

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN QUẦN THỂ CÁ ĐỐI MỤC (*MUGIL CEPHALUS* L.) Ở VIỆT NAM BẰNG CHỈ THỊ SSR

Trần Thị Việt Thanh^{1,✉}, Phan Kế Long^{1,2}, Jean Dominique Durand³, Đinh Thị Phòng¹

¹Bảo tàng Thiên nhiên Việt Nam, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

²Học viện Khoa học và Công nghệ, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

³Đại học Khoa học tự nhiên Thành phố Hồ Chí Minh

✉Người chịu trách nhiệm liên lạc. E-mail: thanhbttvn@gmail.com

Ngày nhận bài: 05.10.2017

Ngày nhận đăng: 02.04.2018

TÓM TẮT

Loài cá Đối mục (*Mugil cephalus* L.) Việt Nam thường sống ở các vùng nước ven bờ, cửa sông, đầm phá nước lợ ven biển, đồng thời là loài cá kinh tế, cho thịt chắc, ngon, phân bố từ Bắc đến Nam. Hiện nay, cá Đối mục đang bị khai thác quá mức do vậy số lượng cá thể trong mỗi quần thể ít dần. Để có cơ sở bảo tồn và khai thác bền vững, nghiên cứu này đã tiến hành đánh giá đa dạng di truyền nguồn gen cá Đối mục Việt Nam trên cơ sở phân tích 12 locus microsatellite (SSR) từ 70 cá thể trưởng thành (chiều dài chuẩn > 25 cm). Kết quả nghiên cứu đã xác định được 35 allele cho tất cả locus nghiên cứu, 10 locus có kết quả đa hình. Chỉ số băng đa hình (PIC) cho mỗi cặp mỗi đa hình trung bình 0,2889 (0,0289-0,5918). Hệ số gen dị hợp tử quan sát $H_o = 0,942$; hệ số gen dị hợp tử mong đợi $H_e = 0,517$; giá trị $F_{st} = 0,216$; $F_{is} = -0,8211$ ($F_{is} < 0$) đồng nghĩa với việc quần thể cá Đối mục có hệ số giao phối cận huyết rất thấp hay còn an toàn. Kết quả phân tích mối quan hệ di truyền cho thấy cá Đối mục Việt Nam đã phân chia thành 3 nhóm chính theo phân vùng địa lý (Vịnh Bắc bộ, miền Trung, miền Nam). Mức độ thay đổi phân tử rất thấp giữa các quần thể (29%) và giữa các cá thể trong cùng quần thể (71%).

Từ khóa: Cá Đối mục, đa dạng di truyền, *Mugil cephalus*, SSRs

GIỚI THIỆU

Cá Đối mục (*Mugil cephalus* L.) thuộc giống *Mugil*, Họ Mugilidae, Bộ cá vược phân lớp cá vây tia được ghi nhận ở 121 quốc gia và vùng lãnh thổ trên thế giới (IUCN, 2015). Loài cá Đối mục đã được ghi nhận ở Việt Nam từ năm 1936 (Chevey) và có phân bố ở vùng cửa sông (Luu Xuân Hòa, 2011). Hiện nay, loài cá Đối mục được ghi nhận ở 12 tỉnh/thành phố dọc biển Việt Nam với số lượng đã bị suy giảm, hiếm gặp ngoài tự nhiên (Trần Thị Việt Thanh, 2015). Năm 2016, Tổng cục bảo vệ nguồn lợi thủy sản đã xác định 13 loài cá Đối trong họ Mugilidae là đối tượng trong nuôi trồng thủy sản ở Việt Nam, trong đó cá Đối mục được quan tâm vì là loài cá có thịt ngon, chắc và có giá trị kinh tế, được thị trường trong và ngoài nước ưa chuộng, được xếp vào danh mục thủy sản được phép xuất khẩu.

Để có cơ sở bảo tồn và phát triển nhân nuôi mang lại hiệu quả kinh tế cho cơ sở nhân nuôi cần có đánh giá đa dạng di truyền cho loài cá này. Với sự phát triển không ngừng, nhiều kỹ thuật hiện đại được áp dụng

đánh giá đa dạng di truyền loài và chỉ thị microsatellite (SSR) là một trong những công cụ được sử dụng nhiều nhất vì cho kết quả chính xác, kinh phí thấp và dễ thực hiện. Trên thế giới, chỉ thị SSR được ứng dụng phổ biến cho các nghiên cứu về đánh giá đa dạng di truyền, bảo tồn loài như đánh giá loài cá kinh tế “*Channa argus*” ở Trung Quốc (Zhu *et al.*, 2014), đánh giá di truyền các loài thủy sản Ấn Độ (Sudaray *et al.*, 2016) và đặc biệt đánh giá đa dạng di truyền cá Đối mục ở Đài Loan (Xu *et al.*, 2010).

Ở Việt Nam, loài cá Đối mục chưa có cộng đồng về nghiên cứu đa dạng di truyền loài hoặc quần thể. Bài báo này sẽ cung cấp những thông tin mới nhất đánh giá đa dạng di truyền loài, đa dạng quần thể loài cá Đối mục Việt Nam, là cơ sở khoa học cho các nhà quản lý hoạch định việc nhân nuôi, bảo tồn và phát triển bền vững cá Đối mục ở Việt Nam.

VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

Vật liệu

Tổng số 70 mẫu cơ lưng hoặc vây bụng của cá Đối

mực (trưởng thành) được thu thập từ 3 khu vực: Vịnh Bắc Bộ, miền Trung, miền Nam (trung ứng 38 điểm thu tại 12 tỉnh, thành) của Việt Nam (Bảng 1). Mẫu cơ lưng hoặc vây bụng cá Đồi mực được thu thập, đánh số, bảo quản trong ethanol 70%, sau đó chuyển về phòng

thí nghiệm cho đến khi mẫu được sử dụng.

Trình tự 12 chỉ thị SSR khai thác từ GenBank (Bảng 2) được tổng hợp bởi Công ty Macrogen (Hàn Quốc).

Bảng 1. Thông tin các mẫu cá Đồi mực sử dụng trong nghiên cứu phân tử.

	Địa điểm	Nơi thu	Điểm thu	Ký hiệu mẫu	Số lượng
Vịnh Bắc Bộ (27 mẫu)	Quảng Ninh	Đảo Cô Tô, Ba Mùn, Minh Châu, Quảng Yên	4	S1, S3, Q13, Q14, Q17, Q18, Q30, Q34, Q43	9
	Hải Phòng	Cát Bà, Đồ Sơn, Cửa sông Văn Úc	3	P6, P9, P10, P14, P15, P16, E32, E33	8
	Nam Định	Giao Thiện, VQG Xuân Thủy, Cửa sông Ba Lạt, Quất Lâm	4	X1, X6, F1, F2, X15, F10, F11, ND27	8
	Hà Nội	Chợ Thanh Trì	1	H8, H10	2
Miền Trung (21 mẫu)	Hà Tĩnh	Thiên Cầm	1	J10, J11	2
	Quảng Bình	Bố Trạch, Đồng Hới, Hàm Ninh, Quảng Trạch	4	TB1, QB40, QB41, QB42, QB46, QB47, QB48, QB52, QB53	9
	Thừa Thiên Huế	Cầu Hai, Phú Lộc	2	K10, K11, JD1, JD2, JD3, JD4	6
	Phú Yên	Tuy Hòa, Đầm Ô Loan, Sông Cầu	3	PY1, PY3, PY4, C.6	4
Miền Nam (22 mẫu)	Bà Rịa Vũng Tàu	Làng Chài, biển Vũng Tàu, Bến Đính, Chợ cá	4	V3, V9, V10, V15, V19, V20	6
	Tp HCM	Bình Khánh, Cần Giờ, Long Phước	3	T12, T14, T19, T20	4
	Cần Thơ	Tân An, Cái Khế, Bà Bộ, Cảng Cái Cui	4	W11, W12, W18, W21, W27, W29	6
	Kiên Giang	Nam Du, Hòn Đất, Hà Tiên, Phú Quốc, Hòn Nghệ	5	10.30, 2, HN10, HT1, 10.6, 10.8	6
			38	Tổng cộng	70

Bảng 2. Trình tự nucleotide và nhiệt độ gắn mồi của 12 chỉ thị SSR (Xu *et al.*, 2010).

STT	Ký hiệu mồi	Trình tự lặp	Nhiệt độ bắt cặp [°C]
1	Muce-9	(TG) ₉ (AG) ₆	48
2	Muce-14	(TC) ₉	50
3	Muce-16	(GA) ₆ A(AG) ₃	48
4	Muce-26	(ACAA) ₃	50
5	Muce-37	(AC) ₇	47
6	Muce-38	(GA) ₅ (GGAGA) ₄	50
7	Muce-44	(CA) ₅ (GA) ₄ (CA) ₁₁	51
8	Muce-51	(GA) ₇	49
9	Muce-55	(TC) ₆ (GCTC) ₅	47
10	Muce-57	(G) ₁₃	50
11	Muce-74	(CT) ₁₃	50
12	Muce-80	(AG) ₁₂	48

Phương pháp

Tách DNA tổng số

DNA tổng số được tách từ cơ lưng hoặc vây bụng cá Đồi mực bằng phương pháp Zang và Shi (1989) có cải tiến một số thành phần đệm chiết. Xác định nồng độ DNA bằng máy quang phổ khả kế và

điện di kiểm tra trên gel agarose 0,9%. Sau khi loại RNA bằng enzyme RNAase, nồng độ DNA được pha đến 10 ng/μL.

Nhân gen bằng PCR

Phản ứng nhân gen được thực hiện trên máy PCR System 9700 (Mỹ) với thể tích mỗi phản ứng 25 μL,

gồm dung dịch đệm 1X PCR; 2,5 mM MgCl₂, 2 mM dNTPs; 0,5 pmol cho mỗi mỗi xuôi và ngược; 50 ng DNA tổng số và 0,5U *Taq* polymerase. Chu trình nhiệt của PCR: biến tính ở 94°C trong 3 min, tiếp sau 94°C trong 1 min, gắn mỗi 47 - 51°C trong 1 min kéo dài 72°C trong 1 min và kết thúc 72°C trong 10 min, giữ sản phẩm ở 4°C. Sản phẩm PCR được điện di trên gel polyacrylamide 6% trong 40 ml dung dịch đệm 1xTAE, nhuộm thuốc nhuộm an toàn và chụp ảnh trên máy soi gel của Hãng CLEARVER (Anh).

Phân tích số liệu

Phân tích số liệu theo quy ước: 1 = phân đoạn DNA xuất hiện và 0 = phân đoạn DNA không xuất hiện. Phân tích đánh giá hệ số tương quan kiểu hình theo 3 phương pháp: SM, Dice và Jaccard và 4 phương pháp phân nhóm UPGMA, WPGMA, liên kết hoàn toàn, liên kết đơn lẻ. Lập biểu đồ hình cây theo phương pháp của Nei (1973), trong phần mềm NTSYS 2.0, version 2.0, giá trị Bootstrap được hỗ trợ bởi phần mềm Win-Boot với số lần lặp lại 1.000 lần.

Số liệu PCR-SSR được kiểm tra, sửa lỗi bằng phần mềm Micro-checker version 2.2.3. Các chỉ tiêu phân tích di truyền như cân bằng Hardy-Weinberg, hệ số gen dị hợp tử quan sát (*Ho*), hệ số gen dị hợp tử mong đợi (*He*), hệ số khác biệt di truyền (*Fst*) bằng phần mềm Arlequin version 3.1. Các thông số đa dạng di truyền ở mức độ quần thể và loài của cá Đồi mục như số allele trung bình (*Na*), số allele hiệu quả (*Ne*), các thông số đa dạng di truyền quần thể như tỷ lệ locus đa hình (*PPB*), chỉ số đa dạng di truyền Shannon (*I*)... sử dụng phần mềm GenAlEx trên cơ sở phân tích mức độ thay đổi phân tử (AMOVA) để tính toán mức độ khác biệt giữa các quần thể và sự khác biệt giữa các cá thể trong quần thể.

KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Với 12 chỉ thị SSR được nhân bản từ 70 mẫu nghiên cứu, chúng tôi đã xác định được 35 allele khác nhau, với kích thước dao động từ 95 bp đến 344 bp trong đó có 10 locus đa hình được tìm thấy cho loài cá Đồi mục ở Việt Nam. Số allele trung bình 2,91 cho một locus, dao động từ 2 (Muce 9, Muce 37, Muce 55) đến 4 (Muce 14, Muce 38, Muce 51) phân đoạn. Giá trị PIC được tính toán cho tất cả các cặp mỗi SSR, cao nhất là 0,5918 tìm được với chỉ thị Muce 51 và thấp nhất là 0,0289 với chỉ thị Muce 55 (Bảng 3). Hàm lượng thông tin đa hình trung bình cho 12 chỉ thị SSR là 0,2899 (< 0,5). Tỷ lệ phân đoạn đa hình dao động từ 50% đến 100%, trong đó có đến 5/12 chỉ thị có tỷ lệ phân đoạn đa hình là 100% (chỉ thị Muce 16, Muce 26, Muce 38,

Muce 55, Muce 80).

Kết quả so sánh giữa các quần thể có giá trị allele quan sát trung bình (*Na*) thay đổi từ 2,333 (khu vực Vịnh Bắc bộ) đến 2,50 (khu vực miền Trung) với giá trị trung bình của 3 quần thể là 2,417. Số allele hiệu quả (*Ne*) dao động từ 2,039 (khu vực Vịnh Bắc bộ) đến 2,128 (khu vực miền Trung) với giá trị trung bình là 2,084. Giá trị của hệ số gen dị hợp tử quan sát (*Ho*) khác nhau giữa các quần thể, trung bình 0,942, dao động từ 0,929 ở khu vực miền Trung đến 0,951 ở khu vực Vịnh Bắc bộ. Trong khi giá trị hệ số gen dị hợp tử mong đợi (*He*) dao động từ 0,508 ở quần thể Vịnh Bắc bộ đến 0,525 ở quần thể miền Trung. Giá trị *Uhe* > 0,5 và chỉ số cố định trung bình (*F* = -0,828). Chỉ số *F* < 0 cho thấy tổng đàn cá Đồi mục ở Việt Nam an toàn, đây là tín hiệu tốt cho công tác bảo tồn đa dạng di truyền loài cá này trong khu vực (Bảng 4).

Giá trị chỉ số đa dạng di truyền Shannon (*I*) được tính toán cao nhất ở quần thể miền trung (*I* = 0,782), sau đó đến quần thể miền Nam (*I* = 0,758) và thấp nhất là quần thể Vịnh Bắc bộ (*I* = 0,735). Chỉ số đa dạng di truyền theo Shannon > 0,5 cho thấy mức độ an toàn giữa các loài trong khu vực nghiên cứu, chưa có nguy cơ cận huyết trong loài. Mặt khác chúng tôi tiến hành so sánh các thông số di truyền của 12 chỉ thị (Bảng 3) cho kết quả chỉ số giao phối cận huyết *Fis* = - 0,8211 (*Fis* < 0) đồng nghĩa với việc quần thể cá Đồi mục là an toàn. Trên bảng 4 với chỉ số khác biệt về di truyền giữa các quần thể *Fst* = 0,0216 (*Fst* < 0,05) đối chiếu với công bố của Nei *et al.*, (1987) cho thấy sự sai khác di truyền giữa các cá thể là rất nhỏ.

Tuy nhiên, mức độ thay đổi phân tử (AMOVA) giữa 3 khu vực và giữa các cá thể trong từng khu vực cho thấy tổng mức độ thay đổi phân tử rất thấp giữa các quần thể (29%) và giữa các cá thể trong cùng quần thể (71%) rất cao (Bảng 5). Kết quả nghiên cứu của chúng tôi cũng tương đồng với kết quả phân tích của Xu *et al.*, (2010) khi phân tích 35 mẫu cá Đồi mục thu ở biển Hoa đông (Trung Quốc) cùng với 12 chỉ thị SSR.

Quần thể ở mỗi khu vực có xu hướng tự điều chỉnh cá thể về trạng thái cân bằng thông qua các hình thức sinh sản, tử vong, xuất cư, nhập cư. Mức độ đa dạng di truyền trong khu vực thấp cho thấy những tác động của môi trường trong khu vực nghiên cứu còn ở mức an toàn chưa ảnh hưởng hay tác động xấu cho quần thể. Trong khi biến đổi giữa các cá thể trong khu vực cao có nghĩa tính bảo thủ của từng cá thể cao hay sự an toàn của loài trong khu vực.

Bảng 3. Giá trị PIC và tỷ lệ phân đoạn đa hình của 70 mẫu cá Đồi mục với 12 chỉ thị SSR.

Locus	Trình tự cặp mồi (5'-3')	Kích thước (bp)	PIC	Phân đoạn đa hình	Phân đoạn đồng hình	Tổng số phân đoạn (Số allele)	% phân đoạn đa hình (PPB)	Fis
Muce-9	F: ATAAAGACTTGAAGGGAA R: GTTGAGGTAGTTAGGAGC	100-134	0	0	2	2	0	-1,0000
Muce-14	F: AGTGACACCGTATCTGGTC R: CTCCGTAGTAGTAACAATGAAA	172-344	0,3699	3	1	4	75	-0,5042
Muce-16	F: TGGCTGGGTCCGTTAGAT R: TGGCGTCACAAGAACATTGA	160-170	0,2539	3	0	3	100	-0,8846
Muce-26	F: TGCGGAGACAATGTAAAC R: AAATGAAACAATCCACCC	194-214	0,0552	2	0	2	100	-0,6474
Muce-37	F: TACTCAGCCAGCAGGTGT R: AATACAGGGTTGTTGTCG	222-248	0	0	2	2	0	-1,0000
Muce-38	F: GCACCAACATCTCACCTG R: CCTACCATTACCCCTCT	178-215	0,2261	4	0	4	100	-0,7751
Muce-44	F: GCTTCGGAGGACCAAC R: CGACAGCCACTGTTATG	180-296	0,2959	2	1	3	66,67	-0,8969
Muce-51	F: TGTCCGTTTTGGTAAGC R: TCGCCTTTTCATCTCA	168-175	0,5918	2	2	4	50	-0,9425
Muce-55	F: AGAAGAAGACAGGACTC R: AGAAATACTCTGCTAACCT	95-150	0,0289	2	0	2	100	-1,0000
Muce-57	F: GCGATCATCTCCACAATA R: CGTTCACAGTGCCTAACAG	117-171	0,4317	2	1	3	66,67	-0,5580
Muce-74	F: GACCCGTCGGCTATGTAA R: GATTTGTTGCTCCGTATCT	156-200	0,3055	2	1	3	66,67	-0,9247
Muce-80	F: ACTGGGTTTCAGATAGAAAT R: CTCGTGGAGGAAACATAA	196-230	0,3407	3	0	3	100	-0,7812
Tổng				25	10	35		-0,8211

Bảng 4. Thông số đa dạng di truyền của quần thể cá Đồi mục Việt Nam khi phân tích với chỉ thị SSR.

Khu vực	N	Na	Ne	I	Ho	He	Uhe	F	Fst
Vịnh Bắc bộ	27	2,333	2,039	0,732	0,951	0,508	0,518	-0,875	0,013
Miền Trung	21	2,500	2,128	0,782	0,929	0,525	0,538	-0,781	0,010
Miền Nam	22	2,417	2,086	0,758	0,947	0,518	0,531	-0,829	0,042
Trung bình		2,417	2,084	0,757	0,942	0,517	0,529	-0,828	0,0216

Ghi chú: N: số mẫu phân tích; Na: Số allele quan sát; Ne: số allele hiệu quả; I: chỉ số đa dạng Shannon; Ho: số lượng gen di hợp tử quan sát; He: hệ số gen di hợp tử mong đợi; Uhe: giá trị khác biệt về di truyền; F: chỉ số cố định; Fst: hệ số khác biệt di truyền.

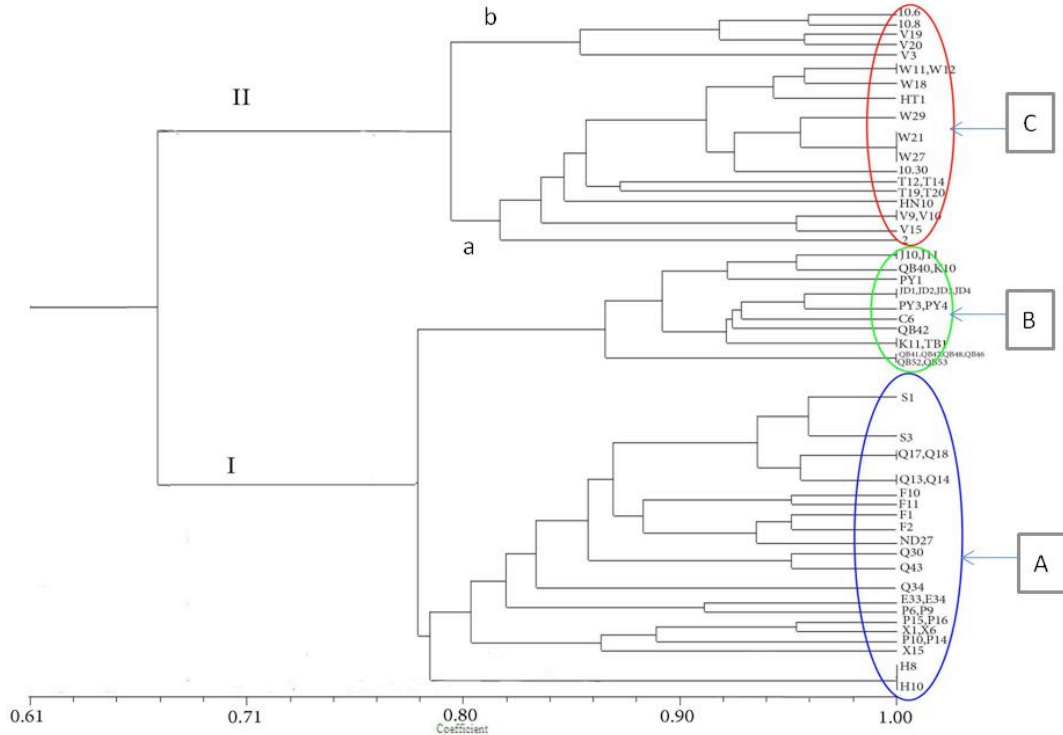
Kết quả phân tích mối quan hệ di truyền của các mẫu cá Đồi mục Việt Nam trên cơ sở phân tích 12 chỉ thị SSR (Hình 1) cho thấy quần thể cá Đồi mục Việt Nam chia thành hai nhánh chính: Nhánh I với 2 nhóm (A) và (B); nhánh II với nhóm (C). Nhóm (A) với 27 mẫu thuộc khu vực Vịnh Bắc Bộ nằm trọn một nhóm, có hệ số gen tương đồng từ 0,79 đến 1, mẫu S1 và S2 giống 97%, Q17 giống 100% Q18, E33 giống 100% E34. Tương tự nhóm (B) với 21 mẫu thuộc khu vực miền Trung nằm thành một nhóm, có hệ số gen tương đồng 0,87 đến 1, mẫu QB52, QB53 giống nhau đến

100%. Nhánh 2 với nhóm (C) với 22 mẫu thuộc khu vực miền Nam nằm thành một nhóm. Nhóm này chia thành 2 nhóm nhỏ II (a) với 17 mẫu trải đều 4 vùng thu ở miền Nam như Kiên Giang, Cần Thơ, Vũng Tàu và Cần Giờ (Thành phố Hồ Chí Minh), nhánh II (b) với 5 mẫu thu tại Phú Quốc và Vũng Tàu có hệ số gen tương đồng từ 0,85 đến 1.

Kết quả ghi nhận ở biểu đồ hình cây (Hình 1), 70 mẫu nghiên cứu chia thành với 3 nhóm tương ứng với 3 phân vùng địa lý (Vịnh Bắc bộ, miền Trung, miền Nam).

Bảng 5. Mức độ biến lượng phân tử (AMOVA) giữa 3 khu vực cá Đồi mục ở Việt Nam với 12 chỉ thị SSR.

Mức độ biến đổi di truyền	Bậc tự do (df)	Tổng bình phương (SS)	Trung bình tổng bình phương (MS)	Mức độ đa dạng (Est. var.)	Tổng % đa dạng	Giá trị P
Giữa các khu vực	2	17,570	8,785	0,343	29%	<0,001
Giữa các cá thể	67	55,958	0,835	0,835	71%	
Tổng cộng	69	73,529		1,178	100%	



Hình 1. Biểu đồ hình cây thể hiện mối quan hệ di truyền của 70 mẫu cá Đồi mục Việt Nam khi phân tích với 12 chỉ thị SSR, tính theo hệ số di truyền của Jaccard và kiểu phân nhóm UPGMA.

KẾT LUẬN

Đã xác định tính đa dạng di truyền cao của cá Đồi mục Việt Nam trên cơ sở phân tích 12 locus microsatellite (SSR) theo đó đã ghi nhận được tổng số 35 allele cho tất cả các locus nghiên cứu, 10/12 locus cho kết quả đa hình, chỉ số PIC trung bình cho từng chỉ thị là 0,2889 (0,0289-0,5918). Hệ số gen dị hợp tử quan sát (*H_o*) khác nhau giữa các khu vực: Vịnh Bắc bộ là 0,951, miền Trung là 0,929, miền Nam là 0,947. Trong khi giá trị hệ số gen dị hợp tử mong đợi (*H_e* > 0,5) các chỉ số dao động giữa từng khu vực Vịnh Bắc Bộ (0,508), khu vực miền Trung (0,525) và khu vực miền Nam (0,518). Mặt khác hệ số sai khác di truyền giữa các khu vực (*F_{st}*) là

0,0216, điều này cho phép nhận định mức độ đa dạng di truyền quần thể cá Đồi mục Việt Nam giữa các khu vực là chưa đáng lo ngại về vấn đề suy thoái nguồn gen.

Lời cảm ơn: Bẩy mươi mẫu nghiên cứu được thu thập từ Nhiệm vụ hợp tác quốc tế về KH & CN theo Nghị định thư với Ấn Độ (QĐ số 3833/QĐ-BKHCN, ngày 12/12/2011) được Bộ Khoa học và Công nghệ Việt Nam & Bộ Khoa học công nghệ Ấn Độ phê duyệt.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Abdul - Muneer PM (2014) Application of Microsatellite

- Markers in Conservation Genetics and Fisheries Management: Recent Advances in Population Structure Analysis and Conservation Strategies. *Genet Res Int* Article ID 691759, <http://dx.doi.org/10.1155/2014/691759>.
- Chevey P (1936) Communications présentées par l'Institut Océanographique de L'Indochine au 5e Congrès Scientifique du Pacifique (Vancouver 1933), 212 p.
- IUCN (2015) Red List of the Threatened Species.
- Luu Xuân Hòa (2011) Đa dạng sinh học trong hệ sinh thái đầm phá Việt Nam. Bản tin Viện Nghiên cứu Hải sản, *Bộ Nông nghiệp và Phát triển nông thôn số 21*, 7/2011.
- Nei M (1973) Analysis of genetic diversity in subdivided populations. *Proceeding of the National Academy of Sciences USA* 70: 3321-3323.
- Rohlf FJ (1998) NTSYS-pc: Numerical taxonomy: the principles and practice of numerical classification. WH. freeman and company, San Francisco.
- Peakall R, Smouse PE (2006) GenAlEx V5: Genetic Analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Australian National University, Canberra, Australia (<http://www.anu.edu.au/BoZo/GenAlEx/>).
- Sudaray JK, Kiran DR, Chakpani V, Pranati S, Dinesh K, Arun SN, Samiran N, Pallipuran J (2016) Simple sequence repeats (SSRs) markers in fish genomic research and their acceleration via next-generation sequencing and computational approaches. *Springer International Publishing, Switzerland* Vol 24(4).
- Trần Thị Việt Thanh, Phan Kế Long (2015) Hiện trạng và phân bố cá Đồi mực (*Mugil cephalus*) ở Việt Nam. *Proceeding Hội nghị khoa học lần thứ 6 về Sinh thái và tài nguyên sinh vật*: 850-854.
- Yap IV, Nelson RJ (1996) Winboot: a program for performing bootstrap analysis of binary data to determine the confidence of UPGMA-based dendrograms, IRRI, Manila.
- Xu TJ, Sun DQ, Shi G, Wang RX, (2010) Development and characterization of polymorphic microsatellite markers in the gray mullet (*Mugil cephalus*). *Genet Mol Res* 9: 1791-1795.
- Zhang YP, Shi LM (1989) Mitochondrial DNA polymorphism in five species of the genus *Macaca*. *Chin J Genet* 16: 325.
- Zhu SR, Li JL, Xie N, Zhu LM, Wang Q, Yue GH (2014) Genetic diversity based on SSR analysis of cultured snakehead fish, *Channa argus*, (Channidae) in China. *Genet Mol Res* 13(3): 8046-8054. <http://dx.doi.org/10.4238/2014>.

GENETIC DIVERSITY OF FISH (*MUGIL CEPHALUS* L.) IN VIETNAM USING SSR MARKERS

Tran Thi Viet Thanh¹, Phan Ke Long^{1,2}, Jean Dominique Durand³, Dinh Thi Phong¹

¹Vietnam National Museum of Nature, Vietnam Academy Science and Technology

²Graduate University of Science and Technology, Vietnam Academy Science and Technology

³University of Science, Vietnam National University, Ho Chi Minh City

SUMMARY

The flathead grey mullet species (*Mugil cephalus* L.) Vietnam is an euryhaline fish whose distribution ranges from the North to the South. Currently, *M. cephalus* is facing the threat of overexploitation, and the number of individuals in most populations is declining fast. In order to conserve the species in Vietnam, it is necessary to evaluate its genetic diversity. Therefore, this study was carried out in Vietnam from August 2012 to June 2015. The results of our study provided the analysis for 12 locus microsatellites (SSR) from 70 mature individuals (standard length > 25 cm). The study also identified a total of 35 alleles for all loci studied, among which 10 loci were polymorphic. Average value of polymorphic information content (PIC) for each polymorphic marker was 0.2889 (0.0289 to 0.5918). Coefficient heterozygous gene $H_o = 0.942$; $H_e = 0.517$; $F_{st} = 0.216$; $F_{is} = -0.8211$ ($F_{is} < 0$). The genetic relationship of 70 specimens or *M. cephalus* in Vietnam were divided in three main groups according to three specific geographic distributions in the country, the Gulf of Tonkin, the Central and the South. There were also mixed clusters observed among the three studied regions. Individuals in close geographical distance often clustered together and formed separate groups, in which the level of molecular changes were quite low, 29% among populations, and 71% among individuals within the same population.

Keywords: Flathead grey mullet, genetic diversity, *Mugil cephalus*, SSRs