

ÖNG DUNG GEN MA VACH TRONG PHAN LOAI CA

ThS. Nguyen Thanh Tam

Khoa Sinh học ồng dung – Tröông Nãi học Tay Nãi

NAT VAN NÛE

Tröök ñay cac phöông phap ñình danh va phan loai ca chui yeu döa vao hình thái học la chính. Hien nay, ña co nhieu phöông phap hien ñai ñe ñình danh ca nhö giai phau noi quan, sinh lý học, tap tính song, gen, isozyme va sö phan boi. Tuy nhien, viec döa vao hình thái ñe phan loai gap nhieu kho khan nhö cac giai ñoan phat trien cua ca se khac nhau, thu mau röi rac hay nhöng mau vat khong nguyen ven vi vay cang lam kho khan cho nhöng chuyen gia phan loai ca chz döa vao hình thái học.

Ña co mot cuoc ñieu tra tren quy moi rong va ña thu thap rat nhieu mau vat phuc vui cho nghien cầu vöi mot sö löông lớn cac chuyen gia tham gia ñình danh cac loai ca khac nhau, ñieu nay ton nhieu thời gian cho viec phan tích mau. Them vao ño, viec cung cap cac tai lieu cho viec phan tích cung gap nhieu kho khan cho cac chuyen gia. Do ño, van ñe nay ña anh höông ñen sö ñình danh va bao ton nguon ca tren toan cau.

Vì vay, viec öng dung cac gen ma vach trong phan loai va ñình danh ca ña ñöök phat trien ñe phuc vui cho viec ñình danh va bao ton nguon ca cho toan cau la rat can thiet.

NOI DUNG NGHIEN CẦU

1. ADN ma vach

ADN ma vach la mot phöông phap phan loai sö dung mot ñiem ñanh dau di truyen trong mot ñoan ADN ngan trong sinh vat ñe xac ñình sinh vat ño thuoc loai nao (Paul et al., 2003). Muc tieu chính cua no khong phai la xac ñình quan heoi hang ma la xac ñình nhöng mau vat cua nhöng loai ma tröök ño chöa ñöök biet ñien (Kress et al., 2005). ADN ma vach sö dung ñe ñình danh mot loai möi hoac la xac ñình chung phat sinh cung nhanh hay khac nhanh (Koch, 2010). Nhöng öng dung ve tien ích cua ADN ma vach ñang la ñe tai ñöök tranh cai nhieu nhät (Seberg va Petersen, 2009). Khu vöc ma vach ñöök sö dung chung nhät cho ñong vat ít nhät co mot ñoan khoảng 600 bp trong gen cua ty thei (COI).

2. Protocol va công cụ ma vach

Ña co mot döi an tra cầu rong lớn ñe truy cap nang cao va phan loai cac tai lieu can thiet cho sö ña dang sinh học nhö döi an thö vien di san ña dang sinh học "<http://www.biodiversitylibrary.org>", website döi tröi ten va hoai cua nhöng sinh vat ña ñöök phan loai "<http://www.zoobank.org>", sö ket hop cac tö khoa va cac hình ảnh ky thuật sö co ño phan giai cao ña rat höu ích cho sö phan loai. Tuy nhien, nhöng phöông phap phat trien tren khong cho phép xac ñình ñöök ca bot, ca giöng va nhöng mau vat röi rac. Trình tö ADN chuan co the giup cho sö ñình danh loai mot cach tot hơn.

FISH-BOL la mot nguon döi lieu ñien töi co chöa cac ADN ma vach, hình ảnh va sö phoi hop vöi mau phan tích, thông tin nay ñöök sö dung böi BOL va sau ño ñöök göi cho nguon cung cap döi lieu tren website cua FISH-BOL ñe phan loai döa tren tham quyen cua FISHBASE (Ratnasingham va Hebert, 2007).

Genbank chöa ñöng hang nghìn trình tö ADN cua ca. Döa vao Genbank ñe ñoi chieu sö phan loai ca ña va ñang ñöök sö dung rong rai (Ruedas et al., 2000; Pleijel et al., 2008).

3. Nhöng ket qua ñình danh ca döa tren ADN ma vach

Sö ñình danh loai bang phöông phap phan tích phan tö ña ñöök sö dung trong nhieu nam qua. Ñau tien la sö khac biet Allozyme ña ñöök sö dung (Avisé, 1975), tiep theo la sö kiem tra mtADN (Avisé, 1994). Phöông phap döa vao ADN co löi thei hơn döa vao protein vì ADN ít nhay

NGHIÊN CẦU - TRAO ĐỔI

cam trong quá trình làm biến tính (Hanner et al., 2005) và có thể được ứng dụng để phân tích trong tất cả các giai đoạn từ trứng đến con trưởng thành. Hơn nữa, phương pháp phân tích trình tự con có thể xác định được số lượng biến, tính khuếch đại của phản ứng chuỗi polymerase có thể phân tích với một mẫu nhỏ. Và vấn đề quan trọng nhất là trình tự ADN dễ dàng được nhận lên trong phòng thí nghiệm. Bartlett và Davidson (1991) là nhóm tác giả đầu tiên sử dụng trình tự mtADN để phân định cá và chứng minh rằng, trình tự Cytochrome b có thể sử dụng để phân loại 4 loài cá Ngộ. Sau đó, họ đã xuất trình tự của nucleotide là rất quan trọng (Bartlett và Davidson, 1992) nhờ một phương pháp để xác định cá, trình tự ADN đầu tiên được sử dụng để kiểm tra các gen và cá phân khác nhau của gen.

Để minh họa và làm nổi bật cho phương pháp phân tích ADN mà vạch để phân loại cá là 4 trình tự từ nghiên cứu các loài cá ở Úc (Ward et al., 2005; Ward và Holmes, 2007; Ward et al., 2007; Ward et al., 2008b), kết quả cho thấy có 546 loài từ 1.677 mẫu thu thập được, nhiều nhất là nhóm cá biển, kế tiếp là cá nước ngọt và cá vùng cửa sông.

Phân biệt quan hệ anh em của loài Hai Sam bang dựa trên di allozyme (Manwell và Baker, 1963), gần đây là một nghiên cứu phân tích ADN để xác định một loài động vật có vú lớn tại Việt Nam (Dung et al., 1993). Nicolas et al. (2008) đã sử dụng dữ liệu ADN mà vạch để phân định các loài cá nước ngọt tại Canada, kết quả phân tích cho thấy có 1.360 mẫu vạch COI 652 bp thu được 190 loài trong tổng số 85 giống và 28 họ.

Hui-Ling-Ko et al. (2013) đã phân tích những mẫu vạch COI của 100 mẫu cá bắt trong 5 phòng thí nghiệm cùng một lúc tại Nhật và đã xác định được 87 mẫu có cùng họ, 79 mẫu cùng giống và 69 mẫu cùng loài. Tỷ lệ về mức độ chính xác giữa các phòng thí nghiệm khá thấp: 80,1% cùng họ, 41,1% cùng giống, 13,5% cùng loài. Những này có một số sai sót trong phân định 5 họ: Sparidae, Scorpaenidae, Scombridae, Serranidae và Malacanthidae. Mặc khác, *Mene maculata* và *Microcanthus strigatus* có thể xác định chính xác loài bởi vì hình thái cá bắt có những đặc điểm đặc trưng của loài. Tuy nhiên, ADN mà vạch vẫn là phương pháp tốt cho sự phân định loài.

Tài liệu tham khảo

- Paul DN Hebert et al. (2003). "[Biological identifications through DNA barcodes](#)". [Proceedings of the Royal Society B](#) 270: 313–321.
- Koch, H. 2010. Combining morphology and DNA barcoding resolves the taxonomy of Western Malagasy Liotrigona Moure, 1961. [African Invertebrates](#) 51 (2): 413-421.
- Ruedas, L. A., Salazar-Bravo, J., Dragoo, J. W. & Yates, T. L. (2000). The importance of being earnest: what, if anything, constitutes a "Specimen Examined?" *Molecular Phylogenetics and Evolution* 17, 129–132.
- Pleijel, F., Jondelius, U., Norlinder, E., Nygren, A., Oxelman, B., Schander, C.,
- Ward, R. D. & Holmes, B. H. (2007). An analysis of nucleotide and amino acid variability in the barcode region of cytochrome c oxidase I (cox1) in fishes. *Molecular Ecology Notes* 7, 899–907.