

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN QUẦN ĐÀN CÁ VƯỢC (*Lates calcarifer*) NHẬP TỪ THÁI LAN VÀ INDONESIA BẰNG CHỈ THỊ MICROSATELLITES

Lê Văn Chí¹, Mai Duy Minh¹, Trương Hà Phương²

TÓM TẮT

Cá vược (*Lates calcarifer*) là đối tượng có giá trị kinh tế cao và được nuôi nhiều nơi trên thế giới. Nghiên cứu này sử dụng chỉ thị microsatellites để đánh giá đa dạng di truyền của đàn cá vược nhập từ Thái Lan và Indonesia. Kết quả phân tích dựa trên kiểu gien 7 chỉ thị của 100 cá thể từ Thái Lan và 100 cá thể từ Indonesia bằng phần mềm GENEPOP cho thấy đa dạng di truyền của đàn cá nhập ở mức cao. Quần đàn cá vược Thái Lan có số lượng alen trung bình/chỉ thị, tỉ lệ dị hợp tử quan sát được và tỉ lệ dị hợp tử theo lý thuyết lần lượt là $9,8 \pm 1,3$, $0,67 \pm 0,06$ và $0,74 \pm 0,02$. Trong khi đó các chỉ số này ở quần đàn cá vược Indonesia là $9,4 \pm 1,9$, $0,66 \pm 0,05$ và $0,78 \pm 0,02$. So sánh hai quần đàn này với nhau và với đàn cá vược của Việt Nam bằng Arlequin, ver. 2.0 cho thấy có sự sai khác về di truyền. Giá trị F_{ST} tính toán được giữa các quần đàn Thái Lan, Indonesia và Việt Nam là từ 0,106 đến 0,172. Kết quả nghiên cứu đề nghị chọn lựa vật liệu cá vược nhập từ Thái Lan và Indonesia để bổ sung vào quần đàn cá vược chọn giống ở Việt Nam.

Từ khóa: Cá vược, đa dạng di truyền, microsatellites (vi vệ tinh).

1. MỞ ĐẦU

Cá vược (*Lates calcarifer*) là đối tượng có giá trị kinh tế cao và được nuôi nhiều nơi trên thế giới. Hiện nay một số quốc gia đang tiến hành chọn giống nhằm tạo ra các dòng cá vược có chất lượng tốt hơn như lớn nhanh, đạt tỉ lệ sống cao hơn (Loughnan *et al.*, 2015; Senanan *et al.*, 2015). Trong công tác chọn giống việc tạo ra các vật liệu đầu vào có giá trị phẩm giống tốt và mức đa dạng di truyền cao sẽ nâng cao hiệu quả chọn lọc. Bởi vì các quần đàn có đa dạng di truyền cao sẽ hạn chế tỉ lệ cận huyết qua mỗi thế hệ và qua đó ngăn ngừa thoái hóa giống do cận huyết gây ra. Hiện nay các nhà khoa học đã ứng dụng chỉ thị di truyền phân tử để đánh giá đa dạng di truyền của vật liệu chọn giống. Ở cá vược các chỉ thị microsatellites (vi vệ tinh) đa hình đã được phát triển (Wang *et al.*, 2007; Wang *et al.*, 2011) và ứng dụng trong việc đánh giá đa dạng di truyền quần thể (Yue *et al.*, 2009; Norfatimah *et al.*, 2009; Loughnan *et al.*, 2015; Senanan *et al.*, 2015) cũng như định vị các gien liên quan đến tính trạng tăng trưởng về khối lượng và hình thái của cá (Wang *et al.*, 2006; Wang *et al.*, 2008).

Hiện nay, ở các cơ sở sản xuất giống cá vược, đa dạng di truyền cá đang dần bị mất đi (Frost *et al.*, 2006; Senanan *et al.*, 2015). Chương trình chọn giống

cá vược ở Việt Nam cũng gặp vấn đề tương tự. Kết quả đánh giá đa dạng di truyền cá vược của Việt Nam cho thấy quần đàn cá vược nhân tạo ở trại giống có chỉ số dị hợp tử quan sát được (H_o) là 0,31 – 0,59, trong khi đó H_o ở quần đàn tự nhiên là 0,77 – 0,94 (Trương Hà Phương *et al.*, 2013). Vì vậy, việc nghiên cứu đánh giá chọn được vật liệu cá vược có chất lượng giống tốt, đa dạng di truyền cao để bổ sung cho đàn cá bố mẹ trong các trại sản xuất giống là cần thiết.

Nghiên cứu này nhằm đánh giá đa dạng di truyền của đàn cá vược nhập từ Thái Lan, Indonesia bằng chỉ thị microsatellites giúp chọn lựa các vật liệu tốt phục vụ cho công tác chọn giống cá vược ở Việt Nam.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Nguồn vật liệu và tách chiết ADN

Đàn cá vược được nhập từ 5 trại giống ở Thái Lan và 7 trại giống ở Indonesia số lượng 5000 cá thể/quốc gia theo tỉ lệ giới tính là 1:1. Toàn bộ số cá đang được nuôi giữ tại Trung tâm Nuôi biển Nha Trang, Viện Nghiên cứu Nuôi trồng thủy sản III. Thu 100 mẫu vây đuôi quần đàn cá có nguồn gốc Thái Lan và 100 mẫu vây đuôi quần đàn cá Indonesia (kích cỡ 2 cm²/mẫu) và bảo quản trong dung dịch cồn 70% ở điều kiện - 20°C.

¹ Viện Nghiên cứu Nuôi trồng thủy sản III

Phương pháp tách chiết ADN theo Miller và đồng tác giả (1988). 500 mg/mẫu được nghiền nhỏ và cho vào các ống nghiệm riêng biệt cùng với 500 mL dung dịch tách chiết (50 mM TrisHCl pH 8, 20 mM EDTA pH 8, 2% SDS) và 10 µl proteinaza K (20 mg/ml). Mẫu được giữ ở nhiệt độ 37°C qua đêm, sau đó 250 µl dung dịch NaCl bão hoà (6 M) được thêm vào và quay li tâm 8000 vòng/phút. Thu 500 µl dung dịch bề mặt và cho 1 mL cồn 100% để kết tủa ADN, sau đó quay li tâm để tách ADN kết tủa. ADN được rửa lại bằng cồn 70%, để khô tự nhiên và hoà tan bằng 100 µL nước nguyên chất, kiểm tra tỉ lệ ADN, pha loãng để chuẩn nồng độ ở 200 ng/mL.

2.2. Xác định kiểu gen microsatellites

Bảy chỉ thị microsatellites có tính đa dạng di truyền cao phục vụ đánh giá đa dạng di truyền cá vược đã được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền của 2 quần đàn cá vược nhập nội. Đây là các chỉ thị đã được định vị trên bản đồ di truyền (Wang *et al.*, 2007) và có mối liên quan với biến dị di truyền về khối lượng và kích cỡ cá. Chỉ thị có thể là gen qui định tính trạng khối lượng hoặc kích cỡ cá hoặc chỉ

thị cùng nằm trên nhóm liên kết có tỉ lệ trao đổi chéo rất thấp (block) trên nhiễm sắc thể (Wang *et al.*, 2006; Wang *et al.*, 2008). Các cặp mồi của 7 chỉ thị được tóm tắt trong bảng 1.

Chuẩn bị dung dịch và chu trình phản ứng PCR áp dụng theo Wang và đồng tác giả (2009) có hiệu chỉnh. Dung dịch phản ứng PCR bao gồm 1 µl ADN, 0,125 µl dNTPs, 0,2 µl Taq ADN, 2,5 µl 10xPCR buffer, 1 µl dung dịch mồi xuôi, 1 µl dung dịch mồi ngược và 19,25 µl nước tinh khiết. Quá trình chạy PCR gồm: 7 chu kỳ 1 phút ở nhiệt độ 94°C, 30 giây ở nhiệt độ gắn kết giữa mồi và ADN phù hợp (Ta), 30 giây ở nhiệt độ 72°C và 33 chu kỳ 30 giây ở nhiệt độ 90°C, 30 giây ở nhiệt độ Ta, 30 giây ở nhiệt độ 72°C bằng máy PCR PTC-100 (MJ Research). Sau quá trình này, sản phẩm PCR được pha với 25 µl dung dịch nhuộm, tách mạch ADN ở nhiệt độ 90°C trong 5 phút để dung dịch nhuộm kết hợp với ADN, làm lạnh trong 10 phút bằng đá và được chạy điện di trên Gelscan qua gel polyacrylamit 6%. Các alen được thể hiện trên bảng gel được xác định kích thước dựa vào phần mềm Dscan version 2.0.

Bảng 1. Điều kiện phản ứng PCR cho các cặp mồi của các chỉ thị phân tử

Mồi (Primer)	Trình tự nucleotit	Ta (°C)	Thuộc nhóm liên kết với các gen
Lca287	F: AATGTTTGGGTATCCGTGTCC R: TGACCGAATGAGCTGTTGATAAT	52	<i>qBW2-a</i> <i>qTL2-a</i>
Lca371	F: GGGCCGGTGATCAGAGACG R: GGCAGATCCACATGGACGAGTG	52.5	<i>qBW2-b</i> <i>qTL2-b</i>
Lca154	F: AAGCGTCTCTGCAGTAAAAAGATA R: AAAACAGGGCTATAGATCCAGAAT	55	<i>qBW3</i> <i>qTL3</i>
Lca178	F: TCCCAGGCTGTGGATGTGTCTAA R: TCGCATATGAGGGGAAACATTAT	52	<i>qBW12</i> <i>qTL12</i>
LcaE22	F: ACTAACCCCGTTTGGCGTCCATCT R: TTTGGCTTCGTTGTGATCATCAGC	55	<i>qBW16</i> <i>qTL16</i>
Lca234	F: TATGCCATACACTAACAGCCTCTA R: AAGCCTGTTACAAATTTATCAGTG	52	<i>qBW20</i>
Lca148	F: GGGGGTCTGATCTGAACAAT R: TTTTGCAAGCATGAAAGACAG	54	<i>qTL1</i>

2.3. Phân tích đa dạng di truyền các quần đàn cá vược

Tần suất các alen và đa hình lý thuyết, đa hình thực tế của các quần đàn cá vược được phân tích dựa trên dữ liệu kiểu gen microsatellite của cá bằng phần mềm GENEPOP (Raymond và Rousset, 1995). Khác biệt di truyền giữa các quần đàn được xác định qua chỉ số pairwise F_{ST} trên phần mềm Arlequin, ver. 3.5 (Schneider *et al.*, 2000).

3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đa dạng di truyền các quần đàn cá vược nhập nội

Phân tích đa dạng di truyền của các quần đàn cá vược nhập từ Indonesia và Thái Lan dựa trên kiểu gen của 7 chỉ thị microsatellite của 100 cá thể của mỗi quần đàn cá nhập nội. Kết quả về số lượng alen, mức độ dị hợp tử quan sát được và dị hợp tử mong đợi được tóm tắt trong bảng 2.

Bảng 2. Đa dạng di truyền đàn cá vược nhập từ Thái Lan và Indonesia

Chi thị	Thái Lan (n=100)			Indonesia (n=100)		
	A./locus	Ho	He	A./locus	Ho	He
Lca287	12	0,63	0,71	11	0,61	0,78
Lca371	8	0,62	0,75	8	0,62	0,76
Lca154	9	0,68	0,75	8	0,66	0,77
Lca178	10	0,61	0,75	9	0,63	0,75
LcaE22	9	0,75	0,75	7	0,76	0,78
Lca234	10	0,67	0,73	11	0,64	0,79
Lca148	11	0,73	0,71	12	0,71	0,78
TB	9,8±1,3	0,67±0,06	0,74±0,02	9,4±1,9	0,66±0,05	0,78±0,02

Kết quả ở bảng 2 cho thấy các chỉ thị phân tử chọn lựa cho nghiên cứu đều có mức độ đa hình cao thể hiện qua số alen trung bình/locus là 9,4-9,8 alen. Trừ trường hợp chỉ thị LcaE22 và Lca148 trong quần đàn cá vược nhập về từ Thái Lan, ở các chỉ thị còn lại, mức độ dị hợp tử quan sát được (Ho) luôn nhỏ hơn mức độ dị hợp tử lý thuyết (He). Kết quả thu được phản ánh bản chất của đàn cá nghiên cứu có nguồn gốc từ các trại sản xuất giống khác nhau mà không thuộc quần đàn cá tự nhiên có giao phối ngẫu nhiên. Các đàn cá thuộc các trại sản xuất giống khác nhau thường ít được trao đổi nguồn gen. Mặt khác, trong môi trường sản xuất giống khả năng bắt cặp ngẫu nhiên để tái tạo quần đàn của quần thể cá vược thường bị hạn chế do kích thước quần thể bố mẹ hạn chế do đó Ho thường nhỏ hơn He và vì vậy một số locus không tuân theo luật phân ly Hardy Weinberg.

Quần thể cá vược thu mẫu từ các trại giống ở Thái Lan và Indonesia có đa dạng di truyền cao. Giá trị Ho và He ở các quần đàn cá từ Thái Lan là 0,67±0,06 và 0,74±0,02 và của quần đàn cá vược có nguồn gốc từ Indonesia tương ứng là 0,66±0,05 và 0,78±0,02. So sánh với các nghiên cứu trước đây thì mức đa dạng di truyền của đàn cá nhập về từ các trại giống của Indonesia và Thái Lan cao hơn nhiều so với các đàn cá vược ở các trại giống trong vùng và gần tương đương với các đàn cá vược tự nhiên. Theo Yue và đồng tác giả (2009), nghiên cứu đa dạng di truyền cá vược Đông Nam Á và Australia sử dụng 14 chỉ thị microsatellite cho thấy các đàn cá trong các trại sản xuất giống có số alen/locus trung bình là 3,57-8,21, Ho=0,52-0,66 và He=0,47-0,74, trong khi đó ở các quần thể cá vược tự nhiên có số alen trung bình/locus là 9,14-10,71, Ho=0,71-0,74 và He=0,74-0,78. Còn theo Phương và đồng tác giả (2013), đánh giá đa dạng di truyền đàn cá vược của Việt Nam bằng 7 chỉ thị microsatellite cho thấy đàn cá tự nhiên có tỉ

lệ alen trung bình/locus; Ho và He lần lượt là 15,5, 0,84 và 0,88, trong khi đó các chỉ số này ở đàn cá nhân tạo là 4,9, 0,41 và 0,45. So sánh với các kết quả nghiên cứu cho thấy đàn cá vược nhập về từ Thái Lan và Indonesia có đa dạng di truyền gần tương tự với đàn cá tự nhiên của vùng Đông Nam Á và Australia. Kết quả đánh giá phù hợp với nghiên cứu đa dạng di truyền trên đàn cá vược của Thái Lan. Theo Senanan và đồng tác giả (2014), đa dạng di truyền của đàn cá vược trong các trại giống tương tự như đàn cá vược tự nhiên và đề nghị sử dụng vật liệu cá vược trong các trại giống hiện có cho chương trình tạo giống chọn lọc.

Trong nghiên cứu hiện tại sử dụng các chỉ thị microsatellites có tính đa hình cao và thuộc nhóm liên kết (block) với gen hoặc các chỉ thị này có thể là gen qui định biến dị di truyền của tính trạng tăng trưởng về khối lượng và kích thước của cá (Wang *et al.*, 2006; Wang *et al.*, 2007). Đa dạng về di truyền dựa vào các chỉ thị phân tử này ở mức cao cho thấy tiềm năng về hệ số di truyền của tính trạng tăng trưởng về khối lượng trong các đàn cá vược nhập từ Thái Lan và Indonesia. Kết quả nghiên cứu trên chỉ ra tiềm năng sử dụng nguồn vật liệu cá vược nhập từ Thái Lan và Indonesia cho chương trình chọn giống nâng cao tăng trưởng.

3.2. Sai khác di truyền giữa các quần đàn cá vược

Phân tích sai khác di truyền giữa các quần đàn cá vược nhập từ Thái Lan, Indonesia và quần đàn cá vược hiện có của Việt Nam dựa trên đa hình của 7 chỉ thị microsatellites (Phương *et al.*, 2013). Kết quả về F_{ST} và R_{ST} được tóm tắt trong bảng 3. Số liệu ở bảng 3 cho thấy sự sai khác về di truyền giữa các quần thể cá vược. Kết quả kiểm định thống kê cho thấy sai khác là có ý nghĩa ($P < 0,05$). Theo Yue *et al.* (2009), khác biệt di truyền giữa các quần đàn cá vược Đông Nam Á là $F_{ST} = 0,124$ ($P < 0,05$).

Chỉ số F_{ST} và R_{ST} thể hiện sự khác biệt rõ ràng về di truyền giữa các quần đàn cá vược có nguồn gốc Việt Nam, Thái Lan và Indonesia. Kết quả này phù hợp với các nghiên cứu trước đây trên cá vược ở Australia (Chenoweth *et al.*, 1998; Carina *et al.*, 2005), Singapore (Yue *et al.*, 2009), Malaysia (Norfatimah *et al.*, 2009) và Thái Lan (Senanan *et al.*, 2015). Theo Senanan và đồng tác giả (2015), kết quả phân tích mối liên hệ về di truyền của quần thể cá vược trong các trại sản xuất giống cho thấy, các quần thể cá thuộc 3 nhóm có cách biệt về di truyền là nhóm cá miền Đông, miền Nam và biển Adaman. Khi các quần đàn cá sống vùng sinh thái rạn, ít di cư, cách xa nhau về khoảng cách địa lý thì mức độ trao đổi nguồn gen bị hạn chế và theo thời gian do tác động của các quá trình như đột biến, thay đổi không định hướng vật liệu di truyền (Random genetic drift) hay xu hướng đồng nhất vật liệu di truyền (coalescent) trong từng quần thể sẽ tạo nên sự khác biệt về di truyền giữa các quần thể.

Bảng 3. Chỉ số pairwise (từng đôi) F_{ST} và R_{ST} của các quần đàn cá vược

Quần đàn	Thái Lan		Indonesia	
	F_{ST}	R_{ST}	F_{ST}	R_{ST}
Indonesia	0,119*	0,159	-	
Việt Nam	0,106*	0,142	0,172*	0,161

(*) Thể hiện sai khác có ý nghĩa thống kê với $p < 0,05$.

Khoảng cách di truyền giữa các quần đàn cá vược cho thấy tiềm năng để phối kết hợp nguồn vật liệu giúp chọn tạo được dòng cá vược có chất lượng tốt hơn đồng thời giảm thiểu tỉ lệ cận huyết trong quần đàn chọn giống qua các thế hệ.

4. KẾT LUẬN VÀ KIẾN NGHỊ

Quần đàn cá nhập từ Thái Lan và Indonesia có mức đa dạng di truyền cao, số alen /locus từ $9,4 \pm 1,9$ đến $9,8 \pm 1,3$, dị hợp tử quan sát được (H_o) từ $0,66 \pm 0,05$ đến $0,67 \pm 0,06$ và dị hợp tử lý thuyết (H_e) $0,74 \pm 0,02$ và $0,78 \pm 0,02$.

Khác biệt về mặt di truyền giữa các quần đàn cá Thái Lan, Indonesia và Việt Nam là F_{ST} từ 0,106 đến 0,172 và R_{ST} từ 0,142 đến 0,161.

Kết quả nghiên cứu đề nghị chọn lựa vật liệu cá vược nhập từ Thái Lan và Indonesia để bổ sung vào quần đàn cá vược chọn giống của Việt Nam.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Trương Hà Phương, Lê Văn Chí, Nguyễn Văn Quý (2013). Đánh giá đa dạng di truyền các quần đàn cá vược (*Lates calcarifer*) bằng chỉ thị microsatellites. Tạp chí Nông nghiệp & Phát triển Nông thôn. Số 3+4, 2013: 170-175.
2. Carina, M. R. E. (2005). Evolutionary genetics of barramundi (*Lates calcarifer*) in the Australian region. PhD thesis, Murdoch University, Australia.
3. Chenoweth, S., Hughes, J. M., Keenan, C. P. & Lavery, S. (1998). Concordance between dispersal and mitochondrial gene flow: Isolation by distance in a tropical teleost, *Lates calcarifer* (Australian barramundi). *Heredity* 80: 187-197.
4. Frost, L. A., Evans, B. S. & Jerry, D. R. (2006). Loss of genetic diversity due to hatchery culture practices in barramundi (*Lates calcarifer*). *Aquaculture* 261(3): 1056-1064.
5. Loughnan, S. R., Carolyn Smith-Keune, Dean R. Jerry, Luciano B. Beheregaray and Nicholas A. Robinson, 2015. Genetic diversity and relatedness estimates for captive barramundi (*Lates calcarifer*, Bloch) broodstock informs efforts to form a base population for selective breeding. *Aquaculture Research*, 1: 1-15.
6. Miller, S. A., Dykes, D. D. & Polesky, H. F. (1988). A simple salting out procedure for extracting DNA from nuclear cells. *NARV16* No.3:1215.
7. Norfatimah, M. Y., Siti Azizah, M. N., Othman, A. S., Patimah, I. & Jamsari, A. F. J. (2009). Genetic variation of *Lates calcarifer* in Peninsular Malaysia based on the cytochrome b gene. *Aquaculture Research* 40(15): 1742-1748.
8. Raymond M. & Rousset F. (1995) GENEPOP. Population genetics software for exact tests and ecomenicism. *J. Heredity* 86: 248- 249.
9. Schneider, S., Roessli, D. and Excoffier, L. (2000). Arlequin: A software for population genetics data analysis. User manual ver 2.000. Genetics and Biometry Lab. Dept. of Anthropology, University of Geneva, Geneva.
10. Senanan W., Jamjun Pechsiri, Supapon Sonkaew, Uthairat Na-Nakorn, Nipon Sean-In and Renu Yashiro, 2015. Genetic relatedness and differentiation of hatchery populations of Asian seabass (*Lates calcarifer*) (Bloch, 1790) broodstock in Thailand inferred from microsatellite genetic

markers. *Aquaculture Research*, 46, Issue 12: 2897–2912.

11. Wang, C. M., L. C. Lo, Z. Y. Zhu, and G. H. Yue (2006). A genome scan for quantitative trait loci affecting growth-related traits in an F1 family of Asian seabass (*Lates calcarifer*). *BMC Genomics*, 7: 274-280.

12. Wang, C. M., Zhu Z. Y., Lo L. C. (2007). A microsatellite linkage map of Barramundi, *Lates calcarifer*. *Genetics*. 175: 907-915.

13. Wang, C. M., Zhi Yi Bai, Xiao Ping He, Grace Lin, Jun Hong Xia, Fei Sun, Loong Chueng Lo, Felicia Feng, Ze Yuan Zhu and Gen Hua Yue, 2011. A high-resolution linkage map for comparative genome

analysis and QTL fine mapping in Asian seabass, *Lates calcarifer*. *BMC Genomics*, 12:174.

14. Wang C. M., L. C. Lo, F. Feng, Z. Y. Zhu and G. H. Yue (2008). Identification and verification of QTL associated with growth traits in two genetic backgrounds of Barramundi (*Lates calcarifer*). *International Society for Animal Genetics, Animal Genetics*, 39: 34–39.

15. Yue, H. G., Z. Y. Zhu, L. C. Lo, C. M. Wang, G. Lin, F. Feng, H. Y. Pang, J. Li, P. Gong, H. M. Liu, J. Tan, R. Chou, H. Lim, L. Orban (2009). Genetic variation and population structure of Asian seabass (*Lates calcarifer*) in the Asia-Pacific region. *Aquaculture* 293 (2009) 22–28.

INVESTIGATION ON GENETIC VARIATION IN THE STOCKS OF SEA BASS (*Lates calcarifer*) IMPORTED FROM THAILAND AND INDONESIA USING MICROSATELLITES

Le Van Chi, Mai Duy Minh, Truong Ha Phuong

Summary

Sea bass (*Lates calcarifer*) is important aquaculture species and being cultured worldwide. This study was to investigate the genetic variation of the sea bass imported from Thailand and Indonesia using microsatellite markers. The analysis of the 7 markers based on genotypes of 100 ind. from Thailand and 100 ind. from Indonesia using GENPOP indicated that genetic variation in these stocks was highly diverse. In the Thailand stock, average number of alleles per locus, observed heterozygosity (H_o) and expected heterozygosity (H_e) were 9.8 ± 1.3 , 0.67 ± 0.06 and 0.74 ± 0.02 , respectively. Whereas, these indices in the Indonesia stock were 9.4 ± 1.9 , 0.66 ± 0.05 and 0.78 ± 0.02 , respectively. Genetic differentiation between these stocks (Thailand, Indonesia and Vietnam) using Arlequin, ver. 2.0 was significant. The F_{ST} was from 0.106 to 0.172. The results suggest using sea bass imported from Thailand and Indonesia for selection program of this species in Vietnam.

Keyword: *Sea bass, genetic variation, microsatellites.*

Người phản biện: TS. Thái Thanh Bình

Ngày nhận bài: 18/12/2015

Ngày thông qua phản biện: 18/01/2016

Ngày duyệt đăng: 25/01/2016