



ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA CÁ RÔ BIỂN (*Pristolepis fasciata* Bleeker, 1851) Ở ĐỒNG BẰNG SÔNG CỬU LONG

Dương Thúy Yên*, Nguyễn Thị Ngọc Trân và Trần Đắc Định

Khoa Thủy Sản, Trường Đại học Cần Thơ

*Người chịu trách nhiệm về bài viết: Dương Thúy Yên (email: thuyyen@ctu.edu.vn)

Thông tin chung:

Ngày nhận bài: 21/10/2019

Ngày nhận bài sửa: 08/01/2020

Ngày duyệt đăng: 23/04/2020

Title:

Genetic diversity of of Malayan leaffish (*Pristolepis fasciata* Bleeker, 1851) in the Mekong Delta

Từ khóa:

Cá rô biển, đa dạng di truyền, ISSR, *Pristolepis fasciata*

Keywords:

ISSR, genetic diversity, Malayan leaffish, *Pristolepis fasciata*

ABSTRACT

This research was aimed to evaluate levels of genetic diversity and differences among populations of Malayan leaffish in the Mekong Delta. Fish samples were collected from three locations representing two types of habitats, including wetland conservation areas (Lang Sen-Long An and U Minh Ha-Ca Mau) and inland water bodies in Hậu Giang. Six inter-simple sequence repeats (ISSR) markers were used to amplify 95 samples. Results showed that 56 bands (5 to 12 bands per marker) were yielded with the polymorphic rate (P , %) of 86.9% and expected heterozygosity (H_e) of 0.250. Long An population ($n=33$) had the highest genetic diversity parameters ($P = 98.2\%$; $H_e=0.289$), which were not significantly different ($P>0.05$) from those of the other two populations in Ca Mau ($n=30$; $P=80.4\%$; $H_e=0.239$) and Hau Giang ($n=32$; $P=80.4\%$; $H_e=0.245$). The three populations had high levels of genetic identity and a large number of migrant per generation ($Nm=9.3$). Analyses of Nei's genetic distance and phylogenetic tree indicated Ca Mau and Hau Giang had a genetically closed relationship, smaller than those between these two populations and Long An population.

TÓM TẮT

Nghiên cứu nhằm đánh giá mức độ đa dạng di truyền và sự khác biệt di truyền của các quần thể cá rô biển ở Đồng bằng sông Cửu Long. Cá được thu ở ba nơi đại diện cho hai môi trường phân bố: vùng trũng khu bảo tồn (Láng Sen-Long An và U Minh Hạ-Cà Mau) và vùng nội đồng Hậu Giang. Sáu chỉ thị Inter-simple sequence repeats (ISSR) được dùng để khuếch đại 95 mẫu. Kết quả thu được 56 vạch (dao động từ 5 đến 12 vạch cho mỗi chỉ thị) với tỉ lệ đa hình (P , %) chung là 86,9% và tỉ lệ dị hợp mong đợi (H_e) là 0,250. Quần thể cá rô biển ở Long An ($n=33$) có sự đa dạng di truyền cao nhất ($P = 98,2\%$; $H_e=0,289$) nhưng khác biệt không có ý nghĩa thống kê ($P>0,05$) so với 2 quần thể Cà Mau ($n=30$; $P=80,4\%$; $H_e=0,239$) và Hậu Giang ($n=32$; $P=80,4\%$; $H_e=0,245$). Ba quần thể có mức độ tương đồng di truyền cao (từ 0,968 đến 0,984) và có sự trao đổi gen lớn ($Nm=9,3$). Phân tích khoảng cách di truyền Nei's và cây di truyền cho thấy hai quần thể Cà Mau và Hậu Giang có khoảng cách di truyền gần hơn so với khoảng cách hai quần thể này với quần thể cá Long An.

Trích dẫn: Dương Thúy Yên, Nguyễn Thị Ngọc Trân và Trần Đắc Định, 2020. Đa dạng di truyền của cá rô biển (*Pristolepis fasciata* Bleeker, 1851) ở Đồng bằng sông Cửu Long. Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ. 56(Số chuyên đề: Thủy sản)(1): 200-206.

1 GIỚI THIỆU

Cá rô biển (*Pristolepis fasciata* Bleeker, 1851) là loài cá bản địa Châu Á, phân bố từ Ấn Độ đến một số nước Đông Nam Á gồm Myanmar, Lào, Thái Lan, Campuchia, một phần Malaysia và Indonesia (Abraham, 2011). Theo Duangsawasdi (1989) và Kottelat (1998) (được trích bởi Froese and Pauly, 2018), cá rô biển thường sống ở nhiều loại hình thủy vực như ao hồ nước tĩnh, sông/kênh nước chảy hay vùng trũng ngập nước. Ở Việt Nam, cá rô biển sống chủ yếu ở vùng trung lưu sông Đồng Nai, sông Sài Gòn và vùng Đồng bằng sông Cửu Long (ĐBSCL) (Mai Đình Yên và *ctv*, 1992; Trương Thủ Khoa và Trần Thị Thu Hương, 1993). Cá có đặc điểm di cư theo mùa lũ từ sông Mekong vào các vùng bị ngập và sau đó trở về sông vào mùa khô. Chính đặc điểm này giúp cho sự trao đổi gen của cá giữa các vùng khác nhau (sinh sản giữa các cá thể có nguồn gốc từ các nơi khác nhau). Trao đổi gen là nguồn cung cấp gen mới, giúp làm tăng sự đa dạng di truyền của một quần thể hay một loài (Allendorf and Luikart, 2007).

Đến nay, những nghiên cứu về cá rô biển nói chung và nghiên cứu về di truyền của loài cá này nói riêng còn hạn chế. Những thông tin ban đầu là về phân loại, đặc điểm hình thái, thành phần loài giống *Pristolepis* và sự phân bố (Trương Thủ Khoa và Trần Thị Thu Hương, 1993; Rainboth, 1996; Froese and Pauly, 2018). Gần đây, ở cá rô biển đã được nghiên cứu cho sinh sản nhân tạo thành công (Phan Phương Loan, 2016), nhưng phong trào nuôi chưa được phát triển. Nguồn cung cấp cá cho nhu cầu thực phẩm chủ yếu từ tự nhiên. Theo đánh giá của Liên minh Bảo tồn Thiên nhiên Quốc tế (IUCN) về các mức độ nguy cấp của một loài thì cá rô biển thuộc mức “ít quan tâm” (least concern) ở phạm vi thế giới (Abraham, 2011). Tuy nhiên, đánh giá này công bố từ năm 2011, có thể không đúng với thực trạng của loài hiện nay ở ĐBSCL, nguồn lợi cá rô biển tự nhiên đối diện với nhiều nguy cơ suy giảm nghiêm trọng do khai thác quá mức, môi trường sống bị chia cắt, ô nhiễm,.... Khi nguồn lợi suy giảm có thể làm giảm đa dạng di truyền và từ đó làm giảm khả năng thích ứng của loài với sự thay đổi của môi trường (Allendorf and Luikart, 2007; Blomqvist *et al.*, 2010). Để có những định hướng trong quản lý nguồn lợi, nghiên cứu về đa dạng di truyền của cá rô biển là rất cần thiết.

Mục tiêu của nghiên cứu nhằm đánh giá mức độ đa dạng di truyền của cá rô biển ở các môi trường phân bố khác nhau và sự khác biệt di truyền giữa các quần thể dựa trên chỉ thị phân tử inter-simple sequence repeats (ISSR).

2 PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1 Thu mẫu cá

Cá rô biển tự nhiên được thu từ 3 khu vực (quần thể): Khu bảo tồn đất ngập nước Láng Sen (tỉnh Long An), Khu bảo tồn U Minh Hạ (tỉnh Cà Mau) – hai nơi đại diện cho môi trường vùng ngập nước – và ở Hậu Giang, đại diện cho vùng sông/kênh nội đồng. Mẫu cá được định danh bằng phương pháp hình thái và được thu mẫu vi đuôi (0,1 – 0,2g) để phân tích di truyền. Mẫu vi được giữ trong ống tube 1,5 ml chứa ethanol 95%.

2.2 Phương pháp phân tích đa dạng di truyền

Đa dạng di truyền của các quần thể cá rô biển được đánh giá dựa trên chỉ thị ISSR. Các bước phân tích gồm: ly trích DNA, khuếch đại gen (Polymerase reaction chain, PCR), điện di và phân tích kết quả.

2.2.1 Phương pháp ly trích DNA

Phương pháp phenol - chloroform (Taggart *et al.*, 1992) có hiệu chỉnh (Đương Thúy Yên, 2014) được áp dụng để ly trích DNA. Các bước chính trong qui trình phân tích như sau: ủ mẫu trong 650 μ L dung dịch ly trích và 10 μ L proteinase K (20mg/mL) ở 60°C; loại bỏ protein và các chất khác ra khỏi DNA bằng dung dịch Chloroform : Isoamyl alcohol (24 : 1) và Phenol : Chloroform : Isoamyl (25 : 24 : 1); kết tủa DNA bằng 600 μ L Ethanol 100% lạnh trong 1 giờ; thu hồi DNA bằng ly tâm (12.000 vòng/phút trong 10 phút ở 4°C) và rửa DNA kết tủa với Ethanol (ethanol 70% trong 2 lần và 100% cho lần cuối). Sau khi được phơi khô ở nhiệt độ phòng, DNA được hòa tan với dung dịch TE và bảo quản ở -20°C.

2.2.2 Phương pháp PCR với các môi ISSR

Đầu tiên, hai cá thể của mỗi quần thể được lấy ngẫu nhiên để thực hiện phản ứng khuếch đại (PCR) sàng lọc môi. Những môi cho vạch PCR rõ và đa hình được chọn để tiếp tục khuếch đại trên tất cả cá thể của các quần thể nghiên cứu. Kết quả sàng lọc đã tìm được 6 môi ISSR dùng cho phân tích đa dạng di truyền của cá rô biển (Bảng 1).

Bảng 1: Trình tự và nhiệt độ gắn mồi của sáu loại mồi ISSR trong nghiên cứu

Tên mồi	Trình tự (5' – 3')	Số lượng nucleotide	Nhiệt độ gắn mồi	Nguồn tham khảo
ISSR11	[CAC] ₃ GC	11	44°C	Sharma <i>et al.</i> (2011)
Chiu-SSR1	[GGAC] ₃ A	13	46°C	Pazza <i>et al.</i> (2007)
844B	[CT] ₈ GC	18	44°C	Paterson <i>et al.</i> (2009)
HB10	[GTG] ₅ GC	14	44°C	
17898A	[CA] ₆ AC	14	48°C	Paterson <i>et al.</i> (2009);
17899A	[CA] ₆ AG	14	48°C	Wolfe <i>et al.</i> (1998)

Phản ứng PCR được thực hiện trong tổng thể tích 10 µL hỗn hợp gồm 5 µL Master Mix Promega (trong đó có chứa Taq DNA polymerase trong dung dịch đệm có pH 8,5; 400 µM dNTPs và 3mM MgCl₂), 0,4 µL mồi (10 µM), 1 µL DNA và 3,6 µL nước cất tiệt trùng. Chu kỳ nhiệt bao gồm (i) một chu kỳ biến tính đầu tiên ở 94°C trong 2 phút; (ii) 35 chu kỳ gồm biến tính ở 94°C trong 30 giây, gắn mồi ở nhiệt độ từ 44°C đến 48°C (tùy mồi như trong Bảng 1) trong 45 giây và nối dài ở 72 °C trong 1 phút 30 giây; và (iii) một chu kỳ nối dài cuối cùng ở 72 °C trong 10 phút.

2.2.3 Điện di và đọc kết quả ISSR

Kết quả PCR được kiểm tra bằng điện di trên gel agarose với nồng độ 1,2%. Trên mỗi gel đều có mẫu từ ba quần thể nghiên cứu. Ở mỗi mẫu PCR, lấy 5 µL sản phẩm hòa trộn với 2,5 µL loading dye và đưa vào giếng gel. Điện di được thực hiện ở dòng điện 50V trong 75 - 90 phút. Sau đó, gel được nhuộm trong Ethidium bromide (0,5 µg/mL) khoảng 15 phút và được chụp hình qua máy chụp gel (hiệu ETX-20.C, BioTech-Tây Ban Nha).

Kích thước của các vạch điện di được xác định dựa vào thang 1 kb DNA chuẩn với vạch từ 100 đến 10.000 bp (ABM, Canada). Những mẫu xuất hiện vạch được mã hóa là 1, mẫu không xuất hiện vạch tại vị trí tương ứng là 0. Kết quả đọc gel được thực hiện độc lập bởi hai người và sau đó kiểm tra chéo. Những kết quả không trùng nhau hoặc không rõ được điện di lại và thống nhất.

2.2.4 Phương pháp xử lý số liệu

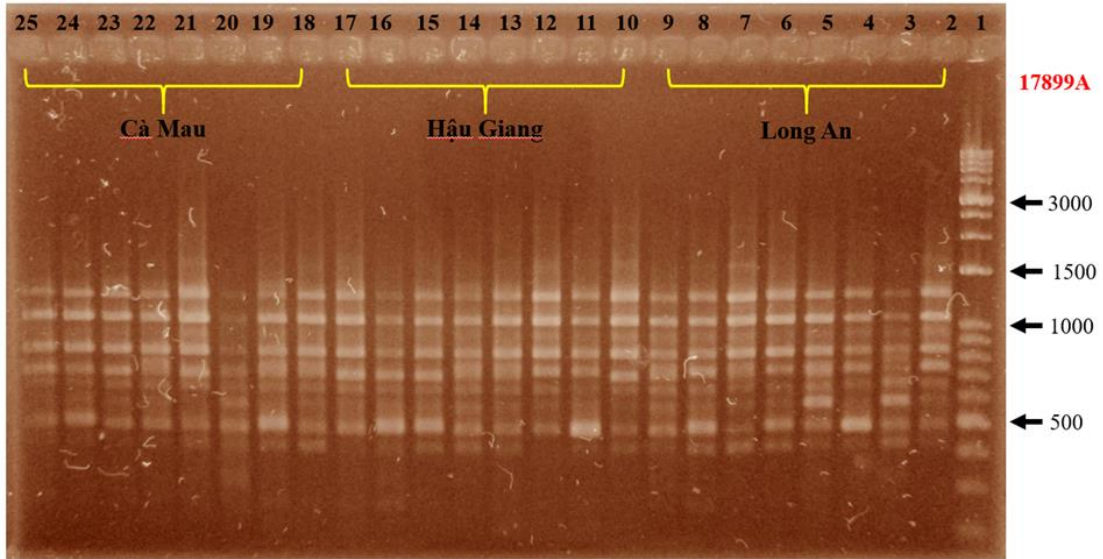
Số liệu ISSR có dạng nhị phân (có một trong hai giá trị 0 và 1) và được xử lý bằng các chương trình GenAIEx 6,5 (Peakall and Smonse, 2012), Popgene 1.3 (Yeh *et al.*, 1999) và MEGA 6.0 (Tamura *et al.*, 2013). Chương trình GenAIEx 6,5 được dùng để ước lượng các thông số di truyền như tỉ lệ gene đa hình (% P), số lượng alen hiệu quả (ne), tỉ lệ dị hợp

mong đợi không lệch (uHe), chỉ số Shannon. Giá trị trung bình của các thông số đa dạng di truyền được so sánh giữa các quần thể thông qua phương pháp ANOVA và phép thử Duncan ở mức ý nghĩa 5%, được thực hiện trên chương trình SPSS. Sự khác biệt di truyền giữa các quần thể được đánh giá thông qua giá trị Gst (sự khác biệt di truyền chung giữa các quần thể), số lượng cá di cư qua mỗi thế hệ (Nm), khoảng cách di truyền (Nei's Genetic distance) và mức độ tương đồng về di truyền (Genetic identity) (Nei, 1972). Các thông số này được tính bằng chương trình Popgene 1.3. Cây di truyền thể hiện mối quan hệ giữa các quần thể được tính dựa trên khoảng cách di truyền Nei's, theo phương pháp UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) và được vẽ bằng chương trình Popgene 1.3 và MEGA 6.0.

3 KẾT QUẢ

3.1 Đa dạng di truyền của cá rô biển

Phân tích 6 chỉ thị (mồi) ISSR trên ba quần thể cá rô biển cho kết quả 56 vạch, trong đó tỉ lệ gen đa hình chiếm 86,9% (Bảng 2). Số vạch dao động từ 5 đến 12 cho mỗi chỉ thị (trung bình 9,3 ± 2,3). Hình 1 thể hiện một phân kết quả điện di của chỉ thị 17899A trên một số mẫu cá rô biển. Chỉ thị này có 10 vạch đa hình. Quần thể cá rô biển ở Láng Sen (n=33) có sự đa dạng di truyền cao nhất so với 2 quần thể còn lại, thể hiện qua các thông số đa dạng di truyền ở Bảng 2. Tỉ lệ gen đa hình, tỉ lệ gen dị hợp và chỉ số Shannon ở quần thể cá Long An lần lượt là 98,2%, 0,289 và 0,435 so với quần thể cá Cà Mau có các thông số thấp nhất, tương ứng là 80,4%, 0,239 và 0,366. Tuy nhiên, sự khác biệt giữa ba quần thể không có ý nghĩa thống kê (tất cả đều có P > 0,1). Đánh giá chung ở cả ba quần thể cá rô biển cho thấy mức độ đa dạng di truyền của cá tương đối cao: tỉ lệ gen dị hợp và chỉ số Shannon trung bình đạt 0,258 và 0,391 (Bảng 2).



Hình 1: Các vạch đa hình khuếch đại từ chỉ thị 17899A cho một số mẫu cá rô biển

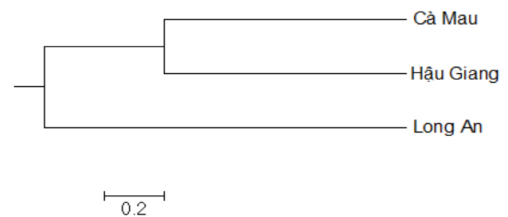
Bảng 2: Các thông số đa dạng di truyền (TB ± ĐLC) của các quần thể cá rô biển

Dòng cá	N	(% P)	Ne	uHe	I
Cà Mau	30	80,4%	1,375 (0,042)	0,239 (0,022)	0,366 (0,032)
Hậu Giang	32	80,4%	1,388 (0,044)	0,245 (0,023)	0,373 (0,032)
Long An	33	98,2%	1,474 (0,045)	0,289 (0,023)	0,435 (0,029)
Tổng	95	86,9%	1,412 (0,025)	0,258 (0,013)	0,391 (0,018)

(Ghi chú: N: số mẫu; %P: tỉ lệ gene đa hình; Na: số allele trung bình/locus; Ne: số allele hiệu quả; uHe: Tỉ lệ di hợp mống đợi; I: Chỉ số đa dạng Shannon)

3.2 Sự khác biệt di truyền giữa các quần thể của cá rô biển

Sự khác biệt di truyền thể hiện ở giá trị Gst, số lượng cá thể di cư qua mỗi thế hệ (Nm) và khoảng cách di truyền hoặc mức độ tương đồng giữa các quần thể. Giá trị Gst chung và Nm của cá rô biển lần lượt là 0,051 và 9,3. Ba quần thể cá rô biển có mức độ tương đồng cao (từ 0,968 đến 0,984) hay khoảng cách di truyền thấp (Bảng 3). Quần thể cá Long An khoảng cách di truyền với hai quần thể Cà Mau và Hậu Giang cao hơn so với giữa hai quần thể đó (Cà Mau - Hậu Giang). Mỗi quan hệ này được thể hiện qua cây di truyền (Hình 2), hai quần thể Cà Mau và Hậu Giang có khoảng cách di truyền gần, nằm cùng một nhánh, trong khi quần thể cá Long An ở nhánh riêng.



Hình 2: Cây di truyền theo phương pháp UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) của ba quần thể cá rô biển

Bảng 3: Mức độ tương đồng (dưới đường chéo) và khoảng cách di truyền (trên đường chéo) của ba quần thể cá rô biển

	Cà Mau	Hậu Giang	Long An
Cà Mau	-	0,016	0,023
Hậu Giang	0,984	-	0,026
Long An	0,978	0,968	-

Phân tích nguồn biến dị di truyền cho thấy nguồn biến dị chủ yếu từ sự khác biệt giữa các cá thể trong cùng một quần thể, chiếm 97%, trong khi đó, chỉ 3%

biến dị di truyền từ sự khác biệt giữa các quần thể (Bảng 4).

Bảng 4: Phân tích nguồn biến dị di truyền (AMOVA) của ba quần thể cá rô biển

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng sai số	Trung bình bình phương	Phương sai	Tỉ lệ (%)
Giữa các quần thể	2	40,9	20,5	0,34	3
Trong cùng quần thể	87	906,4	10,4	10,42	97
Tổng	89	947,3		10,75	100

4 THẢO LUẬN

Nghiên cứu đã ước lượng được mức độ khác biệt di truyền và đa dạng di truyền của các quần thể cá rô biển ở ĐBSCL. Khác biệt di truyền giữa các quần thể cá rô biển ở mức độ thấp thể hiện qua khoảng cách di truyền thấp (0,16 – 0,26), biến dị di truyền nhỏ giữa các quần thể (3%) và mức độ trao đổi gen lớn ($N_m = 9,3$). Sự trao đổi gen giữa các quần thể được xem là ở mức độ thấp khi $N_m < 1$ (Wright, 1931; trích bởi Mills and Allendorf, 1996; Vucetich and Waite, 2000). Khoảng cách di truyền và nguồn biến dị giữa các quần thể ở cá rô biển nhỏ hơn so với một số loài cá nước ngọt trong vùng ĐBSCL như cá hường *Helostoma temminckii* giá trị tương ứng là 0,03 – 0,102 và 17% (Dương Thúy Yên và ctv., 2018) hoặc ở cá rô đồng *Anabas testudineus* là 0,019 – 0,036 và 8% (Phạm Thị Trang Nhung và Dương Thúy Yên, 2014). Khác biệt di truyền thấp giữa các quần thể cá rô biển phù hợp với đặc điểm di cư của cá. Theo Sokheng et al. (1999, trích bởi Froese and Pauly, 2018), cá rô biển di cư hai chiều, vào mùa nước lũ, cá di cư từ sông Mekong vào các vùng ngập nước và di cư ngược trở lại sông vào đầu mùa khô. Ở ĐBSCL, mùa lũ thường từ tháng 6 đến tháng 11 và vùng chịu ảnh hưởng lũ chiếm 50% diện tích cả vùng (Huỳnh Minh Thiện và ctv., 2013). Như vậy, điều kiện tự nhiên này cùng với đặc điểm di cư của cá giải thích sự trao đổi gen lớn giữa các quần thể cá rô biển trong vùng.

Sự trao đổi gen cũng là yếu tố ảnh hưởng đến mức độ đa dạng di truyền của các quần thể (Allendorf and Luikart, 2007). Ở cá rô biển, sự trao đổi gen mạnh giữa các đàn cá một phần giúp cho đa dạng di truyền của mỗi quần thể ở mức tương đối cao. Cả ba quần thể rô biển đều có các thông số di truyền (Tỉ lệ gen đa hình: 80,4 – 98,2%; tỉ lệ gen dị hợp: 0,239 – 0,289 và chỉ số Shannon 0,366 – 0,435) cao hơn so với một số loài cá khác. Ở cá hường, trong bốn quần thể khảo sát, gồm: Long An (Láng Sen), Trà Vinh, Cần Thơ và Hậu Giang, có ba quần thể (trừ quần thể ở Hậu Giang) có tỉ lệ gen dị hợp $< 0,2$ (dao động 0,180 – 0,196) và chỉ số Shannon trong khoảng 0,269 – 0,321 (Dương Thúy Yên và ctv., 2018). Một số quần thể cá rô tự nhiên và cá nuôi

(cá rô “đầu vuông”) cũng có tỉ lệ dị hợp (trong khoảng 0,192 – 0,258) thấp hơn cá rô biển (Phạm Thị Trang Nhung và Dương Thúy Yên, 2014).

Mức độ đa dạng di truyền thường có tương quan thuận với kích cỡ (hay số lượng cá thể) quần thể (McCusker and Bentzen, 2010). Do đó, để duy trì sự đa dạng di truyền cần duy trì sự phong phú của loài. Mặc dù kết quả nghiên cứu này cho thấy cá rô biển có đa dạng di truyền cao nhưng nguồn lợi loài cá này được cho là đang suy giảm nghiêm trọng (Phan Phương Loan và ctv., 2014). Đối với những loài cá di cư theo mùa có mức độ đa dạng di truyền cao và khác biệt di truyền như cá rô biển, các biện pháp đảm bảo môi trường sống, đường di cư, giảm áp lực khai thác được xem là những giải pháp hữu hiệu trong quản lý nguồn lợi tự nhiên của những loài cá này (Dudgeon et al., 2006). Tuy nhiên, việc thực hiện những giải pháp trên không dễ dàng đối với các loài cá di cư trên sông Mekong, khi việc xây dựng đập trên thượng nguồn (ở các quốc gia khác nhau) ảnh hưởng đến đường di cư của cá (Baran and Myschowoda, 2009; Dudgeon, 2011), làm giảm lượng nước đáng kể đổ về vùng hạ lưu ĐBSCL. Hoạt động khai thác và các hoạt động khác của con người ảnh hưởng đến nguồn lợi thủy sản nói chung và cá rô biển nói riêng cũng khó được kiểm soát. Trước thực tế đó, việc duy trì nguồn lợi của cá ở trong các khu bảo tồn ở vùng ĐBSCL là rất quan trọng. Bên cạnh đó, việc sản xuất giống và ương nuôi thành công loài cá này cũng góp phần làm giảm áp lực khai thác nguồn lợi tự nhiên (Phan Phương Loan và ctv., 2014).

5 KẾT LUẬN - ĐỀ XUẤT

Ba quần thể cá rô biển ở hai môi trường vùng ngập nước khu bảo tồn và vùng nội đồng có đa dạng di truyền tương đương nhau và ở mức tương đối cao. Các quần thể có sự trao đổi gen lớn dẫn đến sự khác biệt di truyền nhỏ.

Hướng quản lý và duy trì sự đa dạng di truyền của cá rô biển nói riêng và một số loài cá nước ngọt di cư theo mùa lũ nói chung là phát huy vai trò lưu giữ nguồn gen cá trong các khu bảo tồn và đảm bảo đường di cư của cá.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được thực hiện từ nguồn kinh phí Dự án Nâng cấp Trường Đại học Cần Thơ VN14-P6, hỗ trợ bởi nguồn vốn vay ODA Nhật Bản. Nhóm tác giả chân thành cảm ơn sinh viên Võ Thị Ngọc Thuyền đã hỗ trợ thu và phân tích mẫu.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Abraham, R., 2011. *Pristolepis fasciata*. The IUCN Red List of Threatened Species 2011: e.T172329A6869190. Ngày truy cập: 05/09/2019. Địa chỉ <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2011-1.RLTS.T172329A6869190.en>.
- Allendorf, F.W., Luikart, G., 2007. Conservation and the Genetics of Populations, Blackwell Publishing, 642 pages.
- Baran, E., Myschowoda, C., 2009. Dams and fisheries in the Mekong Basin. *Aquat. Ecosyst. Heal. Manag.* 12: 227-234.
- Blomqvist, D., Pauliny, A., Larsson, M., Flodin, L.A., 2010. Trapped in the extinction vortex? Strong genetic effects in a declining vertebrate population. *BMC Evol. Biol.* 10, 33.
- Dudgeon, D., 2011. Asian river fishes in the Anthropocene: Threats and conservation challenges in an era of rapid environmental change. *J. Fish Biol.* 79: 1487-1524
- Dudgeon, D., Arthington, A.H., Gessner, M.O., et al., 2006. Freshwater biodiversity: importance, threats, status and conservation challenges. *Biol. Rev. Camb. Philos. Soc.* 81; 163-182.
- Dương Thúy Yên, 2014. So sánh trình tự một số gene mã vạch của cá rô đầu vuông và cá rô đồng tự nhiên (*Anabas testudineus* BLOCH, 1792). *Can Tho Univ. J. Sci.* 30: 29-36.
- Dương Thúy Yên, Trần Đắc Định, Tiêu Văn Út, Nguyễn Phương Thảo, 2018. Đa dạng di truyền của cá hường (*Helostoma temminckii*) ở Đồng bằng sông Cửu Long. *Can Tho Univ. J. Sci.* 54(7): 86-93
- Froese, R., Pauly, D., 2018. www.fishbase.org [WWW Document]. World Wide Web Electron. Publ.
- Huỳnh Minh Thiện, Văn Phạm Đăng Trí, Nguyễn Hiếu Trung, Huỳnh Vương Thu Minh, 2013. Tác động của việc phát triển hệ thống đê bao lên sản xuất lúa trên địa bàn tỉnh An Giang và động thái lũ trên hệ thống sông chính ở Đồng bằng sông Cửu Long. *Tạp chí khí tượng thủy văn*, 2: 35-40.
- Mai Đình Yên, Nguyễn Văn Trọng, Nguyễn Văn Thiện, Lê Hoàng Yến và Hứa Bạch Loan, 1992. Định loại các loài cá nước ngọt Nam Bộ. NXB Khoa học và kỹ thuật, 351 trang.
- McCusker, M.R., Bentzen, P., 2010. Positive relationships between genetic diversity and abundance in fishes. *Mol. Ecol.* 19: 4852-4862.
- Mills, L.S., Allendorf, F.W., 1996. The One-Migrant-per-Generation Rule in Conservation and Management. *Conserv. Biol.* 10: 1509-1518.
- Nei, M., 1972. Genetic distance between populations. *Am. Nat.* 106: 283-292.
- Paterson, I.D., Downie, D.A., Hill, M.P., 2009. Using molecular methods to determine the origin of weed populations of *Pereskia aculeata* in South Africa and its relevance to biological control. *Biol. Control* 48: 84-91.
- Pazza, R., Kavalco, K., Prioli, F., P. S.M.A.P., Jose, A., Bertollo, L.A.C., 2007. Chromosome polymorphism in *Astyanax fasciatus* (Teleostei, Characidae), Part 3: Analysis of the RAPD and ISSR molecular markers. *Biochem. Syst. Ecol.* 35: 843-851.
- Peakall, R., Smouse, P.E., 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics.* 28: 2537-2539.
- Phạm Thị Trang Nhung và Dương Thúy Yên, 2014. Đánh giá sự đa dạng di truyền của các dòng cá rô đồng (*Anabas testudineus*, Bloch 1792) bằng các chỉ thị phân tử RAPD và ISSR. *Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ*, 1: 101-108.
- Phan Phương Loan, 2016. Đặc điểm sinh học sinh sản và sử dụng Hormone trong sinh sản nhân tạo cá rô biển (*Pristolepis fasciata* Bleeker, 1851) : Luận án Tiến sĩ. Chuyên ngành Nuôi trồng thủy sản. Trường Đại học Cần Thơ, 178 trang.
- Phan Phương Loan, Phạm Thanh Liêm, Bùi Minh Tâm, 2014. Đặc điểm sinh học sinh sản của cá rô biển (*Pristolepis fasciata*). *Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ*, 2: 256-262.
- Rainboth, W.J., 1996. Fishes of the Cambodian Mekong, FAO species identification field guide for fishery purposes. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), Rome, Italy, 265 pages.
- Sharma, S.K., Kumaria, S., Tandon, P., and Rao, S.R., 2011. Single primer amplification reaction (SPAR) reveals inter- and intra-specific natural genetic variation in five species of *Cymbidium* (Orchidaceae). *Gene* 483: 54-62.
- Taggart, J.B., Hynes, R.A., Prodöuhl, P.A., Ferguson, A., 1992. A simplified protocol for routine total DNA isolation from salmonid fishes. *J. Fish Biol.* 40: 963-965.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipowski, A., Kumar, S., 2013. MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 30: 2725-2729.

- Trương Thủ Khoa và Trần Thị Thu Hương, 1993. Định loại các loài cá nước ngọt vùng Đồng Bằng Sông Cửu Long. Trường Đại học Cần Thơ, 361 trang.
- Vucetich, J.A., Waite, T.A., 2000. Is one migrant per generation sufficient for the genetic management of fluctuating populations? *Anim. Conserv.* 3: 261-266.

- Wolfe, A.D., Xiang, Q.Y., Kephart, S.R., 1998. Assessing hybridization in natural populations of. *Mol. Ecol.* 7: 1107-1125.
- Yeh, F., Yang, R., Boyle, T., 1999. Popgene version 1.3.1. Microsoft Window-based Freeware for Population Genetic Analysis. Univ. Alberta Cent. Int. For. Res. Edmonton, Alto. pp. 1-29.