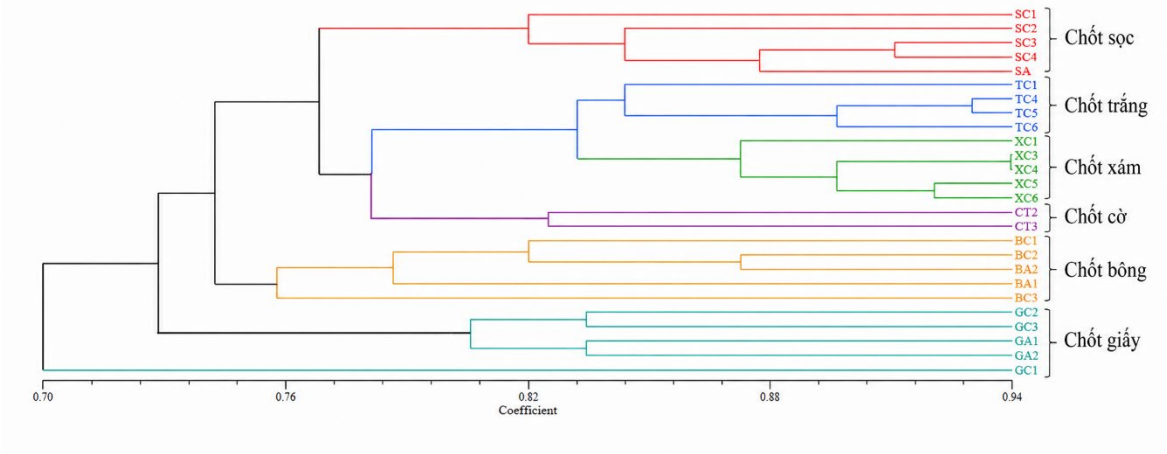
Giản đồ cũng cho thấy một số loài có khoảng cách di truyền khá gần nhau. Nhóm cá chốt trắng, cá chốt xám và cá chốt cờ nằm trên các nhánh gần nhau, chứng tỏ khả năng tồn tại sự tương đồng di truyền hoặc có thể phản ánh nguồn gốc tiến hóa gần với một số loài cá chốt khác trong nghiên cứu. Vấn đề này thường gặp ở các loài thuộc họ *Bagridae* do nhiều loài có sự phân hóa hình thái chưa lớn nhưng vẫn duy trì mức độ tương đồng cao ở cấp phân tử. Sự phân tách chưa hoàn toàn giữa một số nhóm mẫu phân tích có thể liên quan đến mức độ tương đồng di truyền còn cao giữa các loài. Hiện tượng các loài gần nhau về phân loại học khó tách biệt hoàn toàn trên cây phả hệ cũng từng được ghi nhận ở nghiên cứu khác cùng về nhóm cá da trơn thuộc chi *Mystus* như trong nghiên cứu hệ gen ty thể của *Mystus gulio* cho thấy loài này có quan hệ gần với *Mystus cavasius*, phản ánh sự gần gũi tiến hóa trong cùng chi (Hoang et al., 2023). Sự đa dạng di truyền trong nghiên cứu này chủ yếu biểu hiện giữa các loài, trong khi sai khác trong cùng loài giữa các địa phương thu mẫu chưa biểu hiện rõ ràng.

Nhìn chung, giản đồ phản ánh dấu phân tử ISSR có khả năng phân biệt tốt các loài cá chốt và thể hiện mức độ đa dạng di truyền tồn tại chủ yếu giữa các loài hơn là giữa các quần thể địa lý trong cùng loài tương tự như kết quả nghiên cứu của Wang et al. (2024) trên *Pseudobagrus vachellii* phản ánh các thế hệ chọn giống liên tiếp có xu hướng giảm đa dạng di truyền và tăng mức độ tương đồng giữa các cá thể. Kết quả này biểu hiện rằng nếu quần thể cá chốt ngoài tự nhiên bị suy giảm hoặc chịu áp lực khai thác kéo dài thì mức độ đa dạng di truyền có thể tiếp tục giảm trong tương lai.

Biểu đồ PCoA phân tích mối quan hệ di truyền của 6 loài cá chốt bằng mồi ISSR được thể hiện trong Hình 3.

Trục tọa độ chính thứ nhất (PCoA1) và thứ hai (PCoA2) lần lượt giải thích 16,5% và 11,6% mức biến thiên di truyền giữa các mẫu, với tổng tỷ lệ giải thích đạt 28,1%. Kết quả này cho thấy hai trục đầu mô tả được một phần sự khác biệt di truyền giữa các mẫu cá chốt, tuy nhiên phần lớn biến thiên di truyền vẫn phân bố ở các trục tọa độ khác.

Các mẫu cá chốt được phân nhóm theo loài tương đối rõ rệt. Các mẫu cá chốt trắng ở Cần Thơ phân bố chủ yếu ở phía bên phải đồ thị và hình thành một cụm tương đối rộng với vùng elip lớn. Đặc điểm này thể hiện mức độ khác biệt di truyền nội nhóm khá cao. Nghiên cứu của Jaisuk et al. (2024) trên *Mystus gulio* sử dụng chỉ thị microsatellite cũng ghi nhận quần thể nuôi duy trì mức biến dị di truyền cao giữa các cá thể chung loài.



Hình 2. Giản đồ phân nhóm thể hiện mối tương quan di truyền giữa các mẫu cá chốt bằng 6 mồi ISSR

Ghi chú: SC, SA. Cá chốt sọc; BC, BA. Cá chốt bông; GC, GA. Cá chốt giấy; TC. Cá chốt trắng; CT. Cá chốt cờ; XC. Cá chốt xám (Cần Thơ)

Nhóm cá chốt xám Cần Thơ hình thành một cụm riêng ở khu vực giữa phía dưới của đồ thị. Khoảng cách giữa nhóm cá chốt xám với nhóm cá chốt sọc và cá chốt giấy thể hiện sự phân hóa di truyền nhất định giữa các loài.

Các mẫu cá chốt sọc Cần Thơ và An Giang tập trung ở phía dưới bên trái biểu đồ và tạo thành nhóm tách biệt tương đối rõ. Các mẫu trong nhóm nằm khá gần nhau và biểu hiện mức độ tương đồng di truyền cao.

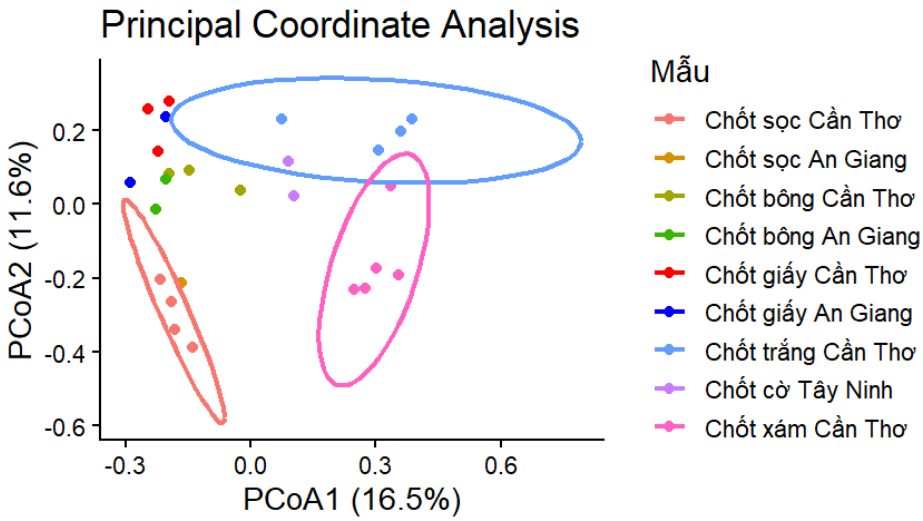
Các mẫu cá chốt bông Cần Thơ và An Giang phân bố gần khu vực trung tâm bên trái và có sự chồng lấp nhất định. Đặc điểm trên phản ánh sự khác biệt di truyền các mẫu thu thập tại hai địa điểm này không lớn, mối quan hệ di truyền giữa các mẫu cùng loài sử dụng trong nghiên cứu cũng tương đối gần.

Hai nhóm cá chốt giấy Cần Thơ và cá chốt giấy An Giang phân bố gần nhau ở phía trên bên trái biểu đồ. Các mẫu cá chốt bông cũng nằm gần vùng này và không tách biệt hoàn toàn. Sự phân bố gần nhau trên biểu đồ PCoA biểu hiện mức độ khác biệt trong di truyền thấp hơn so với các nhóm nằm cách xa nhau như cá chốt trắng hoặc cá chốt xám. Tuy nhiên, các mẫu cá chốt giấy và cá chốt bông vẫn hình thành các cụm tương đối độc lập dù nằm gần nhau. Kết quả này chứng minh giữa hai nhóm vẫn tồn tại khác biệt di truyền nhất định và đủ để phân biệt thành các cụm riêng trên biểu đồ PCoA. Trong nghiên cứu của Mai và Yên (2022) trên cá tra dầu (*Pangasius macronema*), việc sử dụng chỉ thị ISSR cũng ghi nhận hiện tượng giao thoa giữa các quần thể trên biểu đồ PCoA do dòng gen hoặc do mức độ khác biệt di truyền chưa đủ lớn để tạo thành các cụm hoàn toàn tách biệt.

Trong khi đó, cá chốt cờ ở Tây Ninh (CT) nằm gần vùng trung tâm và có sự xen lẫn một phần với nhóm cá chốt trắng trên đồ thị PCoA. Hai loài có thể có quan hệ di truyền tương đối gần hoặc cùng chia sẻ một số đặc điểm di truyền tương đồng được phát hiện bởi chỉ thị ISSR.

Nhìn chung, kết quả PCoA cho thấy các mẫu chủ yếu phân nhóm theo loài hơn là theo địa lý thu mẫu, chứng tỏ yếu tố loài đóng vai trò quan trọng hơn trong sự hình thành khác biệt di truyền. Đồng thời, sự tập trung của các cá thể trong cùng nhóm cũng cho thấy dữ liệu ISSR có độ tin cậy cao trong đánh giá đa dạng và quan hệ di truyền giữa các loài cá chốt.

Trong nghiên cứu này, bộ mẫu đại diện cho sáu loài cá chốt được thu thập tại ba địa phương đã được sử dụng nhằm đánh giá bước đầu đặc điểm đa dạng di truyền bằng chỉ thị ISSR. Số lượng cá thể ở một số loài còn hạn chế và một số mẫu không được đưa vào các phân tích tiếp theo do chất lượng khuếch đại PCR chưa đáp ứng yêu cầu. Vì vậy, mức độ biến dị được ghi nhận có thể chưa phản ánh đầy đủ sự đa dạng di truyền của các quần thể ngoài tự nhiên. Kết quả thu được chủ yếu cung cấp thông tin cho nhóm mẫu được khảo sát và cần được kiểm chứng thêm bằng các nghiên cứu có quy mô lấy mẫu lớn hơn, phạm vi phân bố rộng hơn cũng như kết hợp với các chỉ thị phân tử khác để tăng độ tin cậy của các kết luận.



Hình 3. Biểu đồ PCoA thể hiện mối quan hệ di truyền giữa các loài cá chốt bằng 6 mồi ISSR

4. KẾT LUẬN

Kết quả nghiên cứu đã giúp khẳng định chỉ thị ISSR là công cụ phù hợp và hiệu quả trong đánh giá đa dạng di truyền và xác định mối quan hệ di truyền giữa các loài cá chốt thuộc họ *Bagridae*. Kết quả phân tích bước đầu cho thấy mức độ đa dạng di truyền của các loài cá chốt ở mức trung bình. Trong phạm vi số lượng mẫu và khu vực khảo sát của nghiên cứu này, chưa ghi nhận sự khác biệt di truyền rõ rệt giữa các cá thể cùng loài ở các địa điểm thu mẫu khác nhau. Kết quả trên phản ánh đặc điểm sinh học và khả năng trao đổi nguồn gen giữa các nhóm cá chốt trong khu vực nghiên cứu.

Kết quả của nghiên cứu góp phần cung cấp cơ sở khoa học cho việc phân loại chính xác các loài cá chốt, đồng thời hỗ trợ định hướng trong công tác bảo tồn và quản lý nguồn lợi thủy sản trong bối cảnh suy giảm đa dạng sinh học.

Trong các nghiên cứu tiếp theo, phạm vi và quy mô lấy mẫu cần được mở rộng ở nhiều khu vực khác nhau để đánh giá toàn diện hơn về cấu trúc di truyền. Đồng thời, việc kết hợp thêm các chỉ thị phân tử khác có độ phân giải cao hơn cũng cần được tiến hành nhằm tăng độ chính xác trong phân tích.

LỜI CẢM TẠ

Nghiên cứu này được tài trợ bởi Đại học Cần Thơ, Mã số: CTCS2024-15-03.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

AlSaqufi, A. S., & Hassanien, H. A. (2020). Analysis of genetic diversity in Arabian carpet shark *Chiloscyllium arabicum* from the Saudi waters of the Arabian Gulf. *Fresenius Environmental Bulletin*, *29*(12A), 11598–11605

Desjardins, P., & Conklin, D. (2010). NanoDrop microvolume quantitation of nucleic acids. *Journal of Visualized Experiments*, (45), e2565. https://doi.org/10.3791/2565

Định, T. Đ., Shibukawa, K., Phương, N. T., Hùng, H. P., Lợi, T. X., Hiếu, M. V., & Utsugi, K. (2013). *Mô tả định loại cá Đồng bằng sông Cửu Long, Việt Nam Fishes of the Mekong Delta, Vietnam.* Nhà xuất bản Đại học Cần Thơ.

Fricke, R., Eschmeyer, W. N., & Van, D. L. R. (2024). *Eschmeyer's catalog of genera, species, references*. http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcat

Nguyen, H. D., Vu, M. T., & Do, H. D. K. (2023). The complete mitochondrial genome of *Mystus gulio* Hamilton (Siluriformes: Bagridae) and its phylogenetic implication. *Mitochondrial DNA Part B*, *8*(3), 439–442. https://doi.org/10.1080/23802359.2023.2192311

Huang, L., Zhang, G., Zhang, Y., Li, X., Luo, Z., Liu, W., Luo, F., Liu, H., Yin, S., Jiang, J., Liang, X., & Cao, Q. (2023). Profiling Genetic Breeding Progress in Bagrid Catfishes. *Fishes*, *8*(8), 426. https://doi.org/10.3390/fishes8080426

Jaisuk, C., Nithirojpakdee, P., Kiriyakit, A., Suwannaket, K., Srisakda, P., & Sirirak, K. (2024). Genetic variation of long-whiskered catfish (*Mystus gulio*) population using

microsatellite DNA for hatchery broodstock management. *Recent Science and Technology*, *17*(1), 257917.

Kuang, T., Shuai, F., Li, X., Chen, W., & Lek, S. (2021). Genetic diversity and population structure of Hemibagrus guttatus (Bagridae, Siluriformes) in the larger subtropical Pearl River based on COI and Cyt b genes analysis. *International Journal of Limnology*, 57, 7. https://doi.org/10.1051/limn/2021005

Kumla S., Doolgindachbaporn S., Sudmoon R., & Sattayasai N. (2012). Genetic variation, population structure and identification of yellow catfish, Mystus nemurus (C&V) in Thailand using RAPD, ISSR and SCAR marker. *Molecular Biology Report, 39*, 501-510

Kundu, S., Kumar, V., Tyagi, K., & Chandra, K. (2019). Further specimens and phylogenetic position of the recently described catfish species *Mystus prabini* (Siluriformes: Bagridae). *FishTaxa*, *12*, 140–144.

Lucena-Aguilar, G., Sánchez-López, A. M., Barberán-Aceituno, C., Carrillo-Ávila, J. A., López-Guerrero, J. A., & Aguilar-Quesada, R. (2016). DNA source selection for downstream applications based on DNA quality indicators analysis. *BioMed Research International*, 2016, 1–14. https://doi.org/10.1155/2016/7143634

Mai, N. L. T., & Yên, D. T. (2022). Genetic diversity of the migratory Mekong endemic catfish species *Pangasius macronema* populating along the Hau and Tien Rivers. *VNUHCM Journal of Science and Technology Development*, *25*(1), 2314–2321.

Monpara, J., Chudasama, K., & Thaker, V. (2017). ISSR studies on small and large seed varieties of *Glycine max*. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, *6*(6), 1652–1656.

Ng, H. H., & Kottelat, M. (2013). Revision of the Asian bagrid catfishes. *Ichthyological Exploration of Freshwaters*, *24*(2), 97–164.

Vitorino, C. A., Oliveira, R. C. C., Margarido, V. P., & Venere, P. C. (2015). Genetic diversity of *Arapaima gigas* (Schinz, 1822) (Osteoglossiformes: Arapaimidae) in the Araguaia-Tocantins basin estimated by ISSR marker. *Neotropical Ichthyology*, *13*(3), 557–568. https://doi.org/10.1590/1982-0224-20150037

Yeesin, P., Buasriyot, P., Ditcharoen, S., Chaiyasan, P., Suwannapoom, C., Juntaree, S., Jantarat, S., Talumphai, S., Cioffi, M. de B., Liehr, T., Tanomtong, A., & Supiwong, W. (2021). Comparative study of four *Mystus* species (Bagridae, Siluriformes) from Thailand: Insights into their karyotypic diversity. *Comparative Cytogenetics*, *15*(2), 119–136. https://doi.org/10.3897/CompCytogen.v15.i2.60649

Yên, D. T., Định, T. Đ., & Trân, N. T. N. (2020). Đa dạng di truyền của cá rô biển (*Pristolepis fasciata* Bleeker, 1851) ở Đồng bằng sông Cửu Long. *Tạp chí Khoa học Đại học Cần Thơ*, *56* (CĐ Thủy sản), 200–206. https://doi.org/10.22144/ctu.jsi.2020.023

Wang, H., Duan, G., & Zhou, H. (2024). Genetic diversity of three consecutive selective breeding generations in *Pseudobagrus vachellii* (Actinopterygii: Siluriformes: Bagridae). *Acta Ichthyologica et Piscatoria*, *54*, 13–20. https://doi.org/10.3897/aiep.54.105627

Peng, Y., Nafee-Ul, A., Liu, M., He, Q., & Liang, Z. (2023). Assessment of genetic diversity in *Bupleurum* spp. basing agronomic traits, medicinal components and ISSR markers. *Genes*, *14*(4), 951. https://doi.org/10.3390/genes14040951