

MỐI QUAN HỆ DI TRUYỀN CỦA MỘT SỐ QUẦN THỂ CHIM YẾN SỐNG NGOÀI ĐẢO VÀ TRONG ĐẤT LIỀN Ở VIỆT NAM

Hồ Thị Loan^{1*}, Nguyễn Giang Sơn¹, Đặng Tất Thế¹, Nguyễn Lâm Hùng Sơn²

¹Viện Sinh thái và Tài nguyên sinh vật, *htloanns@yahoo.com.vn

²Trường Đại học Sư phạm Hà Nội

TÓM TẮT: Chim yến tổ trắng ăn được, *Aerodramus fuciphagus* (Thunberg, 1812), là loài tạo ra tổ hoàn toàn bằng nước bọt được con người khai thác với giá trị kinh tế cao. Trước năm 2003, ở Việt Nam chỉ ghi nhận một phân loài chim yến *A. f. germani* làm tổ trong hang trên một số đảo. Sau năm 2003, khoảng gần 2.000 cặp chim yến được phát hiện sinh sống trong 10 ngôi nhà ở 7 thành phố của Việt Nam. Ngày nay, chim yến đến sinh sống trong nhà nuôi yến trên đất liền ở hầu hết các tỉnh từ Cà Mau trở ra Thanh Hóa. Kết quả phân tích trình tự một phần gen cytochrome b có chiều dài 606 bp của 43 mẫu chim yến cho thấy, các quần thể chim yến cư trú ngoài đảo (chim yến đảo) thuộc phân loài *Aerodramus fuciphagus germani* và chim yến làm tổ trong nhà ở đất liền (chim yến nhà) thuộc phân loài *A. f. amechanus*. Giữa hai phân loài này có sự khác biệt về di truyền trung bình 1,9%. So sánh phân tích di truyền cho thấy, quần thể yến nhà *A. f. amechanus* ở Việt Nam có sự tương đồng với các quần thể phân loài chim yến này ở Malaysia và Thái Lan. Kết quả này cho thấy khả năng có sự di cư của quần thể này từ vùng phân bố gốc lên dần phía bắc và tới Việt Nam.

Từ khóa: *Aerodramus fuciphagus*, chim yến, gen cytochrome b, mối quan hệ di truyền.

MỞ ĐẦU

Chim yến tổ trắng ăn được hay yến hàng, *Aerodramus fuciphagus* (Thunberg, 1812), có 8 phân loài phân bố ở khu vực Đông Nam Á, đảo Hải Nam (Trung Quốc) và đảo Nicobar và Adaman của Ấn Độ [3]. Tổ của chim yến được làm hoàn toàn bằng nước bọt và được một số nước châu Á sử dụng như một thực phẩm bổ sung có giá trị kinh tế cao. Trước năm 2003 ở Việt Nam chỉ ghi nhận một phân loài chim yến *A. f. germani* (Oustalet, 1876) làm tổ trong hang trên một số đảo (chim yến đảo) [12]. Mẫu chuẩn của phân loài này thu được ở Côn Đảo [5]. Năm 2003, tại Việt Nam đã phát hiện khoảng gần 2000 cặp chim yến sinh sống trong 10 ngôi nhà (chim yến nhà) ở 7 thành phố của Việt Nam [12]. Ngày nay, chim yến đến sinh sống trong nhà trên đất liền ở hầu hết các tỉnh từ Cà Mau trở ra tới Thanh Hóa [8].

Chim yến nhà khác chim yến đảo bởi một số đặc điểm về hình thái như màu sắc lông ở phần hông, chiều dài cánh, trọng lượng cơ thể [12], dựa trên những sai khác về hình thái các tác giả dự đoán chim yến nhà thuộc phân loài *A. f. fuciphagus*.

Ngày nay, chỉ thị phân tử được sử dụng

rộng rãi để định danh loài, xác định mối quan hệ phát sinh loài và quần thể địa lý của loài. Hệ gen ty thể thích hợp để định loại chim yến, đối với gen Cytb, mối quan hệ di truyền giữa các phân loài trong giống *Aerodramus* khoảng 2% và trong cùng một phân loài khoảng 0,5% [13, 16]. Ở Việt Nam, kết quả nghiên cứu của Đặng Tất Thế và nnk. (2007) [15] cho thấy, khoảng cách di truyền giữa chim yến nhà và chim yến đảo ở mức phân loài (từ 1,6-1,9%). Dựa trên trình tự gen của gen nhân GAPDH và gen Cytb, Lê Hữu Hoàng và nnk. (2014) [7] nhận định về mặt di truyền chim yến Việt Nam phân thành hai nhóm. Trong đó, quần thể chim yến đảo Khánh Hòa và Côn Đảo có khả năng là phân loài đặc hữu ở Việt Nam, quần thể chim yến ở Trảng Bom - Đồng Nai có thể có nguồn gốc từ phân loài *A. f. vestitus*, quần thể chim yến ở Kiên Giang có thể có nguồn gốc từ phân loài *A. f. amechanus*. Cả hai nghiên cứu này chưa định danh được hoàn toàn các mẫu nghiên cứu thuộc phân loài nào. Như vậy, vấn đề danh pháp khoa học có nhiều điểm chưa thống nhất. Trong nghiên cứu này, chúng tôi sử dụng một phần gen Cytb để phân tích mối quan hệ di truyền giữa một số quần thể chim yến nhà và chim yến đảo. Đồng thời cũng tiến hành so sánh với các

quần thể chim yến cùng loài trong khu vực phân bố của chúng để xác định nguồn gốc phát sinh của quần thể chim yến nhà làm tổ trong đất liền ở Việt Nam.

VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

Bốn mươi mẫu chim yến sử dụng cho

nghiên cứu này được thu thập ở đảo ngoài khơi, trong nhà xây trên đảo và nhà yến trong đất liền thuộc các tỉnh Bình Định, Khánh Hòa, Quảng Nam, Kiên Giang, thành phố Hồ Chí Minh và Bình Dương trong thời gian từ 2007-2013. Ký hiệu, thông tin của các mẫu được trình bày ở bảng 1.

Bảng 1. Ký hiệu và thông tin mẫu nghiên cứu

Nhóm mẫu	Kí hiệu mẫu	Địa điểm
Yến Đảo	DQN1-4	Đảo Cù Lao Chàm, tỉnh Quảng Nam
	DBD1-8	Các đảo thuộc tỉnh Bình Định
	DKH1-3	Các đảo thuộc tỉnh Khánh Hòa
Yến nhà trên Đảo	N.DBDD1-3	Nhà yến xây trên đảo thuộc tỉnh Bình Định
Yến Nhà trong đất liền	NBD2-7	Nhà yến thuộc tỉnh Bình Định
	NDN1-3	Nhà yến thuộc tỉnh Bình Dương
	NSG1-4	Nhà yến thuộc Tp. Hồ Chí Minh
	NQN1-2	Nhà yến Tp. Hội An thuộc tỉnh Quảng Nam
	NKG1-6	Nhà yến thuộc tỉnh Kiên Giang

Bảng 2. Mã hiệu và thông tin của các trình tự tham khảo từ Genbank

Tên khoa học	Ký hiệu	Mã hiệu Genbank	Nguồn gốc
<i>A. fuciphagus</i>	A.f.ML2	AY135631	Malaysia
	A.f.ML3	KJ671391	
	A.f.ML1	KJ671382	
	A.f.ML4	KJ671383	
	A.f.ML5	KJ671386	
	A.f.TL1	EU072052	Thái Lan
	A.f.TL2	EU072059	
	A.f.TL7	EU072061	
	A.f.TL5	EU072065	
<i>A. fuciphagus germani</i>	A.f.ger.ML1	AY294429	Balambangan Is., Sabah, Malaysia
<i>A. spodiopygius assimilis</i>	A.s.ass	AY294435	Suva (Fiji)
<i>A. spodiopygius spodiopygius</i>	A.s.spo	AY294437	Vestern (Samoa)
<i>A. f. vestitus</i>	A.f.ves.ML2	AY135628	Borneo (Malaysia)
	A.f.ves.ML6	AY135627	
	A.f.ves.ML1	AY135629	
<i>A. maximus lowi</i>	A.m.lowi	AY294445	Sabah (Malaysia)

DNA tổng số được tách chiết sử dụng kitDNA Blood and Tissue của hãng Qiagen (Đức). Nhân bản một phần vùng gen cytochrome b thuộc hệ gen ty thể có chiều dài khoảng 650bp bằng kỹ thuật PCR sử dụng hỗn hợp PCR Taq Mastermix (Qiagen) với cặp mồi do chúng tôi thiết kế có vị trí được kí hiệu và trình tự như sau: Cyb196F: 5'-TCAGTCGC

CCACACATGCCG-3' và Cyb854R: 5'- TATG CCGTAGGATGCGAGTT-3'. Chu trình nhiệt PCR theo các bước: 1) Biến tính 95°C trong 2 phút; 2) tiếp theo 35 chu kỳ: 95°C trong 25 giây, 56°C trong 25 giây và 72°C trong 40 giây; 3) chu kỳ cuối kết thúc ở 72°C trong 3 phút. Sản phẩm PCR được điện di trên gel agarose 1,5%. Sản phẩm PCR được tinh sạch bằng kit

tinh sạch sản phẩm PCR của hãng Qiagen. Giải trình tự sản phẩm PCR này sử dụng bộ hóa chất BigDye terminator cycle sequence kit v3.1 (Applied Biosystems, Mỹ) và máy đọc trình tự ABI 3100 - Avant Genetic Analyzer.

Các trình tự DNA giải mã được so sánh với các trình tự tương đồng thuộc loài *Aerodramus fuciphagus* và một số loài khác thuộc giống *Aerodramus* bằng phần mềm BioEdit 7.0.0 Thompson et al. (1997) và DnaSP 5.10.01 Librado, Rozas (2009) [6, 9]. việc tìm kiếm mô hình thay thế nucleotide phù hợp nhất, tính khoảng cách di truyền và xây dựng cây phát sinh chủng loại theo phương pháp Maximum Likelihood (ML) được thực hiện trong chương trình phân tích di truyền MEGA 6.0.6 [14]. Các thông tin về trình tự tham khảo sử dụng trong bài báo này được trình bày ở bảng 2.

KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Giải và đối chiếu các trình tự mẫu nghiên cứu

Đã giải trình tự một đoạn gen Cytb có chiều dài 650 bp của 40 mẫu chim yến. Sau khi cắt bỏ

phần môi ở hai đầu, đoạn gen sử dụng để nghiên cứu có chiều dài 606 bp, có nhiều biến đổi, đủ thông tin để phân tích mối quan hệ di truyền [12]. So sánh 40 trình tự nghiên cứu với các trình tự tương đồng trên ngân hàng gen đã xác nhận chúng có quan hệ gần gũi nhất với các trình tự thuộc loài *Aerodramus fuciphagus*. Các trình tự từ mẫu chim yến đảo có độ tương đồng 99,7-100% so với trình tự của phân loài *A. f. germani* (có mã hiệu gen bank AY294429). Các trình tự từ mẫu chim yến nhà có độ tương đồng 99,3-100% với trình tự của loài *A. fuciphagus* (có mã hiệu genbank KJ67139) [10].

Phân tích biến đổi trình tự giữa các mẫu nghiên cứu

Đối chiếu 40 trình tự nghiên cứu, kết hợp với 3 trình tự (NBD, NKH, ĐBD) trong nghiên cứu của Đặng Tất Thế và nkk. (2007) [15] đã xác định được 13 Haplotype (Hap). Đặc trưng của các Hap thể hiện ở hình 1. So sánh 13 Hap này cho thấy sự khác biệt giữa 2 nhóm quần thể chim yến đảo và quần thể chim yến nhà như trình bày trong bảng 3.

Bảng 3. Ký hiệu mẫu trong cùng một Hap

Haplotype	Ký hiệu mẫu	Số lượng trình tự
Hap1	DBD3; N-DBD3	2
Hap2	DBD; DBD5-8; DQN1-4; DKH1-3; N-DBD1,2	16
Hap3	DBD4	1
Hap4	DBD2	1
Hap5	NBD4; NSG1,3; NDN1,3; NQN2	6
Hap6	NBD6	1
Hap7	NBD2, NBD7	2
Hap8	NSG2; NKG3; NQN1	3
Hap9	NKG1; NKG4; NKG6	3
Hap10	NKH	1
Hap11	NKG2; NKG5	2
Hap12	NBD	1
Hap13	NBD3; NBD5; NDN2; NGS4	4

Nhóm 1 có 4 Hap (từ Hap1 đến Hap4), gồm 20 trình tự chỉ xuất hiện ở chim yến đảo (gồm cả các mẫu thu được ở nhà xây dựng trên đảo của tỉnh Bình Định). Trong đó Hap 2 là phổ biến nhất với 16 trình tự, Hap1, Hap3 và Hap4 tương ứng có 2, 1 và 1 trình tự. Tuy nhiên sự biến đổi giữa các Hap rất nhỏ. Hap1 khác Hap2 Hap3 và Hap4

chỉ ở 3 vị trí 183 (T-C), 420 (C-T) và vị trí 567 (T-A). Hap2 khác Hap3 và Hap4 ở 1 vị trí 360 (C-T). Hap4 khác Hap2 và Hap3 ở 1 vị trí 342 (C-T). Điều này cho thấy quần thể chim yến đảo có sự đồng nhất di truyền khá cao, có thể do sự trao đổi di truyền giữa các quần thể chim yến đảo khá thường xuyên.

Vị trí nucleotide	14	36	40	54	93	96	117	153	165	183	306	342	345	360	420	463	468	489	531	567	591	603
Hap1	G	C	T	T	G	C	T	T	C	T	G	C	A	C	C	T	G	A	T	T	A	C
Hap2	C	T	A	.	.
Hap3	C	.	.	.	T	T	A	.	.
Hap4	C	.	T	.	.	T	A	.	.
Hap5	.	T	.	C	C	T	C	.	T	C	A	C	A	G	C	A	.	.
Hap6	.	T	.	C	C	T	C	.	T	C	A	C	A	G	C	A	T	.
Hap7	.	T	.	C	C	T	C	C	T	C	A	C	A	G	C	A	.	.
Hap8	.	T	.	C	C	T	C	.	.	C	A	A	G	C	A	.	T
Hap9	.	T	.	C	C	T	C	.	.	C	A	.	C	.	.	.	A	G	C	A	.	T
Hap10	.	T	.	.	C	T	C	.	.	C	A	A	G	C	A	.	T
Hap11	.	T	C	C	C	T	C	.	T	C	A	C	A	G	C	A	.	.
Hap12	A	T	.	.	C	T	C	.	T	C	A	C	A	G	C	A	.	.
Hap13	A	T	.	C	C	T	C	.	T	C	A	C	A	G	C	A	.	.

Hình 1. Đặc trưng của các Hap

Nhóm 2 có 9 Hap chỉ xuất hiện trong các quần thể chim yến nhà tạo thành 2 nhóm nhỏ: Nhóm 1 gồm các Hap5, Hap6, Hap7, Hap11, Hap12, Hap13 có sự tương đồng cao. Sự biến đổi giữa các Hap chỉ 1 nucleotide đến 2 nucleotide Hap5 khác Hap6 ở vị trí 591 (A-T), khác Hap7 ở vị trí 153 (T-C), khác Hap11 ở vị trí 40 (T-C), khác Hap12 ở 2 vị trí 14 (A-T) và 54 (C-T), khác Hap 13 ở vị trí 14 (A-T). Nhóm 2 gồm các Hap8, Hap9, Hap10 khác nhóm Hap1 ở 3 vị trí nucleotide đó là các vị trí 165 (T-C); 463(C-T); 603(C-T), trong nhóm Hap này, Hap9 khác Hap8 ở vị trí nucleotide 345(A-C) và Hap10 ở vị trí nucleotide 40(C-T). Sự phân bố số lượng trình tự trong 1 Hap của chim yến nhà tương đối đồng đều. Từ Hap4 đến Hap12 có số lượng trình tự lần lượt là 6, 1, 2, 3, 3, 1, 2, 1, 4. Mặc dù mỗi quần thể chim yến nhà có một vài Hap: Tp. Hồ Chí Minh (2 Hap), Bình Dương (2 Hap), Kiên Giang (3 Hap), Bình Định (5 Hap), nhưng không có Hap nào đặc trưng rõ ràng cho quần thể riêng biệt. Các Hap xuất hiện đan xen trong các quần thể: Hap5 xuất hiện ở 4 quần thể, Hap8 ở 3 quần thể và Hap13 xuất hiện ở 3 quần thể. Kết quả này cho thấy mức độ đa dạng di truyền của chim yến nhà khá cao và sự xuất hiện một Hap ở nhiều quần thể phản ánh các quần thể chim yến nhà được hình thành từ nhiều quần thể hay nhiều vùng khác nhau di cư đến.

Quan hệ di truyền giữa chim yến đảo và chim yến nhà

Có 8 biến đổi đặc trưng giữa các trình tự của chim yến nhà và chim yến đảo (bảng 4), trong đó có 1 biến đổi dị hoán ở vị trí nucleotide số 93. Các biến đổi di truyền đặc trưng này có giá trị cao về thông tin phát sinh chủng loại giữa nhóm chim yến đảo và nhóm chim yến nhà. Khoảng cách di truyền giữa các Hap của chim yến đảo và chim yến nhà cùng một số Hap tham khảo được trình bày trong hình 2.

Như vậy khoảng cách di truyền giữa nhóm chim yến nhà và nhóm chim yến đảo trong nghiên cứu này thể hiện chúng thuộc 2 phân loài riêng biệt. Sai khác di truyền giữa các quần thể cùng trong nhóm chim yến nhà, cũng như trong nhóm chim yến đảo thể hiện chúng nằm trong giới hạn của phân loài

Giá trị khoảng cách di truyền giữa các Hap của chim yến đảo từ 0,2 đến 0,7%, giữa Hap1 và Hap3 có khoảng cách di truyền lớn nhất là 0,7%. Giá trị khoảng cách di truyền giữa các Hap của chim yến nhà từ 0,2% đến 1%. Khoảng cách di truyền lớn nhất của Hap9 và Hap12 có giá trị 1%.

Giá trị khoảng cách di truyền giữa tất cả các cặp trình tự của chim yến đảo so với chim yến nhà nằm trong khoảng từ 1,7-2,4%. Trong khi giá trị khoảng cách di truyền lớn nhất giữa các trình tự của chim yến đảo chỉ tới 0,7% và giữa các trình tự chim yến nhà là 1%. Giá trị khoảng cách di truyền giữa các loài *A. fuciphagus*, *A. maximus* và *A. spodiopygius* từ 4,3% đến 7,6% [9]. Dựa trên cơ sở phân tích gen Cytb trong

giống *Aerodramus*, nghiên cứu trước đây cho rằng sai khác di truyền giữa các phân loài vào khoảng 2% và giữa các quần thể trong cùng một phân loài ở mức khoảng 0,5% [13].

	Hap1	Hap2	Hap3	Hap4	Hap5	Hap6	Hap7	Hap8	Hap9	Hap10
Hap1										
Hap2	0,005									
Hap3	0,007	0,002								
Hap4	0,007	0,002	0,003							
Hap5	0,022	0,020	0,022	0,022						
Hap6	0,024	0,022	0,024	0,024	0,002					
Hap7	0,024	0,022	0,024	0,024	0,002	0,003				
Hap8	0,020	0,018	0,020	0,020	0,005	0,007	0,007			
Hap9	0,022	0,020	0,022	0,022	0,007	0,008	0,008	0,002		
Hap10	0,018	0,017	0,018	0,018	0,007	0,008	0,008	0,002	0,003	
Hap11	0,024	0,022	0,024	0,024	0,002	0,003	0,003	0,007	0,008	0,008
Hap12	0,022	0,020	0,022	0,022	0,003	0,005	0,005	0,008	0,010	0,007
Hap13	0,024	0,022	0,024	0,024	0,002	0,003	0,003	0,007	0,008	0,008
AfvesML2	0,015	0,013	0,015	0,015	0,020	0,022	0,022	0,018	0,020	0,017
AfvesML6	0,015	0,013	0,015	0,015	0,020	0,022	0,022	0,018	0,020	0,017
AfvesML1	0,017	0,015	0,017	0,017	0,022	0,024	0,024	0,020	0,022	0,018
Asass	0,024	0,022	0,024	0,024	0,022	0,024	0,024	0,024	0,025	0,025
Asspo	0,029	0,027	0,029	0,029	0,027	0,029	0,029	0,029	0,031	0,031
Amlowi	0,065	0,063	0,061	0,065	0,056	0,057	0,058	0,058	0,059	0,059
	Hap11	Hap12	Hap13	AfvesML2	AfvesML2	AfvesML2	Asass	Asspo	Amlowi	
Hap11										
Hap12	0,005									
Hap13	0,003	0,002								
AfvesML2	0,022	0,020	0,022							
AfvesML6	0,022	0,020	0,022	0,000						
AfvesML1	0,024	0,022	0,024	0,002	0,002					
Asass	0,024	0,025	0,024	0,025	0,025	0,027				
Asspo	0,029	0,031	0,029	0,027	0,027	0,029	0,018			
Amlowi	0,058	0,059	0,058	0,059	0,059	0,061	0,057	0,059		

Hình 2. Khoảng cách di truyền giữa các Hap nghiên cứu và một số trình tự tham khảo

Bảng 4. Các biến đổi trình tự đặc trưng giữa chim yến nhà và chim yến đảo

Vị trí	36	93	96	117	306	468	489	531
Chim yến đảo	C	G	C	T	G	G	A	T
Chim yến nhà	T	C	T	C	A	A	G	C

Vị trí phân loại của chim yến đảo và chim yến nhà

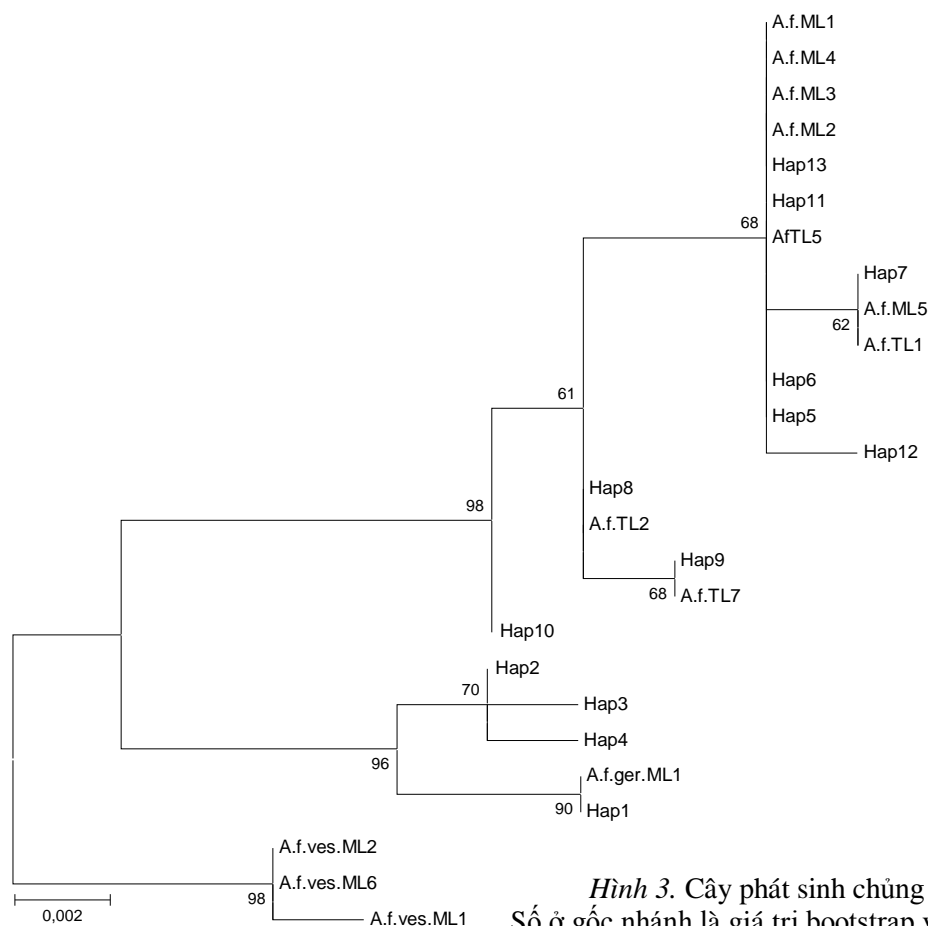
Nhóm chim yến đảo mang 4 Hap có trình tự tương đồng rất cao (>99%), trong đó bao gồm cả trình tự phân loài *A. f. germani* thu ở đảo Balambangan, Sabah, Malaysia, vì vậy, có thể xếp nhóm chim yến đảo thuộc phân loài *Aerodramus fuciphagus germani* (Oustalet, 1876). Kết quả này thống nhất với các nghiên cứu của các tác giả khác [3, 8, 11]. Nhóm chim yến đảo bao gồm các mẫu chim yến làm tổ trong nhà xây ngoài đảo ở tỉnh Bình Định (trình tự N.DBĐ1-3). Điều này cho thấy chim yến đảo vốn sống trong các hang động tự nhiên ở một số

hòn đảo có thể chấp nhận làm tổ trong các công trình xây dựng có điều kiện phù hợp và nằm trong giới hạn phân bố tự nhiên của chúng.

Nhóm chim yến nhà ở khu vực Nam Trung bộ và Nam bộ mang 9 haplotype trong đó có bốn Hap phổ biến (Hap5, Hap6, Hap11, Hap13) tương đồng 100% với các trình tự có mã hiệu KJ67139, KJ671382, KJ671382 được thu mẫu ở hai bang Terengganu, Johor (phía Nam bán đảo Malaysia) nơi ghi nhận có sự phân bố của phân loài *A. f. amechanus* (Oberholser, 1912). Phân loài này được Oberholser công bố trên Proc.U.S.Natl.Mus.42 No.1881, p.12,13 với mẫu chuẩn được thu ở quần đảo Anamba,

Indonesia có vị trí liền kề với bán đảo Malaysia (Oberholser, 1912) [11]. Vùng phân bố của phân loài này được xác định ở Nam bán đảo Malaysia, Singapore và quần đảo Anamba. Vì

vậy, có thể xếp nhóm chim yến nhà thuộc phân loài *A. f. amechanus*. Kết quả này bổ sung vùng phân bố mới cho phân loài *A. f. amechanus* ở những khu vực trên.



Hình 3. Cây phát sinh chủng loại ML
Số ở gốc nhánh là giá trị bootstrap với 1.000 lần

Cây phát sinh chủng loại ở hình 3 được xây dựng dựa trên mô hình thay thế nucleotide HKY (Hasegawa-Kishino-Yano) có chỉ số (BIC = 2221,851, AICc = 1823,837, -lnL = 858,707, R=4,79 Base frequencies (A = 0,272, C = 0,367, G = 0,135, T = 0,226) [14] minh họa rõ hơn cho mối quan hệ di truyền giữa nhóm chim yến nhà và nhóm chim yến đảo, cũng như giữa các quần thể trong hai nhóm này. Cây phát sinh chủng loại có một nhánh riêng cho 3 trình tự tham khảo thuộc phân loài *A. f. vestitus*. Hai nhánh còn lại gồm nhánh chứa 9 Hap của nhóm chim yến nhà (*A. f. amechanus*) nằm xen kẽ với các trình tự tham khảo thuộc nhiều quần thể chim yến nhà ở Thái Lan (5 Hap) và Malaysia (4 Hap), nhánh còn lại chứa 4 Hap thuộc nhóm

chim yến đảo (*A. f. germani*) và một trình tự thuộc phân loài *A. f. germani* ở Malaysia.

Xuất xứ của chim yến nhà

So sánh trình tự nghiên cứu từ các mẫu chim yến nhà thu ở Việt Nam (thuộc 9 Hap) với những trình tự tương đồng (thuộc 9 Hap) thuộc đại diện phổ biến nhất của các quần thể chim yến ở Thái Lan [1] và Malaysia [10], như đã liệt kê ở bảng 2, cho thấy các Hap trong quần thể chim yến nhà ở Việt Nam cũng bắt gặp ở các quần thể chim yến tại Thái Lan và Malaysia. Trong đó các Hap nghiên cứu có độ tương đồng 100% với các trình tự có xuất xứ từ các mẫu chim yến ở một số địa danh khác nhau của Malaysia và Thái Lan. Cây phát sinh chủng loại

ở hình 3 cũng thể hiện rõ mối quan hệ di truyền giữa các quần thể chim yến ở Việt Nam với các quần thể chim yến phân bố ở Malaysia và Thái Lan.

Dựa trên những ghi nhận về chim yến ở Việt Nam qua nhiều năm của nghiên cứu trước đây (Phach Nguyên Quang & Jean-François Voisin, 2007) [12], kết hợp với những so sánh di truyền trong nghiên cứu này có thể cho rằng chim yến nhà *A. f. amechanus* vốn có vùng phân bố ở phía Nam của khu vực Đông Nam Á đã di cư lên phía Bắc đến Việt Nam trong khoảng hơn một thập kỷ qua.

Về phân loại chim yến, hiện nay nhiều tác giả trên thế giới đã tách riêng 2 phân loài *A. f. germani* và *A. f. amechanus* ra một loài riêng với tên khoa học là *Aerodramus germani* (Oustalet, 1876) [5]. Trong loài này bao gồm 2 phân loài: *A. g. germani* (Oustalet, 1876) và *A. g. amechanus* (Oberholser, 1912). Quan điểm này đã được sử dụng trong sắp xếp danh lục chim thế giới của Hiệp hội Điều học quốc tế (IOC) ver.4.2-2014, của Clement (ver.6.8-2013), của Howard và Moore tái bản lần thứ 3 (2003), còn theo Tổ chức bảo tồn chim thế giới BirdLife International vẫn sử dụng tên giống *Collocalia* và tên loài là *Collocalia germani* [2]. Do còn nhiều điểm chưa thống nhất về phân loại học, nên trong nghiên cứu này chúng tôi vẫn giữ tên khoa học của loài là *Aerodramus fuciphagus* với 2 phân loài được xác định phân bố ở Việt Nam là *A. f. germani* và *A. f. amechanus*.

KẾT LUẬN

Phân tích và so sánh trình tự một phần gen cytochrome b với chiều dài 606bp cho thấy các quần thể chim yến tổ trắng ăn được, *Aerodramus fuciphagus*, phân bố ở các vùng Nam Trung Trung bộ, Nam Trung bộ và Nam bộ nước ta gồm 2 phân loài. Phân loài *A. f. germani* (Oustalet, 1876) đã phân bố từ lâu trong các hang trên đảo và hiện nay làm tổ cả trong nhà yến xây trên đảo. Phân loài *A. f. amechanus* (Oberholser, 1912) cư trú trong các nhà yến trong đất liền dọc theo bờ biển.

Các quần thể chim yến *A. f. amechanus* làm tổ trong nhà yến trên đất liền ở Việt Nam có

nguồn gốc từ các quần thể chim yến khác nhau ở Thái Lan và Malaysia di cư đến.

Lời cảm ơn: Nghiên cứu này được tài trợ bởi đề tài cấp cơ sở Viện Sinh thái và Tài nguyên sinh vật 2007-2010.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Aowphol A., Voris H. K., Feldheim K. A., Harnyuttanakorn P., Thirakhupt K., 2008. Genetic Homogeneity Among Colonies of the White-Nest Swiftlet (*Aerodramus fuciphagus*) in Thailand. *Zoological Science*, 25: 372-380.
2. Avibase-the World bird database, 2014. Source: abibase.bsc-eoc.org.
3. Chantler P., 1999. Family Apodidae (swifts), J. del Hoyo, A. Elliott & J. Sargatal, eds. *Handbook of the birds of the world*, 5: 388-457. Barcelona: Lynx Edicions.
4. Nguyễn Cử, Lê Trọng Trái, Karen Phillipps, 2000. *Chim Việt Nam*. Nxb. Lao Động - Xã Hội.
5. Earl Of Cranbrook, Goh Wei Lim, Lim Chan Koon, Mustafa Abdulrahman, 2013. The species of white-nest swiftlets (Apodidae, Collocaliini) of Malaysia and the origins of house-farmlife: morphometric and genetic evidence. *Forktail*, 29: 107-119.
6. Hall T. A., 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl. Acids.Symp. Ser.*, 41: 95-98.
7. Lê Hữu Hoàng, Đặng Thúy Bình, Nguyễn Thị Anh Thư, 2014. Nghiên cứu đặc điểm di truyền phân loài chim yến (*Aerodramus fuciphagus*) tại Việt Nam. *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển nông thôn*, kỳ 2 tháng 1/2014, tr. 77-82.
8. Lê Hữu Hoàng, 2014. Tầm quan trọng của công tác quy hoạch và một số giải pháp cơ bản phát triển bền vững nghề nuôi chim yến tại Việt Nam, *Kỷ yếu hội thảo khoa học toàn quốc Phát triển nghề nuôi chim yến tại Việt Nam theo hướng bền vững*, Hà Nội, 26-55.

9. Librado P., Rozas J, 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25: 1451-1452.
10. National Center for Biotechnology Information, 2014. Source: ncbi.nlm.gov.
11. Oberholser H. C., 1912. A revision of the forms of the Edible-nest Swiftlet, *Collocalia fuciphaga* (Thunberg). *Proceeding of the U.S. National Museum*, 42(1881): 11-20.
12. Phach Nguyen Quang, Voisin J-F., 2007. On an ecological form of the white-nest swiftlet *Aerodramus fuciphagus* (Aves, Apodidae) breeding in houses in Vietnam. *Revue Ecologique (Terre and Vie)*, 62: 49-57.
13. Price J. J., Johnson K. P., Clayton D. H., 2004. The evolution of echolocation in swiftlets. *J. Avian Biol*, 35: 135-143.
14. Tamura K., Dudley J., Nei M., Kumar S, 2013. MEGA6.0.6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 6.0.6.
15. Đặng Tất Thế, Lê Xuân Cảnh, Nguyễn Hồng Vân, 2007. Đa dạng di truyền của chim yến sống ở đảo và đất liền thuộc tỉnh Bình Định và Khánh Hòa. Báo cáo Khoa học về Sinh thái và Tài nguyên sinh vật, Hội nghị Khoa học toàn quốc lần thứ hai. Nxb. Nông nghiệp, Hà Nội: 568-573.
16. Thomassen Hendrik Aalbert, 2005. Swift as sound. Design and evolution of the echolocation system in Swiftlets (Apodidae: Collocaliini). Doctoral Thesis, Leiden University.

**PHYLOGENETIC RELATIONSHIPS OF SOME POPULATIONS
OF EDIBLE NEST SWIFTLET *Aerodramus fuciphagus* (Thunberg, 1812)
ON ISLANDS AND MAINLAND IN VIETNAM**

Ho Thi Loan¹, Nguyen Giang Son¹, Dang Tat The¹, Nguyen Lan Hung Son²

¹Institute of Ecology and Biological Resources

²Ha Noi National University of Education

SUMMARY

Edible-nest Swiftlets (*A. fuciphagus*) create nests using their solidified saliva. The nests have long been harvested because of their high economic value. This research addresses the phylogenetic relationships of several birds' populations in Vietnam based on a portion of the cytochrome b gene with 606bp in length. Phylogenetic analyses show that populations inhabiting islands and mainland belong to different subspecies of *A. fuciphagus*. Wild swiftlets on islands are assigned to subspecies *A. f. germani*, while house swiftlets (birds on mainland) are recovered as *A. f. amechanus* with mean genetic divergence of 1.9%. There are some specific sites for nucleotide substitutions between the two groups (group resident on islands and mainland, respectively): 36 (C-T), 93 (G-C), 96 (C-T), 117 (T-C), 306 (G-A), 468 (G-A), 489 (A-G), 531 (T-C). Our results suggest that the recently recorded house swiftlet populations (subspecies *A. f. amechanus*) in Vietnam are probably originated from the southern region of Southeast Asia. We recommend that future studies should include nuclear genes (chromosome genes) to evaluate cross-hybrid between the populations.

Keywords: *Aerodramus fuciphagus*, Edible-nest Swiftlet, phylogeny, cytochrome b gene.

Ngày nhận bài: 18-11-2014