

## ĐỊNH DANH LOÀI CÁ CHẠCH SÔNG DỰA TRÊN GEN TY THỂ COI

Vũ Thị Trang\*, Nguyễn Thị Thu Thủy, Trần Thị Thủy Hà  
Viện Nghiên cứu nuôi trồng thủy sản 1

### TÓM TẮT

Cá Chạch sông *Mastacembelus* là loài cá có giá trị kinh tế cao và phân bố tự nhiên rộng từ vùng nhiệt đới đến vùng cận nhiệt đới của châu Á và châu Phi. Việc định danh loài cá này có thể dựa trên hình thái như màu sắc thân, số gai lưng, số tia vây bụng, vây ngực... Tuy nhiên theo cách này thường gặp một số khó khăn khi phân loại ở cấp độ thấp hoặc mẫu phân loại có kích cỡ nhỏ. Ngày nay, phân tích dựa trên chỉ thị phân tử và những phần mềm chuyên dụng cho kết quả về định danh loài với độ tin cậy cao đã được ứng dụng rộng rãi. Trong nghiên cứu này, trình tự các nucleotide của đoạn gen Cytochrome oxidase subunit I (COI) thuộc gen ty thể trên 11 mẫu cá Chạch thu ở 3 tỉnh Hà Giang, Yên Bái và Tuyên Quang đã thể hiện một trình tự đặc trưng và có độ tương đồng tới 96 - 98% với loài cá Chạch *Mastacembelus armatus* (Lacepède, 1800). Bên cạnh đó, kết quả phân tích khoảng cách di truyền của các mẫu cá Chạch sông thể hiện mối quan hệ gần gũi giữa các cá thể trong cùng một vùng cũng như tính di cư của cá Chạch sông giữa các địa điểm nghiên cứu.

**Từ khóa:** *Mastacembelus armatus*, COI, định danh, trình tự nucleotide, khoảng cách di truyền.

### MỞ ĐẦU

Cá Chạch sông có tên tiếng Anh là Tire track eel [1] hay Zigzag eel thuộc bộ Synbranchiformes, họ Mastacembelidae, chi *Mastacembelus*. Đây là loài bản địa, sinh sống ở sông ngòi ở Ấn Độ, Pakistan, Sumatra, Sri Lanka, Thái Lan, Việt Nam, Indonesia và một số khu vực khác ở Đông Nam Á. Tại nhiều nước, cá Chạch sông là một trong những loài cá thực phẩm quan trọng. Với đặc tính nghiêng về ăn động vật, cá Chạch sông ăn ấu trùng, côn trùng và giun đất ở tầng đáy. Ở Việt Nam, cá Chạch sông là một trong những loài cá có giá trị kinh tế cao, phân bố ở các hệ thống sông suối nước ngọt từ miền Bắc cho đến miền Nam [2, 8, 11, 12]. Theo Nguyễn Quốc Đạt (2007) [3], ở khu vực Đồng bằng sông Cửu Long có 3 loài thuộc chi *Mastacembelus* là *M. armatus* (chạch sông); *M. erythrotenia* (chạch lừ) và *M. favus* (chạch lấu). Ở miền Bắc, theo Mai Đình Yên (1978) [11] và Kottelat (2001) [7], có 2 loài *M. armatus* và *M. aculeatus* hay *Sinobdenlla sinensis*. Gần đây nhất, Nguyễn Văn Hào (2005) [8] cho biết có 4 loài *M. armatus*; *M. dienbienensis*; *M. thacbaensis* và *Sinobdenlla*

*sinensis* thuộc hai chi là Chạch sông *Mastacembelus* và chạch gai *Sinobdenlla*. Việc định danh loài cá này có thể dựa trên hình thái như màu sắc thân, số gai lưng, số tia vây bụng, vây ngực... Tuy nhiên theo cách này thường gặp một số khó khăn khi phân loại ở cấp độ thấp, mẫu phân loại có kích cỡ nhỏ hay một số đặc điểm hình thái bị thay đổi do ảnh hưởng của môi trường sống. Như vậy, việc lai tạo giữa các loài cá Chạch là có thể xảy ra khi thu gom cá tự nhiên làm nguồn cá bố mẹ, đặc biệt khi kích cỡ cá bố mẹ khác nhau nhiều. Trong nhiều trường hợp, lai tạo giữa các loài có cho kết quả khả quan hay không vẫn còn là câu hỏi. Xác định chính xác loài cá Chạch là việc làm có ý nghĩa quan trọng, giúp hình thành các quần đàn bố mẹ cùng loài, tạo ra con lai có khả năng sinh sản. Từ đó khép kín vòng đời, tạo con giống thông qua sinh sản nhân tạo cũng như hỗ trợ các chương trình bảo tồn, lưu giữ nguồn gen cá Chạch sông. Ngày nay, phân tích dựa trên chỉ thị phân tử và những phần mềm chuyên dụng cho kết quả về định danh loài với độ tin cậy cao đã được ứng dụng rộng rãi. Hơn thế nữa, dữ liệu về trình tự gen vùng COI của cá Chạch sông đã được công bố đầy đủ trên ngân hàng gen với số hiệu KJ184553.1, đây là cơ

\* Email: vtrang@ria1.org

sở quan trọng để phân tích dữ liệu trên đối tượng này.

Trong nghiên cứu này, cá Chạch sông ở ba tỉnh Hà Giang, Tuyên Quang và Yên Bái được thu và phương pháp sinh học phân tử đã được ứng dụng nhằm định danh đến loài cá Chạch sông. Với mong muốn kết quả sẽ cung cấp thông tin để hỗ trợ các chương trình sản xuất giống cũng như góp phần vào bảo tồn, lưu giữ nguồn gen của loài cá quý này.

#### VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

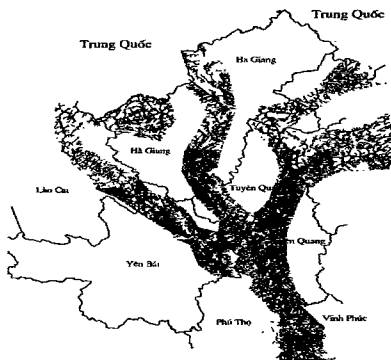
##### Vật liệu

Mẫu cá Chạch sông được thu tại sông ở một số tỉnh miền núi phía Bắc: Hà Giang, Yên Bái và Tuyên Quang.

Cá Chạch sông được thu mẫu dựa trên đặc điểm hình thái theo phân loại của Nguyễn Văn Hào (2005) [8]. Kích cỡ cá dao động từ 100-500g/cá thể. Mẫu vây được cắt và bảo quản trong Ethanol 96% để chuẩn bị cho các bước phân tích tiếp theo. Chi tiết về số lượng và ký hiệu của mẫu được trình bày trong Bảng 1.

##### Phương pháp nghiên cứu

Việc thực hiện tách chiết DNA, tối ưu phản ứng PCR và làm sạch sản phẩm PCR được thực hiện tại phòng thí nghiệm Di truyền - Chọn giống, thuộc Viện Nghiên cứu nuôi trồng thủy sản 1, Đình Bảng, Từ Sơn, Bắc Ninh.



Hình 1. Bản đồ thu mẫu tại các tỉnh Hà Giang, Yên Bái và Tuyên Quang

Bảng 1. Số lượng và kí hiệu mẫu cá Chạch sông

TT	Địa điểm thu mẫu	Kí hiệu mẫu	Số lượng mẫu
1	Sông Lô - Hà Giang	HG	2
2	Sông Chảy - Yên Bái	YB	2
3	Sông Năng - Tuyên Quang	TQ	2
	Sông Gâm - Na Hàng - Tuyên Quang	NH	1
	Sông Gâm - Chiêm Hóa - Tuyên Quang	CH	4

### - Tách chiết DNA tổng số từ mẫu vây

DNA tổng số của 11 mẫu vây cá Chạch sông được tách chiết bằng cách dùng bộ kit Deaasy Tissue của hãng Qiagen (Đức). Số lượng và chất lượng của các mẫu DNA sau khi tách chiết được điện di kiểm tra trên gel agarose 0,8%.

- **PCR khuếch đại trình tự gen COI:** Phản ứng PCR để nhân đoạn vùng COI được thực hiện trên máy PCR Mastercycler Pro S. Cặp mồi FishF1-FishR1 được dùng để khuếch đại vùng COI [10]. Trình tự cặp mồi FishF1-FishR1 như sau:

Mồi	Trình tự mồi (5'-3')	Nhiệt độ gắn mồi
FishF1	TCAACCAACCACAAGACATTGGCAC	53°C
FishR1	TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA	

Phản ứng khuếch đại được thực hiện với tổng thể tích 25  $\mu$ l bao gồm: 100 mM Tris HCl (pH 8.3), 500 mM KCl (pH 8.3), 2,5  $\mu$ l MgCl<sub>2</sub> (25 mM), 1,0  $\mu$ l dNTPs (5 mM), 0,5  $\mu$ l mỗi loại mồi ngược và mồi xuôi (10 pm/  $\mu$ l mỗi mồi) và 1 u/  $\mu$ l Taq Polymerase, 2  $\mu$ l DNA khuôn (~ 100 ng/  $\mu$ l) và nước đệm ion. Chu kỳ nhiệt: biến tính ở 94°C trong 2 phút; 35 chu kỳ với 94°C trong 30 giây, 53°C trong 45 giây, 72°C trong 1 phút, kết thúc giai đoạn là kéo dài chuỗi ở 72°C trong 10 phút và giữ ở nhiệt độ 4°C.

### - Giải trình tự vùng COI của gen ty thể:

Sản phẩm PCR được điện di trên gel agarose 2% để kiểm tra kết quả. Sau đó, mẫu được tinh sạch bởi kit Expin<sup>TM</sup> PCR SV của hãng GeneAll và gửi đến công ty First BASE Laboratories, Malaysia để giải trình tự. Phần mềm phân tích Genomelab system được sử dụng để tạo các file trình tự và đọc chiều dài liên kết.

### - Phân tích và sắp xếp trình tự:

Các trình tự gen được kiểm tra chất lượng bằng chương trình Finch TV 1.4.0 (<http://www.geospiza.com>) [13]. Tiếp theo, chương trình CLUSTALW trong BioEdit được sử dụng nhằm so sánh và căn chỉnh trình tự.

- Thiết lập cây phân loài, xác định khoảng cách di truyền và định danh loài:

Việc định danh mẫu dựa trên phương pháp trình tự tương đồng được tiến hành dựa trên cơ sở dữ liệu GenBank. Trình tự DNA được so sánh và phân tích độ tương đồng với các trình tự trong ngân hàng gen quốc tế bằng phần

mềm BLAST. Các trình tự được chú giải dựa trên kết quả BLAST (độ tương đồng với các trình tự protein/ nucleotide đã biết). Trình tự đã giải mã được xác định chính xác dựa trên kết quả BLAST. Các trình tự tương đồng với các trình tự trong ngân hàng gen được xác định cùng với các thông số Coverage (độ bao phủ) và Identity (độ tương đồng).

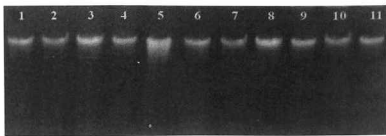
Số liệu được phân tích khoảng cách di truyền bằng phần mềm MEGA 6.0 [9]. Phương pháp Neighbour-joining (NJ) và mô hình khoảng cách Kimura 2-Parameter (K2P) [6] để xây dựng cây phát sinh loài của COI được áp dụng. Với bộ dữ liệu gốc, bootstrap 1000 lần được thực hiện nhằm đánh giá độ tin cậy của sự phân nhánh trên cây phân loài Neighbor-Joining (NJ).

### KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VÀ THẢO LUẬN

#### Kết quả tách chiết DNA và PCR

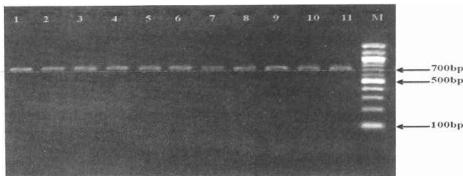
Kết quả kiểm tra DNA của cá Chạch sông trên gel agarose cho thấy các vạch băng sáng, rõ nét, một số mẫu kéo vệt không đáng kể. Điều này chứng tỏ DNA tổng số đã được tách chiết tốt và đủ điều kiện để thực hiện phản ứng PCR. Hình 2 minh họa kết quả tách chiết DNA của các mẫu sau khi điện di trên gel agarose.

Kết quả kiểm tra sản phẩm PCR cho thấy băng sản phẩm rõ nét, không xuất hiện sản phẩm phụ, kích thước đoạn gen được khuếch đại nằm trong khoảng phù hợp với nghiên cứu của Ward và cộng sự (2005) [10]. Như vậy, chiều dài của đoạn gen COI của cá Chạch sông được khuếch đại là phù hợp với kích thước mong đợi và đáp ứng chất lượng cho các bước phân tích tiếp theo (Hình 3).



**Hình 2.** Sản phẩm DNA tổng số sau khi điện di

Chú thích: Sản phẩm DNA tổng số của các mẫu HG1, HG2, YB1, YB2, TQ1, TQ2, NHI, CHI, CH2, CH3, CH4 tương ứng theo thứ tự từ 1-11



**Hình 3.** Sản phẩm PCR với cặp mồi *FishF1* và *FishR1*

Chú thích: *M. Ladder* (thang chuẩn 100bp); Sản phẩm PCR của các mẫu HG1, HG2, YB1, YB2, TQ1, TQ2, NHI, CHI, CH2, CH3, CH4 tương ứng theo thứ tự từ 1-11

### Kết quả phân tích, so sánh trình tự vùng gen COI và mối quan hệ di truyền của các mẫu nghiên cứu

Kết quả đọc hai chiều trình tự gen có độ tin cậy cao do đó có thể kiểm tra được sai sót trong quá trình giải trình tự. Sau khi kiểm tra, so sánh và xử lý các vùng trùng nhau chúng tôi đã thu được đoạn trình tự nucleotide của gen COI được khuếch đại bởi cặp mồi *FishF1* và *FishR1* của các mẫu cá Chạch sông nghiên cứu.

Kết quả BLAST cho thấy độ bao phủ và độ tương đồng cao của các trình tự nucleotide trên đoạn gen nghiên cứu của các mẫu cá Chạch sông này với các nghiên cứu khác đã được công bố trên ngân hàng gen NCBI (National Center for Biotechnology Information). Độ bao phủ là từ 98 – 100% và độ tương đồng dao động từ 96 – 98% (Bảng 2). Loài cá Chạch sông có trình tự nucleotide tương đồng đến 96 – 98% với trình tự nucleotide của các mẫu nghiên cứu có tên

khoa học là *Mastacembelus armatus* (Lacepède, 1800).

Đối với nhiều đối tượng sản, trong đó có cá Chạch, việc phân biệt đến loài chỉ dựa trên đặc điểm hình thái. Do vậy đã gặp một số khó khăn khi phân loại ở cấp độ thấp (cấp độ chi và loài) hoặc mẫu phân loại có kích cỡ nhỏ do đặc điểm hình thái khá giống nhau hoặc các đặc điểm sinh học bị thay đổi bởi môi trường sống. Việc phân loại bằng chỉ thị phân tử là thực sự cần thiết và có độ tin cậy cao để đảm bảo các cá thể bố mẹ được đưa vào sinh sản là cùng loài và tạo ra thế hệ con cũng có khả năng sinh sản, nhằm hỗ trợ việc khép kín qui trình sản xuất giống nhân tạo cũng như hỗ trợ các chương trình bảo tồn và lưu giữ nguồn gen. Kết quả nghiên cứu định danh loài bằng chỉ thị phân tử này có ý nghĩa thực tiễn cao. Như chúng ta biết, hiện nay cá bố mẹ phục vụ sinh sản nhân tạo cá Chạch sông dựa chủ yếu vào nguồn tự nhiên. Việc lai tạo các cá thể trong cùng một loài cá Chạch sông là điều

mong muốn khi ưu điểm của việc lai khác loài chưa được khẳng định. Với kết quả này, việc cung cấp giống cá Chạch sông do lai các cá bố mẹ cùng loài *M. armatus* thu ở các địa điểm khác nhau là cơ sở để hình thành qui trình ương nuôi cá Chạch sông *M. armatus*. Bảng 3 thể hiện khoảng cách di truyền gần gũi của các mẫu cá Chạch sông trong nghiên cứu này.

Hebert và cộng sự (2003) [4] cho rằng trình tự một gen riêng lẻ rất hiệu quả trong việc định danh tất cả các loài hoặc ít nhất là số lượng lớn các loài động vật và tác giả đề xuất rằng nên sử dụng gen ty thể COI trong hệ thống phân loại sinh học toàn cầu cho động vật. Trong nghiên cứu này, khoảng cách di truyền giữa các trình tự nucleotide của các mẫu nghiên cứu rất nhỏ, kết quả bảng 3 cho thấy khoảng cách này nằm trong khoảng 0,000-0,021, thể hiện các mẫu cá Chạch sông trong phạm vi nghiên cứu này thuộc cùng một loài.

Kết quả phân tích trong hình 4 cũng thể hiện rõ mối quan hệ của các mẫu cá Chạch sông nghiên cứu và mẫu được đăng ký trên ngân hàng gen có số hiệu KJ184553.1, thuộc cùng loài *M. armatus*. Nghiên cứu của Jamsari và cộng sự (2012) [5] cũng khuếch đại gen COI bằng cặp mồi FishF1 và FishR1 làm cơ sở để phân loại 9 loài trong họ cá Chạch sông (*Mastacembelidae*) thuộc 2 chi là chi *Mastacembelus* (5 loài, trong đó có loài *M. armatus*) và chi *Macragnathus* (4 loài). Nghiên cứu đã so sánh khoảng cách di truyền của 118 mẫu cùng loài, kết quả chỉ ra rằng các mẫu này thuộc cùng một loài với khoảng cách di truyền không vượt quá 0,072. Bên cạnh đó, nghiên cứu này cũng phân tích khoảng cách di truyền của 415 mẫu khác loài với khoảng cách di truyền dao động từ 0,114 đến 0,154. Như vậy kết quả nghiên cứu của chúng tôi hoàn toàn phù hợp với kết quả của nghiên cứu trước đó.

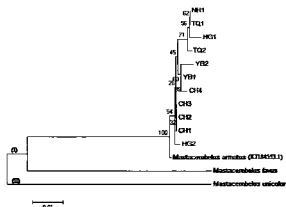
**Bảng 2. Kết quả so sánh BLAST trên ngân hàng gen NCBI**

STT	Mẫu	Loài tương đồng	Độ bao phủ (%)	Độ tương đồng (%)	Mã số trên NCBI
1	HG1	<i>Mastacembelus armatus</i>	99	98	KJ184553.1
2	HG2	<i>Mastacembelus armatus</i>	100	97	KJ184553.1
3	NH1	<i>Mastacembelus armatus</i>	98	97	KJ184553.1
4	TQ1	<i>Mastacembelus armatus</i>	100	97	KJ184553.1
5	TQ2	<i>Mastacembelus armatus</i>	99	97	KJ184553.1
6	YB1	<i>Mastacembelus armatus</i>	99	97	KJ184553.1
7	YB2	<i>Mastacembelus armatus</i>	99	96	KJ184553.1
8	CH1	<i>Mastacembelus armatus</i>	99	97	KJ184553.1
9	CH2	<i>Mastacembelus armatus</i>	99	97	KJ184553.1
10	CH3	<i>Mastacembelus armatus</i>	99	97	KJ184553.1
11	CH4	<i>Mastacembelus armatus</i>	99	97	KJ184553.1

**Bảng 3. Khoảng cách di truyền của các mẫu cá Chạch sông**

Mẫu	HG1	HG2	NH1	TQ1	TQ2	YB1	YB2	CH1	CH2	CH3	CH4
HG1	0,000										
HG2	0,015	0,000									
NH1	0,008	0,013	0,000								
TQ1	0,010	0,015	0,002	0,000							
TQ2	0,008	0,013	0,000	0,002	0,000						
YB1	0,010	0,021	0,008	0,006	0,008	0,000					
YB2	0,007	0,018	0,005	0,003	0,005	0,003	0,000				
CH1	0,005	0,016	0,003	0,005	0,003	0,005	0,002	0,000			
CH2	0,005	0,016	0,003	0,005	0,003	0,005	0,002	0,000	0,000		
CH3	0,005	0,016	0,003	0,005	0,003	0,005	0,002	0,000	0,000	0,000	
CH4	0,013	0,015	0,013	0,011	0,013	0,011	0,008	0,010	0,010	0,010	0,000

Dựa trên các thông số ở bảng 2 và bảng 3, các trình tự sau khi so sánh và sắp xếp thẳng hàng được sử dụng cho việc phân tích mối quan hệ di truyền. Kết quả được trình bày ở hình 4 với cây phân loài và giá trị tin cậy được thể hiện trên các nhánh.



**Hình 4.** Cây phân loài Neighbor-Joining (NJ) các mẫu cá Chạch sông và hai loài khác cùng giống *Mastacembelus* dựa trên trình tự gen COI

Chúng tôi thiết lập cây phân loài dựa vào trình tự gen COI của các mẫu nghiên cứu kết hợp với trình tự *M. armatus* lấy trên ngân hàng gen với mã số là KJ184553.1 và của hai loài khác cùng giống *Mastacembelus* là *M. fustus* và *M. unicolor* với mã số trên ngân hàng gen lần lượt là JQ768966.1, JQ768974.1. Phả hệ trên được thiết lập và xây dựng theo phương pháp Neighbor-Joining với việc giả định các đặc điểm biến đổi có giá trị ngang nhau, khoảng cách tiến hóa tuân theo mô hình Kimura 2 tham số, giá trị bootstrap 1000 lần lặp lại và các thông số khác mặc định. Kết quả cây phân loài cho thấy các mẫu thu thập nghiên cứu cùng với 2 loài cá trên NCBI được chia làm hai nhóm lớn. Nhóm lớn thứ nhất (I) bao gồm 2 loài là *M. armatus* (11 mẫu nghiên cứu), loài *M. armatus* và loài *M. fustus*. Nhóm lớn thứ hai (II) là loài *M. unicolor*. Nhận thấy, các mẫu cá Chạch CH (Chiêm Hóa) trong nghiên cứu có mối quan hệ gần nhất với *M. armatus* với mã số KJ184553.1. Tất cả các mẫu thuộc nhóm *M. armatus* và *M. fustus* có mối quan hệ di truyền

gần gũi hơn khi so sánh chúng với loài *M. unicolor*. Khi so sánh mối quan hệ di truyền của 11 mẫu, mẫu CH4 (Chiêm Hóa 4) có mối quan hệ di truyền khác biệt nhất so với các mẫu còn lại được thu ở Chiêm Hóa. Tiếp đó là mẫu HG1 (Hà Giang 1) có mối quan hệ di truyền gần gũi với các mẫu được thu thập ở Tuyên Quang trong khi mẫu HG2 (Hà Giang 2) lại có mối quan hệ di truyền gần gũi với các mẫu được thu ở Chiêm Hóa. Kết quả trên cũng phản ánh thể hiện tính di cư của cá Chạch sông trong hệ thống sông suối dày đặc như các tỉnh miền núi phía Bắc nước ta.

## KẾT LUẬN VÀ ĐỀ XUẤT

### Kết luận

Kết quả phân tích trình tự một phần đoạn gen ty thể COI của 11 mẫu cá Chạch thu tại ba tỉnh Hà Giang, Yên Bái và Tuyên Quang cho thấy các mẫu cá này thuộc cùng một loài cá Chạch sông đã được phân loại trên thế giới với danh pháp khoa học là *Mastacembelus armatus* (Lacepède, 1800). Khoảng cách di truyền và mối quan hệ của các mẫu cá Chạch sông nghiên cứu thể hiện mức độ gần gũi giữa các cá thể trong cùng một vùng cũng như tính di cư của cá Chạch sông giữa các địa điểm nghiên cứu.

### Đề xuất

Trong khuôn khổ kinh phí có hạn, chúng tôi mới chỉ tập trung định danh loài bằng chỉ thị phân tử. Để có bức tranh tổng thể hơn về mối quan hệ di truyền giữa loài cá Chạch sông *Mastacembelus* cũng như các cá Chạch khác ở Việt Nam, cần mở rộng phạm vi nghiên cứu ở các vùng khác trong cả nước.

### TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. FishBase, (2007), *Mastacembelus armatus*, Ed. Ranier Froese and Daniel Pauly.
2. Nguyễn Hữu Đức, (1995), *Góp phần nghiên cứu khu hệ cá nước ngọt Nam Trung Bộ Việt Nam*, Luận án Phó Tiến Sĩ khoa học, Trường Đại học Sư phạm Hà Nội.
3. Nguyễn Quốc Đạt, (2007), *Thử nghiệm sản xuất giống nhân tạo cá Chạch sông (Macrognathus siamensis)*, Luận văn tốt nghiệp

cao học Ngành nuôi trồng thủy sản - Khoa Thủy sản - Trường Đại học Cần Thơ.

4. Hebert P.D.N., Cywinska A., Ball S.L. and Waard J.R., (2003), "Biological identifications through DNA barcodes", Proc. R. Soc. B, (270), 313-322.

5. Jamsari A.F.J., Latifah Z., Tam B.M., Nam So. and Siti Azizah M.N, (2012), *FISH-BOL*, Yeosu, South Korea.

6. Kimura M, (1980), "A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences", Journal of Molecular Evolution, (16), 111-120.

7. Kottelat M, (2001), *Check list the Freshwater fishes of Northern Vietnam*.

8. Nguyễn Văn Hào, (2005), *Cá nước ngọt Việt Nam*, Nxb Nông nghiệp, Hà Nội, tập III, 130-138.

9. Tamura, K., Stecher G., Peterson D., Filipiski A. and Kumar S, (2013), "MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0", Molecular Biology and Evolution, (30), 2725-2729.

10. Ward, R.D., Zemlak T.S., Innes B.H., Last P.R. and Hebert P.D.N (2005), "DNA barcoding Australia's fish species", Philosophical Transactions of the Royal Society of London B, (360), 1847-1857.

11. Mai Đình Yên, (1978), *Cá nước ngọt các tỉnh phía bắc Việt Nam*, Nxb Khoa học và Kỹ thuật, Hà Nội, 322-325.

12. Mai Đình Yên, Vũ Trung Tạng, Bù Lai và Trần Mai Thiên, (1979), *Ngư loại học*, Nxb Đại học và Trung học chuyên nghiệp Hà Nội, 326.

13. <http://www.geospiza.com>

## SUMMARY

### IDENTIFICATION OF ZIGZAC EEL BASED ON COI GENE

Vũ Thị Trang\*, Nguyễn Thị Thu Thủy, Trần Thị Thủy Hà

Research Institute for Aquaculture No 1

Zigzac eel, *Mastacembelus* has high economic value and wide natural distribution from tropical to subtropical regions of Asia and Africa. The species identification can be based on morphology such as the body color, the number of ray from dorsal fin, the ventral fin, pectoral fin... However, this method often meets with difficulties that results in imprecise conclusion because of detail levels of classification or small size samples. Today, molecular markers and specific software for species identification with high reliability have been widely applied. In this study, the nucleotide sequence of Cytochrome oxidase subunit I (COI) - mitochondrial gene from 11 individuals of zigzac eel collected in Ha Giang, Yen Bai and Tuyen Quang provinces has shown a specific sequence and similar up to 96-98% with *Mastacembelus armatus* (Lacepede, 1800). Besides, genetic distance of these samples shown the close relationships between individuals in the same location as well as the migration of zigzac eel between three locations.

**Keywords:** *Mastacembelus armatus*, COI, identification, nucleotide sequence, genetic distance.

Ngày nhận bài: 12/01/2016; Ngày phản biện: 06/01/2016; Ngày duyệt đăng: 29/4/2016

**Phân biên khoa học:** TS. Kim Thị Phương Oanh - Viện Hàn lâm KH&CN Việt Nam

\* Email [vttrang@rial.org](mailto:vttrang@rial.org)