

DỰ ĐOÁN MÔ HÌNH DI CƯ CÁ VỎ ĐÉM *Pangasius larnaudii* (SILURIFORMES: PANGASIIDAE) Ở HẠ LƯU SÔNG MEKONG

Trương Thị Oanh^{1,2}, Ngô Thái Bích Vân¹, Đặng Thúy Bình^{2*}

¹Trường Đại học Bách Khoa, Đại học Đà Nẵng

²Viện Công nghệ Sinh học và Môi Trường, Trường Đại học Nha Trang

TÓM TẮT

Cá vỏ đém *Pangasius larnaudii* Bocourt, 1866 (Siluriformes: Pangasiidae) là loài cá da trơn kích thước lớn, giá trị kinh tế cao và được biết đến với khả năng di cư chặng dài để kiếm ăn và sinh sản ở hạ lưu sông Mekong. Trong nghiên cứu này, chúng tôi tiến hành giải trình tự DNA dựa trên vị trí cắt giới hạn (Restriction site Associated DNA Sequencing –EzRAD) của cá vỏ đém thu thập ở hạ lưu sông Mekong (Lào, Thái Lan, Campuchia và Việt Nam). Kết quả thu được 1.176 chỉ thị phân tử đa hình nucleotide đơn (Single Nucleotide Polymorphism – SNPs) trung tính để khảo sát và dự đoán mô hình di cư của loài cá này, đồng thời kiểm chứng giả thuyết về cấu trúc quần đàn theo các hệ thống di cư trong lưu vực. Sử dụng ba phương pháp, mô hình di cư hiện tại (divMigrate), lịch sử phân tách và pha trộn quần thể (Treemix) và mô phỏng lịch sử sinh học quần thể (dadi), kết quả ủng hộ giả thuyết về sự phân nhóm quần thể của cá vỏ đém theo các hệ thống di cư. Đồng thời, các sự kiện và tuyến đường di cư xuôi dòng và ngược dòng được ghi nhận, phản ánh khả năng phát tán và khoảng cách di cư của *P. larnaudii*. Kết quả góp phần dự đoán mô hình di cư của cá, cung cấp dữ liệu phục vụ việc quản lý và bảo tồn nguồn lợi thủy sản trong bối cảnh môi trường sống đang ngày càng bị đe dọa bởi các hoạt động của con người.

Từ khóa: SNPs, hạ lưu sông Mekong, hệ thống di cư, mô hình di cư, *Pangasius larnaudii*.

MỞ ĐẦU

Sông Mekong bắt nguồn từ cao nguyên Tây Tạng (Trung Quốc) với chiều dài 4.909 km chảy qua địa phận của 6 quốc gia châu Á trước khi đổ ra Biển Đông, gồm Trung Quốc và Myanmar thuộc phần thượng lưu (Upper Mekong Basin-UMB); Lào, Thái Lan, Campuchia và Việt Nam thuộc phần hạ lưu (Lower Mekong Basin-LMB). Với sự đặc trưng về đa dạng các vùng sinh thái và chu kỳ nhịp lũ hàng năm, lưu vực sông Mekong được biết đến là nơi có nguồn lợi thủy sản phong phú, đặc biệt là các loài cá. Trong tổng số 1.148 loài cá được ghi nhận, khoảng 87% là loài có tập tính di cư và 50% sản lượng cá đánh bắt thuộc nhóm di cư đường dài (Hughes, 2024). Dựa trên sự phân bố và các tuyến đường di cư, ba hệ thống di cư đường dài (thượng lưu, trung lưu và hạ lưu) và ba hệ thống di cư ngắn (Khorat, Sekong-Sesan-Srepok (3S) và Biển Hồ) được xác định (Kang và Huang, 2021). Trong khi hệ thống di cư hạ lưu (bao gồm hệ thống di cư ngang Biển Hồ và 3S) và trung lưu (kể cả hệ thống di cư ngang Khorat) có sự kết nối/chồng lấp với nhau thì hệ thượng lưu tương đối cô lập.

Cá vỏ đém *Pangasius larnaudii* Bocourt, 1866 (Siluriformes: Pangasiidae) là loài cá da trơn có kích thước lớn (chiều dài thân đạt 130 cm, khối lượng 4,6 kg), và phân bố rộng ở sông và vùng ngập trong lưu vực LMB. Đây là loài có giá trị kinh tế cao và được biết đến với khả năng di cư chặng dài để kiếm ăn và sinh sản. Theo Poulsen và đồng tác giả (2004), thác Khôn, một hệ sinh thái phức tạp với độ cao 21 m và gồm nhiều thác ghềnh lớn nhỏ trải dài hơn 10 km nằm trên biên giới giữa Campuchia và Lào, là ranh giới giữa hệ thống di cư hạ lưu và trung lưu, điều này tạo nên sự di cư theo mùa khác nhau của cá vỏ đém. Vào đầu mùa mưa, các quần thể cá ở phía trên thác Khôn di cư ngược dòng, trong khi đó sự di cư xuôi dòng diễn ra ở dưới thác Khôn. Vào đầu mùa khô, sự di cư ngược dòng được ghi nhận phổ biến ở bên dưới thác Khone và chỉ quan sát thấy một số tuyến đường di cư xuôi dòng rải rác phía trên thác Khôn. Cá vỏ đém cũng được biết đến là loài di cư ngược dòng vượt thác Khôn để sinh sản. Cũng như các loài cá khác sinh sống ở sông Mekong, cá vỏ đém sinh sản vào đầu mùa mưa, điều này thuận lợi cho việc trứng và ấu trùng trôi theo dòng chảy xuống vùng ngập phía Nam Campuchia và Đồng bằng sông Cửu Long-ĐBSCL (Việt Nam) để sinh trưởng và phát triển.

Cũng như các con sông lớn khác trên thế giới, sông Mekong đang phải đối mặt với những thách thức lớn về môi trường do các hoạt động của con người. Trong đó, sự phát triển hàng loạt các đập thủy điện có thể cản trở các tuyến đường di cư nhằm tiếp cận các bãi đẻ cũng như vùng ngập để trú ẩn trong mùa khô đối với cá vỏ đém nói riêng và các loài cá di cư nói chung. Bên cạnh đó, việc xây dựng và vận hành các đập cũng làm thay đổi chế độ dòng chảy tự nhiên của sông, điều này không chỉ gây nhiễu tín hiệu di cư của cá trưởng thành mà còn ảnh hưởng đến sự trôi dạt của trứng và ấu trùng về hạ lưu (Poulsen *et al.*, 2004). Do đó, thông tin về mô hình di cư của các loài cá ở sông Mekong trở nên cần thiết trong công tác quản lý và quản lý nguồn tài nguyên cá trong bối cảnh môi trường sông của chúng ngày càng thay đổi.

Để dự đoán mô hình di cư, dữ liệu thông tin di truyền, chủ yếu là tần số alen, được phân tích dựa trên những công cụ tin sinh học với các thuật toán khác nhau. Trong số đó, tính năng “divMigrate” ước tính tỷ lệ di cư tương đối bất đối xứng và hướng di cư dựa trên sự chia sẻ tần số alen giữa các quần thể, và từ đó suy ra quần thể nguồn (*source*) và nhận (*sink*) (Sundqvist *et al.*, 2016). Phần mềm Treemix v1.13 ước tính lịch sử phân tách và pha trộn của các quần thể dựa trên sơ đồ hình cây được xây dựng bằng thuật toán Maximum Likelihood, và sau đó, số sự kiện di cư được dự đoán (Pickrell và Pritchard, 2012). Công cụ “dadi” sử dụng phổ tần số alen (site frequency spectrum - SFS) để suy ra lịch sử phát triển sinh học quần thể gồm kích thước quần thể, tỉ lệ di cư và thời gian phân hóa (Portik *et al.*, 2016). Các công cụ/ phần mềm sử dụng giá trị tối ưu để lựa chọn mô hình và thông số di cư phù hợp. Tuy nhiên, do cách tiếp cận khác nhau nên việc sử dụng công cụ hoặc chỉ số so sánh giữa các phần mềm là không phù hợp.

Cho đến nay, các nghiên cứu khảo sát mô hình di cư của cá vồ đém chỉ mới được thực hiện qua việc điều tra kiến thức của người dân địa phương (Poulsen *et al.*, 2004) và sử dụng phương pháp gắn thẻ trên các cá thể ở Tonlé Sap-Campuchia và ghi nhận khoảng cách di cư dựa vào các cá thể được đánh bắt trở lại (Hogan *et al.*, 2006). Nhằm bổ sung dữ liệu trong quản lý và phục hồi nguồn lợi, nghiên cứu này được thực hiện nhằm dự đoán mô hình di cư của cá vồ đém sử dụng chỉ thị phân tử đa hình nucleotide đơn, đồng thời kiểm chứng giả thuyết về cấu trúc quần đàn theo các hệ thống di cư ở LMB.

NGUYÊN LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

Đối tượng, địa điểm và phương pháp thu mẫu

Mẫu cá vồ đém *Pangasius larnaudii* được thu từ các ngư dân đánh bắt, chợ địa phương hoặc cảng cá ở 04 quốc gia Lào, Thái Lan, Campuchia và Việt Nam thuộc lưu vực hạ lưu sông Mekong (Lower Mekong Basin-LMB) từ 2017 - 2021. Tổng cộng 192 cá thể được thu thập tại 07 quần thể dựa trên ba hệ thống di cư ở LMB gồm (i) hệ thượng lưu (Paksan-PA, n=21 cá thể), (ii) hệ trung lưu (Ubon Ratchathani-UB, n=29; Ubon Ratchathani-sông Mun-UB-MR, n=24); (iii) hệ hạ lưu (Stung Treng-ST, n=32; Siem Riệp-SR, n=30; Đồng Tháp-DT, n=32; An Giang-AG, n=24). Tất cả các mẫu cá là nguồn thực phẩm của địa phương và đã chết tại thời điểm lấy mẫu, do đó, nghiên cứu không thực hiện việc phê duyệt của Hội đồng đạo đức động vật. Mẫu cơ cá được giữ trong ethanol 95%, tiến hành mã số hóa, vận chuyển về phòng thí nghiệm Sinh học phân tử, Trường Đại học Nha Trang và bảo quản ở -20°C để tiến hành các nghiên cứu về di truyền.

Tách chiết DNA và tạo thư viện gen EzRAD

DNA tổng số được tách chiết từ 30 mg mẫu cơ của từng cá thể cá vồ đém sử dụng bộ kit Wizard® SV Genomic DNA Purification System (Promega, Mỹ) theo hướng dẫn của nhà sản xuất và thực hiện hiệu chỉnh ở bước thu hồi với 03 lần rửa giải/ mẫu theo Dang *et al.* (2019). DNA từ các lần rửa giải được kiểm tra bằng kỹ thuật điện di trên gel agarose 1,5%. Mẫu DNA với band sáng rõ và không bị đứt gãy được lựa chọn và tiến hành xác định nồng độ bằng máy đo huỳnh quang Qubit® 2.0 Fluorometer (Invitrogen, Mỹ) sử dụng bộ kit Qubit dsDNA High Sensitivity (Thermo Fisher Scientific, Mỹ) theo hướng dẫn của nhà sản xuất.

Mẫu DNA (100 ng, ≥ 3 ng/ μ l) của từng cá thể cá vồ đém được tạo thư viện bộ gen bằng kỹ thuật ezRAD sử dụng bộ kit TruSeq Nano HT Library Preparation (Illumina, Mỹ). Quy trình tạo thư viện bộ gen được thực hiện theo Dang *et al.* (2019) gồm các bước chính: DNA bộ gen được phân cắt bằng 02 enzyme cắt giới hạn *Mbo*I và *Sau*3A1 (New England Biolabs), tạo đầu bằng, lựa chọn phân đoạn DNA có kích thước trong khoảng 350-550 bp, gắn nucleotide A (poly-A tailing) và adapter. Thư viện bộ gen được khuếch đại bằng kỹ thuật PCR và kiểm tra kết quả bằng kỹ thuật điện di trên gel agarose 1,5%. Các thư viện bộ gen được tiến hành giải trình tự hai chiều (pair-end) bằng hệ thống giải trình tự thế hệ mới HiSeq 4000 (Illumina, Mỹ) tại phòng Thí nghiệm Di truyền, Trường Đại học Texas A&M Corpus Christi, Hoa Kỳ.

Phương pháp xử lý số liệu

Xác định và sàng lọc các chỉ thị đa hình đơn nucleotide (Single Nucleotide Polymorphism-SNPs)

Quá trình xử lý số liệu bao gồm đánh giá chất lượng trình tự FASTQ, loại bỏ adapter và các base chất lượng thấp, lắp ráp *de novo* bộ gen tham chiếu, đóng hàng và xác định các chỉ thị SNPs thô được thực hiện theo quy trình dDocentHPC (<https://github.com/cbirdlab/dDocentHPC>). Dữ liệu SNPs thô được sàng lọc qua các thông số như mô tả của Dang *et al.* (2019) nhằm lựa chọn những SNPs đặc trưng của các quần thể sử dụng công cụ vcftools v0.1.11 và vcfFilter v1.0.0.

Sau đó, nghiên cứu tiến hành kiểm định loci ngoại vi (outlier loci) sử dụng phần mềm Lositan Selection Workbench và BayeScan v2.1. Đối với Lositan, các loci ngoại vi được xác định bằng cách so sánh sự phân bố loci quan sát ở mức tin cậy 99% và 1% (với giá trị FDR < 0,05). Các loci ngoại vi được loại khỏi tập dữ liệu để thu nhận các SNPs trung tính sử dụng cho việc khảo sát và dự đoán mô hình di cư của cá vồ đém ở LMB.

Khảo sát và dự đoán mô hình di cư của cá vồ đém ở hạ lưu sông Mekong

Nghiên cứu tiến hành 03 phương pháp để khảo sát và dự đoán mô hình di cư của cá vồ đém ở LMB.

Thứ nhất, mô hình di cư hiện tại của các quần thể được khảo sát sử dụng tính năng “divMigrate” của gói dữ liệu “diveRsity” (Sundqvist *et al.*, 2016) và thực hiện trên phần mềm RStudio. Đầu tiên, mô hình di cư đối xứng được giả định để phù hợp với các quá trình di cư xảy ra ở tất cả các quần thể và tỉ lệ di cư tương đối nằm trong khoảng từ 0 đến 1 được ước tính dựa trên số lượng cá thể di cư trên mỗi thể hệ (effective number of migrants - Nm). Sau đó, hướng và tỷ lệ di cư tương đối được tính toán với khoảng tin cậy 95% và độ lặp lại 10.000 lần. Sau đó, mô hình di cư tối ưu được suy ra dựa trên giá trị độ tương đồng cosine cao nhất.

Thứ hai, lịch sử phân tách và pha trộn của các quần thể được dự đoán sử dụng phần mềm Treemix v1.13 (Pickrell và Pritchard, 2012). Một sơ đồ hình cây của các quần thể không gốc được xây dựng bằng thuật toán Maximum Likelihood dựa trên tần số alen của tập dữ liệu SNPs trung tính. Sau đó, các sự kiện di cư có thể xảy ra (migration events, m = 0-10) được khảo sát sử dụng phương pháp hồi quy từng bước. Số sự kiện di cư tối ưu được xác định bằng phương pháp evanno (Δm) bằng công cụ OptM v0.1.3 với mô hình có giá trị Δm cao nhất được xem là tối ưu.

Thứ ba, lịch sử sinh học quần thể cá vồ đém được thực hiện theo quy trình mô tả của Portik *et al.* (2016) (http://github.com/dportik/dadi_pipeline) sử dụng gói công cụ “dadi”. Nghiên cứu tiến hành khảo sát 33 mô hình di cư dựa trên sự phân bố tần số alen trên các vị trí đa hình ba chiều (3D-SFS) của ba nhóm quần thể được giả định, gồm (i) thượng lưu (Paksan); (ii) trung lưu (Ubon Ratchathani, Ubon Ratchathani – Mun), và (iii) hạ lưu (Stung Treng, Siem Riệp, Đồng Tháp, An Giang). Mỗi mô hình được thực hiện với các thông số bao gồm tỉ lệ đột biến trên từng base qua từng thế hệ được ước tính là $2,37 \times 10^{-5}$, thời gian thế hệ của loài là 5 năm, số lần lặp lại cho mỗi mô hình là 25 và phân tích được lặp lại 10 lần. Mô hình có giá trị Akaike's information criteria (AIC) nhỏ nhất được lựa chọn là mô hình tối ưu. Lịch sử phát triển mô hình sinh học (phân tách quần thể, thay đổi kích thước và mô hình di cư) được mô phỏng (dựa trên mô hình tối ưu với số lần lặp lại là 100 lần) sử dụng công cụ “demes” dựa trên ngôn ngữ lập trình Python.

KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Xác định và sàng lọc các chỉ thị đa hình đơn nucleotide

Tất cả các cá thể cá vồ đém (n=192) được thu thập từ 07 quần thể ở hạ lưu sông Mekong được tách chiết DNA tổng số và đảm bảo đạt nồng độ từ 3 ng/μl trở lên để tạo thư viện gen dựa trên kỹ thuật ezRAD. Thư viện gen của cá vồ đém với dải band có kích thước trong khoảng 350 – 550 bp được giải trình tự.

Kết quả giải trình tự 192 thư viện cá vồ đém thu được 313.556.278 đoạn đọc thô (kích thước mỗi đoạn đọc là 151 bp). Sau khi loại bỏ các base chất lượng kém, adapter và đoạn đọc có chiều dài nhỏ hơn 50 bp, 259.912.528 đoạn đọc chất lượng cao (chiếm 82,9%) được thu nhận. Bộ gen tham chiếu của cá vồ đém được lắp ráp *de novo* có kích thước là 35.729.239 bp (tỉ lệ GC là 35,1%). Dóng hàng các đoạn đọc của mỗi cá thể ở các quần thể với bộ gen tham chiếu, nghiên cứu xác định được 59.769 SNPs thô. Qua các thông số lọc được trình bày ở Bảng 1, 1.270 SNPs đặc trưng được chọn lọc từ 160 cá thể cá vồ đém. Sử dụng hai phương pháp BayeScan và Lositan, nghiên cứu xác định được 94 loci ngoại vi và tiến hành loại bỏ khỏi tập dữ liệu để thu được 1.176 SNPs trung tính.

Bảng 1. Số lượng cá thể và SNPs sau các bước lọc

Các thông số lọc	Số cá thể	Số SNPs
Các loci có hai alen	192	58.326
Loại bỏ đoạn chèn/xóa (indels)	192	48.526
Chất lượng trung bình (Q) > 30	192	48.526
Độ sâu bao phủ tối thiểu (minMeanDP) ≤ 5	192	33.622
Tỷ lệ phát hiện SNPs trên tất cả các cá thể (80%)	192	9.937
Số lượng Alen thay thế (MAC) < 3	192	9.022
Tần số alen thay thế (MAF)	192	8.556
Tỷ lệ phát hiện SNPs trên từng cá thể (>80%*)	160	1.917
Cân bằng HWE với độ tin cậy p<0,001	160	1.842
1 SNP/ contig	160	1.270

Khảo sát và dự đoán mô hình di cư của cá vồ đém ở hạ lưu sông Mekong

Mô hình di cư hiện tại

Mô hình di cư tối ưu của các quần thể cá vồ đém ở LMB thể hiện sự trao đổi gen giữa các quần thể theo hướng ngược dòng và xuôi dòng, với tỉ lệ di cư tương đối dựa trên tần số alen được ghi nhận là 0,5 – 0,9, trong đó tỉ lệ di cư thấp nhất thể hiện từ SR đến UB (ngược dòng, qua thác Khone) và cao nhất từ AG đến DT (di cư ngang

giữa 2 nhánh sông) (Hình 1A). Quần thể PA thuộc hệ thống di cư thượng lưu thể hiện là địa điểm phát tán di cư (xuôi dòng) với tỉ lệ thấp (0,49). Ở hệ thống di cư trung lưu, quần thể UB thuộc dòng chính sông Mekong là địa điểm tiếp nhận nguồn từ hầu hết các quần thể và có sự di cư xuôi dòng đến quần thể DT ở ĐBSCL (tỉ lệ di cư tương đối = 0,77), trong khi đó, quần thể UB-MR thuộc dòng nhánh (sông Mun) là điểm phát tán nguồn gen đến các quần thể UB, ST, DT, AG và tiếp nhận nguồn gen từ PA và SR. Ở hệ thống di cư hạ lưu, quần thể ST thuộc khu vực giao thoa giữa hệ thống sông Mekong và 3S thể hiện là điểm tiếp nhận nguồn gen của hầu hết các quần thể và có sự di cư ngược dòng đến UB (tỉ lệ di cư tương đối = 0,83). Quần thể SR thuộc hệ thống Biển Hồ là điểm phát tán nguồn gen đến tất cả các quần thể. Trong khi AG là điểm tiếp nhận nguồn gen từ 3 quần thể (PA, UB-MR và SR) và phát tán đến 3 quần thể khác (UB, ST và DT) thì DT chủ yếu tiếp nhận nguồn gen từ hầu hết các quần thể, ngoại trừ SR. Nghiên cứu hiện tại ghi nhận sự di cư ngược dòng của cá vồ đém vượt qua thác Khôn, thể hiện qua 3 đường di cư từ AG đến UB, ST đến UB và SR đến PA với tỉ lệ di cư tương đối lần lượt là 0,64; 0,83 và 0,49.

Lịch sử phân tách và pha trộn quần thể

Sơ đồ hình cây của các quần thể được xây dựng bằng thuật toán Maximum Likelihood với 5 sự kiện di cư tối ưu ($\Delta m=0,9$) được thể hiện ở Hình 1B. Theo Hình 1B, 5 sự kiện di cư được suy ra gồm: (1) từ điểm trung gian trên thác Khone (UB và PA) và dưới thác Khone (AG và DT) đến AG (di cư xuôi dòng, tỉ lệ di cư $w = 0,48$), (2) từ điểm trung gian ở PA đến UB (di cư xuôi dòng, $w = 0,21$); (3) từ UB đến UB-MR (di cư ngang và ngược dòng, $w = 0,4$); (4) từ UB đến điểm trung gian của UB-MR và ST (di cư ngang và xuôi dòng, $w = 0,24$); và (5) từ điểm trung gian trên thác Khone (UB và UB-MR) và dưới thác Khone (SR và ST) đến DT (di cư xuôi dòng, $w = 0,27$).

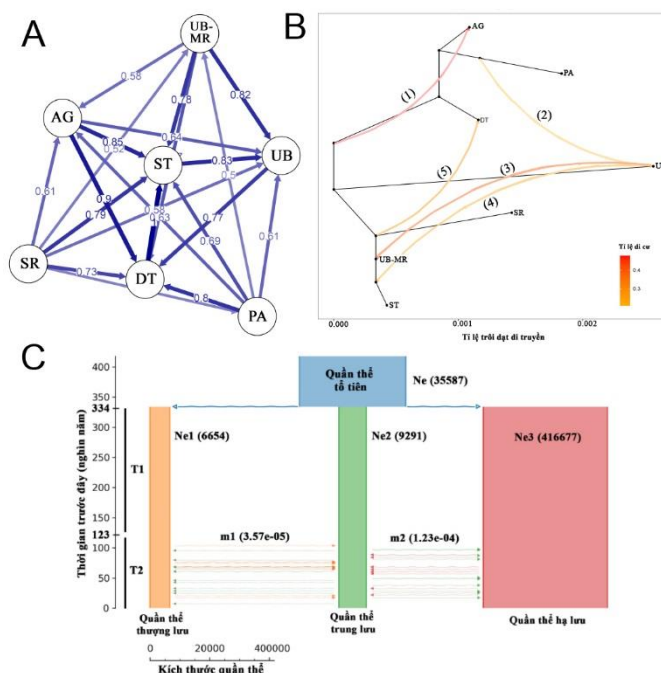
Lịch sử phát triển sinh học quần thể

Mô hình tối ưu được lựa chọn dựa vào giá trị AIC thấp nhất là “ba quần thể đồng thời phân tách, di cư thứ cấp giữa các quần thể liền kề”. Mô hình lịch sử phát triển sinh học quần thể ở Hình 1C cho thấy quần thể tổ tiên giả định với kích thước quần thể ước tính là 35.587. Tại thời điểm khoảng 334 nghìn năm trước, quần thể ban đầu đồng thời phân tách thành ba quần thể, thượng lưu, trung lưu và hạ lưu với kích thước quần thể ước tính lần lượt là 6.654; 9.291; và 416.677. Tại thời điểm khoảng 123 nghìn năm trước, giữa các quần thể liền kề xảy ra sự di cư thứ cấp, trong đó tỉ lệ di cư giữa quần thể thượng lưu và trung lưu là $3,57 \times 10^{-5}$ và giữa quần thể trung lưu và hạ lưu là $1,23 \times 10^{-4}$.

Nghiên cứu hiện tại ủng hộ giả thuyết sự phân nhóm quần thể của cá vồ đém theo ba hệ thống di cư đường dài (thượng lưu, trung lưu và hạ lưu) và các hệ di cư ngang (Biển Hồ, Khorat) ở LMB, trong đó sự di cư thứ cấp xảy ra giữa các quần thể liền kề (thượng lưu \leftrightarrow trung lưu, trung lưu \leftrightarrow hạ lưu) (phân tích dad). Các sự kiện di cư được suy ra chủ yếu là di cư xuôi dòng (Treemix) và chỉ ba tuyến đường di cư vượt Thác Khone được dự đoán (DivMigrate).

Cá vồ đém được biết là loài di cư đường dài để tìm kiếm thức ăn và sinh sản (Poulsen *et al.*, 2004), tuy nhiên khoảng cách di cư của loài này vẫn chưa được xác định. Ở mô hình di cư hiện tại divMigrate, nghiên cứu ghi nhận khoảng cách di cư ngược dòng của cá vồ đém xa nhất là từ Siem Riệp đến Paksan (hơn 1.000 km), tuy nhiên tỉ lệ di cư khá thấp ($w = 0,49$) (Hình 1A). Trong khi mô hình lịch sử phát triển sinh học quần thể cho thấy sự di cư thứ cấp giữa quần thể trung lưu và thượng lưu (tỉ lệ di cư $3,57 \times 10^{-5}$) (Hình 1C) thì lịch sử phân tách và pha trộn quần thể Treemix không ghi nhận sự kiện di cư nào liên quan đến hệ thống di cư này (Hình 1B). Ở khu vực thượng lưu, cá trưởng thành thường ở lại dòng chính để sinh trưởng và phát triển, cùng với số lượng vùng ngập ở khu vực này tương đối ít (Poulsen *et al.*, 2004), do đó việc di cư ngược dòng ở đoạn sông này không diễn ra hàng loạt và chỉ xảy ra với tần suất thấp. Bên cạnh đó, các nghiên cứu ở đoạn sông này còn hạn chế, do đó, thông tin về sự kết nối quần thể và tuyến đường di cư của cá vẫn chưa được biết đến.

Bên cạnh đó, thông tin về bãi đẻ của cá vồ đém vẫn chưa rõ ràng, các vùng ngập, đoạn sông dưới khu vực thác Khôn gần Stung Treng và ngay bên trên thác Khôn (Poulsen *et al.*, 2004) có thể là những khu vực thích hợp cho việc sinh sản. Với việc thực hiện di cư đường dài và ngược dòng để sinh sản, nghiên cứu ghi nhận sự di cư từ quần thể hạ lưu lên trung lưu và vượt qua khu vực thác Khôn ở mô hình di hiện tại và lịch sử phát triển sinh học quần thể (ST đến UB và SR đến PA, Hình 1A); di cư thứ cấp giữa quần thể hạ lưu và trung lưu Hình 1C). Điều này có thể thấy các vùng ngập ở ngay dưới và trên thác Khôn hoặc thậm chí ở thượng lưu có thể là bãi đẻ của loài cá này.



Hình 1. Mô hình di cư của cá vồ đém ở hạ lưu sông Mekong

A. Mô hình di cư hiện tại *divMigrate*, mũi tên chỉ hướng di chuyển dòng gen và các con số biểu thị tỉ lệ di cư tương đối, độ đậm nhạt của mũi tên tương ứng với tỉ lệ di cư tương đối từ cao đến thấp; B. Sơ đồ hình cây của các quần thể cá vồ đém được xây dựng bằng thuật toán *Maximum likelihood* và các sự kiện di cư được suy ra bằng *TreeMix*, mũi tên chỉ hướng của dòng gen, màu sắc và độ dày của đường biểu thị tỉ lệ di cư; C. Mô hình lịch sử phát triển sinh học quần thể tối ưu dựa trên gói công cụ *dadi*

Ở cả 3 phương pháp trong nghiên cứu hiện tại, sự di cư xuôi dòng của cá vồ đém thể hiện rõ ràng (Hình 1). Điều này có thể được giải thích bởi hai lý do: (i) sau khi sinh sản, cá trưởng thành thường di cư xuôi dòng về các vùng ngập và vực sâu ở hạ lưu, nơi thích hợp cho hoạt động tìm kiếm thức ăn và trú ẩn vào mùa khô; (ii) cá sinh sản vào đầu mùa mưa, thời điểm này nước sông Mekong dâng cao, tạo điều kiện cho trứng và ấu trùng trôi theo dòng chảy xuống vùng ngập phía Nam Campuchia và có thể đến ĐBSCL (Poulsen *et al.*, 2004).

Lịch sử phát triển sinh học quần thể của cá vồ đém cho thấy một quần thể giả định tổ tiên, tuy nhiên đến khoảng 334 nghìn năm trước đây (giai đoạn giữa kỷ Đệ tứ Quaternary, thế Pleistocen) xảy ra sự phân tách đồng thời ba nhóm quần thể thượng lưu, trung lưu và hạ lưu. Các sự kiện lịch sử về kiến tạo địa lý ở giai đoạn Pliocen - Pleistocene được xem là yếu tố tạo ra sự phân tách các quần thể. Cùng với đó, sự hình thành các hệ sinh thái do kiến tạo địa lý là điều kiện cho sự di cư thứ cấp xảy ra giữa các quần thể thượng-trung lưu, trung-hạ lưu. Điều này cũng được ghi nhận ở một số nghiên cứu trên các loài cá ở sông Mekong (Adamson *et al.*, 2010; Jamaluddin *et al.*, 2019).

Nghiên cứu hiện tại ghi nhận sự di cư giữa các quần thể thuộc ba hệ thống di cư (thượng – trung – hạ lưu) và các hệ di cư ngang (Biển Hồ, Khorat) (Hình 1). Đồng thời, các quần thể cá vồ đém vẫn duy trì ở mức độ khỏe mạnh với kích thước quần thể ước tính đều lớn hơn 500 (Hình 1C) (dựa theo quy tắc 50/500 của Franklin, 1980). Ở ba hệ thống di cư đường dài (thượng – trung – hạ lưu), thời điểm thu mẫu trong nghiên cứu hiện tại (2017 – 2021), hầu hết các đập thủy điện chưa đưa vào hoạt động. Ngoại trừ, đập Don Sahong (cao 22,5m) hoàn thành năm 2020 trên kênh Hou Sahong, kênh mà các loài cá di cư (kể cả cá vồ đém) có thể sử dụng để di chuyển qua khu vực thác Khôn, là điều đáng lo ngại cho tuyến đường di cư của các loài cá này. Ở hệ thống di cư ngang Biển Hồ - Mekong, việc không có các rào cản vật lý cùng với sự thay đổi hướng dòng chảy 2 lần/ năm của sông Tonle Sap đã tạo điều kiện cho cá vồ đém thực hiện di cư. Ở hệ thống di cư ngang Khorat, sự di cư của cá vồ đém từ SR đến UB-MR (Hình 1A) và UB đến UB-MR (Hình 1C) được ghi nhận. Qua đây có thể thấy kết quả dự đoán chưa ghi nhận những ảnh hưởng của đập thủy điện đến tuyến đường di cư của cá vồ đém, tuy nhiên, điều này không có nghĩa là không xảy ra trong tương lai gần. Một nghiên cứu gần đây ghi nhận sự ảnh hưởng của các con đập ở thượng nguồn sông Sesan là nguyên nhân gây cô lập quần thể cá lăng *Hemibagrus spilopterus* (Siluriformes: Bagridae) ở Đắk Lắk (Ackiss *et al.*, 2019).

Trong điều kiện các mối đe dọa ngày càng tăng và việc dự đoán ảnh hưởng của những thay đổi trong khu vực đòi hỏi một cái nhìn toàn diện hơn về lịch sử tự nhiên của các loài cá phân bố ở sông Mekong. Phương thức dinh dưỡng, tăng trưởng, đặc điểm sinh học sinh sản, đa dạng di truyền và sự kết nối quần thể là những thông tin

quan trọng nhằm cung cấp sự hiểu biết toàn diện hơn về sinh thái quần thể của các loài cá. Quản lý và giảm thiểu các mối đe dọa đối với các loài quan trọng về mặt sinh thái và kinh tế đòi hỏi sự hiểu biết sâu rộng về cấu trúc và động học quần thể, trong đó khảo sát và dự đoán các mô hình di cư đóng vai trò quan trọng trong đánh giá và bảo tồn các quần đàn thủy sản.

KẾT LUẬN

Nghiên cứu thu nhận được 1.176 SNPs trung tính từ 192 mẫu cá vồ đém thuộc 07 quần thể được thu thập ở LMB và tạo thư viện bộ gen. Sử dụng các phương pháp khảo sát và dự đoán mô hình di cư của cá vồ đém ở LMB (hiện tại, lịch sử phân tách và pha trộn quần thể, và mô phỏng lịch sử sinh học quần thể), nghiên cứu ghi nhận cá vồ đém là loài di cư chặng dài, mô hình và các sự kiện di cư hỗ trợ các tuyến đường di cư xuôi dòng và ngược dòng.

Lời cảm ơn: Nghiên cứu này được tài trợ bởi Chương trình Đối tác nâng cao trình độ nghiên cứu khoa học (PEER) và Cơ quan Hợp tác Phát triển Quốc tế (USAID), Hoa Kỳ qua dự án PEER 6-435. Nghiên cứu sinh Trương Thị Oanh được tài trợ bởi Tập đoàn Vingroup – Công ty CP và hỗ trợ bởi chương trình học bổng đào tạo thạc sĩ, tiến sĩ trong nước của Quỹ Đối mới sáng tạo Vingroup (VINIF), Viện Nghiên cứu Dữ liệu lớn (VinBigdata), mã số VINIF.2020.TS.34, VINIF.2021.TS091, and VINIF.2022.TS.091. Chúng tôi xin chân thành cảm ơn các thành viên dự án PEER 6-435 đã thu mẫu ở các quốc gia thuộc LMB và ThS. Trần Quang Sáng (Trường Đại học Nha Trang) đã hỗ trợ các phân tích về tin sinh học trong nghiên cứu này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Ackiss AS, Dang BT, Bird CE, Biesack EE, Chheng P, Phounvisouk L, Vu QHD, Uy S, Carpenter KE (2019). Cryptic lineages and a population dammed to incipient extinction? Insights into the genetic structure of a Mekong River catfish. *J Hered*, 110: 535–547.
- Adamson EAS, Hurwood DA, Mather PB (2010). A reappraisal of the evolution of Asian snakehead fishes (Pisces, Channidae) using molecular data from multiple genes and fossil calibration. *Mol Phylogenet Evol*, 56: 707–717.
- Dang BT, Vu QHD, Biesack EE, Doan TV, Truong OT, Tran TL, Ackiss AS, Stockwell BL, Carpenter KE (2019). Population genomics of the peripheral freshwater fish *Polynemus melanochir* (Perciformes, Polynemidae) in a changing Mekong Delta. *Conserv Genet*, 20: 961–972.
- Franklin IR (1980). Evolutionary changes in small populations. Soulé ME, Wilcox BM, eds. *Conservation Biology: an Evolutionary-Ecological Perspective*, Sinauer, Sunderland: 135–149.
- Hogan Z, Em S, Tach P, Hortle KG (2006). Tagging fish - a case study from the Tonle Sap, Cambodia. MRC Technical Paper, 12, 1-34.
- Hughes K (2024). The Mekong's forgotten fishes and the emergency recovery plan to save them. *WWF, Gland, Switzerland*.
- Jamaluddin JAF, So N, Tam BM, Ahmad A, Grudpan C, Page LM, Khaironizam MZ, Mohd NSA (2019). Genetic variation, demographic history and phylogeography of tire track eel, *Mastacembelus favus* (Synbranchiformes: Mastacembelidae) in Southeast Asia. *Hydrobiologia*, 838: 163–182.
- Kang B, Huang X (2021). Mekong fishes: Biogeography, migration, resources, threats, and conservation. *Rev Fish Sci Aquac*, 30: 170–194.
- Pickrell JK, Pritchard JK (2012). Inference of population splits and mixtures from Genome-wide allele frequency data. *PLoS Genet*, 8: e1002967.
- Portik DM, Leache AD, Rivera D, Blackburn DC, Rodel MO, Barej MF, Hirschfeld M, Burger M, Fujita MK (2016). Evaluating mechanisms of diversification in a Guineo-Congolian tropical forest frog using demographic model selection. *Mol Ecol*, 38: 42–49.
- Poulsen AF, Hortle KG, Valbo-Jørgensen J, Chan S, Chhuon CK, Viravong S, Bouakhamvongsa K, Suntornratana U, Yoorong N, Nguyen TT, Tran BQ (2004). Distribution and ecology of some important riverine fish species of the Mekong River Basin. *MRC Technical Paper*, 1–116.
- Sundqvist L, Keenan K, Zackrisson M, Prodöhl P, Kleinhaus D (2016). Directional genetic differentiation and relative migration. *Ecol Evol*, 6: 3461–3475.

PREDICTION MODELS FOR MIGRATION PATTERNS OF *Pangasus larnaudii* (SILURIFORMES: PANGASIIDAE) IN THE LOWER MEKONG RIVER BASIN

Trương Thị Oanh^{1,2}, Ngô Thái Bích Vân¹, Đặng Thúy Bình^{2*}

¹The University of Danang, University of Science and Technology

²Institute for Biotechnology and Environment, Nha Trang University

SUMMARY

The large body catfish *Pangasius larnaudii* Bocourt, 1866 (Siluriformes: Pangasiidae) is a high value species and is known for its ability to migrate long distances to feed and reproduce in the Mekong River. In this study, we applied the EzRAD-seqs of *P. larnaudii* collected from the Lower Mekong Basin - LMB (Laos, Thailand, Cambodia, and Vietnam). As a result, 1,176 neutral single nucleotide polymorphisms (SNPs) were obtained to apply prediction models for the migration patterns of this fish species. Three approaches including divMidrate, Treemix and dadi supported the hypothesized population structure of *P. larnaudii* in concordant to three migration systems at LMB (three systems). The complex downstream and upstream migration events and pathways were documented, which likely reflect species dispersal ability and migration distance. Current predictive results provide data for forecasting fish migration, which is essential for fisheries management and conservation efforts in the face of habitats increasingly threatened by human activities.

Keywords: SNPs, Lower Mekong Basin, migration system, migration pattern, *Pangasius larnaudii*.

* Author for correspondence: Tel: +84-904135750; Email: binhdt@ntu.edu.vn