

ĐA DẠNG DI TRUYỀN CÁ RÔ ĐỒNG (*ANABAS TESTUDINEUS*) Ở ĐỒNG BẰNG SÔNG CỬU LONG DỰA TRÊN GENE *AQUAPORIN 1aa*

GENETIC DIVERSITY OF THE CLIMBING PERCH (*ANABAS TESTUDINEUS*) IN THE MEKONG DELTA BASED ON *AQUAPORIN 1aa* GENE

TRƯƠNG THẾ QUANG^(*)

TÓM TẮT: Tách chiết và thu nhận được DNA tổng số của 15 mẫu cá rô đồng (*Anabas testudineus*) tại các vùng có độ mặn khác nhau ở Đồng bằng sông Cửu Long. Thiết kế và sàng lọc thu được cặp mồi đặc hiệu DNA/Aqp1-f và DNA/Aqp1-r để khuếch đại gene *AQP1aa* bằng kỹ thuật PCR. Giải trình tự, ráp nối và chú thích thành công gene *AQP1aa*. Kết quả so sánh quan hệ di truyền và đa dạng di truyền giữa các nhóm loài cá rô đồng dựa trên gene *AQP1aa*, nhóm 4 và nhóm 5 có khác biệt đa dạng di truyền cao nhất ($k_{45} = 4,800$; $D_{45} = 0,01026$), nhóm 1 và nhóm 2 có khác biệt đa dạng di truyền thấp nhất ($k_{12} = 0,571$; $D_{12} = 0,00127$).

Từ khóa: cá rô đồng; quan hệ di truyền; đa dạng di truyền; gene Aquaporin 1aa.

ABSTRACT: We extracted and obtained a total DNA of 15 climbing perch samples (*Anabas testudineus*) in different salinity zones in the Mekong Delta. Primer pairs DNA/Aqp1-f and DNA/Aqp1-r have been designed and screened to amplify the *AQP1aa* gene using PCR techniques. We successfully sequenced, assembled and annotated *AQP1aa* gene. Results of comparing genetic relationships and genetic diversity between groups of climbing perch based on *AQP1aa* gene show that group 4 and group 5 had the highest genetic diversity difference ($k_{45} = 4.800$, $D_{45} = 0.01026$), group 1 and group 2 had the lowest genetic diversity difference ($k_{12} = 0.571$, $D_{12} = 0.00127$).

Key words: climbing perch; genetic relationship; genetic diversity; aquaporin 1aa gene.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Nghề nuôi cá rô đồng (*Anabas testudineus*) mang lại hiệu quả kinh tế khá cao cho người dân, cá rô đồng là loại cá ngăn ngày, cho thu hoạch nhanh và thu lợi nhuận cao. Hiện nay, ở Đồng bằng sông Cửu Long nhiều hộ dân chuyển sang nuôi giống cá rô đồng ngăn ngày chỉ từ 4 đến 5 tháng, áp dụng tốt các kỹ thuật, việc thu hoạch cá rô đồng đạt trọng lượng trung bình từ 10 đến 15 con/kg và cho năng suất từ 3 đến 5 tấn/1000 m². Trong những năm gần đây, tình hình nuôi trồng thủy sản ở Đồng bằng sông Cửu Long gặp phải khó khăn, đặc biệt là tình trạng xâm nhập mặn vào các vùng nuôi cá nước ngọt ngày càng tăng do biến đổi khí hậu khiến

việc nghiên cứu tìm ra giống cá mới có khả năng thích nghi tốt, phát triển bình thường và có giá trị kinh tế cao ở môi trường nước lợ, nước mặn là việc trăn trở của các nhà khoa học thủy sản [2, tr.55].

Gene Aquaporin 1aa (*AQP1aa*) mã hóa cho lớp màng protein chịu trách nhiệm điều chỉnh lượng nước ra vào tế bào để đáp ứng với sự thay đổi áp suất thẩm thấu [4, tr.1-14]. Chúng có khả năng kiểm soát sự cân bằng của muối và giữ vai trò quan trọng trong việc lọc nước cho thận. Ở cá rô đồng, *AQP1aa* biểu hiện cao nhất trong mang và da. *AQP1aa* ở cá rô đồng có vai trò sinh lý lớn trong việc giữ nước, bài tiết muối và điều hòa áp suất thẩm

^(*) TS. Trường Đại học Văn Lang, quangtruongthe@gmail.com, Mã số: TCKH25-09-2021

thấu. Nghiên cứu đa dạng di truyền cá rô đồng ở Đồng bằng sông Cửu Long dựa trên AQP1aa để đánh giá đa dạng di truyền, nhận biết giống chọn lọc các tính trạng năng suất, phẩm chất và khả năng chống chịu sự nhiễm mặn của môi trường là thực sự cần thiết trong công tác chọn giống hiện nay.

2. MỤC TIÊU VÀ NỘI DUNG NGHIÊN CỨU

Mục tiêu nghiên cứu tìm ra mối quan hệ di truyền và đa dạng di truyền các dòng cá rô đồng (*Anabas testudineus*) sống tại các vùng nước có độ mặn khác nhau ở Đồng bằng sông Cửu Long. Nhận diện các dòng cá rô đồng chịu mặn ở Đồng bằng sông Cửu Long bằng các tham số đa dạng di truyền dựa trên gene AQP1aa.

Nội dung nghiên cứu tách chiết DNA tổng số (total deoxyribonucleic acid) từ mô thịt cá rô đồng sống ở các vùng có độ mặn khác nhau tại Đồng bằng sông Cửu Long, thiết kế “cặp mồi (primers)” và khuếch đại gene AQP1aa bằng kỹ thuật PCR. Phân tích quan hệ di truyền và đa dạng di truyền các dòng cá rô đồng sống ở các vùng có độ mặn khác nhau tại Đồng bằng sông Cửu Long dựa trên gene AQP1aa.

3. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

3.1. Mẫu vật thí nghiệm

Cá rô đồng (*Anabas testudineus*) được lấy từ các vùng nước có độ mặn khác nhau ở Đồng bằng sông Cửu Long. Các mẫu cá sau khi bắt được bảo quản trong túi chứa mẫu ở điều kiện 4 °C để thực hiện các bước nghiên cứu tiếp theo.

3.2. Tách chiết và kiểm tra chất lượng DNA tổng số

Các mẫu cá rô đồng sau khi vận chuyển đến phòng thí nghiệm, được bảo quản trong điều kiện nhiệt độ -70 °C cho đến khi tiến hành tách chiết DNA tổng số. DNA tổng số được trích ly từ mô thịt cá bằng bộ kit PHUSA-IHNV theo quy trình của Công ty Sinh hóa Phù Sa. Dung dịch DNA tổng số tinh sạch có tỷ số OD_{260nm} / OD_{280nm} nằm trong khoảng từ 1,8 đến 2; nếu tỷ số $OD_{260nm} / OD_{280nm} > 2$ thì dung dịch DNA bị biến tính hoặc phân hủy, nếu tỷ số

$OD_{260nm} / OD_{280nm} < 1,8$ thì dung dịch DNA có lẫn tạp chất.

3.3. Khuếch đại và giải trình tự gene AQP1aa

Sử dụng phần mềm tin sinh học trên hệ thống “NCBI (National Center for Biotechnology Information)” bằng công cụ Primer - Blast thiết kế các cặp mồi khuếch đại gene AQP1aa bằng kỹ thuật PCR. Sau khi chạy PCR khuếch đại trình tự gene AQP1aa, tiến hành điện di trên gel agarose 2% để kiểm tra chất lượng và tinh sạch sản phẩm PCR. Band sản phẩm PCR phải sáng rõ, chiều rộng của band lớn và có kích thước khoảng 780 bp thì xem như phản ứng khuếch đại thành công. Sản phẩm PCR sau khi thu nhận sẽ được giải trình tự cả hai chiều (chiều xuôi và chiều ngược) bằng phương pháp Sanger trên hệ thống máy ABI 3130 (Applied Biosystem, USA).

3.4. Xây dựng cây phát sinh loài

Cây phát sinh loài là sơ đồ thể hiện mức độ tương đồng giữa các trình tự qua quá trình tiến hóa di truyền. Lập ma trận khoảng cách di truyền giữa các nhóm loài theo mô hình Kimura 2 - parameter và xây dựng cây phát sinh loài theo thuật toán Neighbor – Joining Tree [1, tr.201-215], ứng dụng các công cụ thuộc phần mềm Mega X [5, tr.1547-1549]. Chọn khởi tạo với bootstrap 1.000 lần lặp lại để tăng độ tin cậy tính toán.

3.5. Phân tích phát sinh chủng loài

Phân tích phát sinh chủng loài được thực hiện dựa trên sắp hàng nhiều trình tự gene AQP1aa của các dòng cá rô đồng chịu mặn và trình tự gene AQP1aa đối chứng được thu thập từ cơ sở dữ liệu GenBank theo thuật toán ClustalW [5, tr.162-164], ứng dụng phần mềm Mega X.

3.6. Phân tích quan hệ di truyền và đa dạng di truyền

Dựa vào cây phát sinh loài, phân loại nhóm loài sao cho khoảng cách di truyền giữa các nhóm $D_{ij} \geq D_{CP}$. Từ đó, xác định các nhóm có khoảng cách di truyền xa, trung bình và gần. Ứng dụng phần mềm DnaSP 6.12.01 phân tích

các tham số đa dạng di truyền trong sắp hàng hai trình tự gene AQP1aa của các nhóm cá rô đồng.

3.7. Phân tích thống kê

Kết quả được trình bày dưới dạng giá trị trung bình mẫu. Xử lý số liệu, so sánh các giá trị trung bình mẫu bằng phương pháp phân tích phương sai (Anova) với độ tin cậy 95%.

4. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

4.1. Lấy mẫu

Các mẫu cá rô đồng (*Anabas testudineus*) được thu thập từ năm vùng có độ mặn khác nhau ở Cần Thơ, Bến Tre, Vĩnh Long, Long An, Tiền Giang vào tháng 18-04-2019 (Bảng 1).

Bảng 1. Số lượng mẫu cá rô đồng (*Anabas testudineus*)

STT	Tên mẫu	Độ mặn	Số lượng
1	<i>Anabas testudineus</i> Cần Thơ	0,1 ppt	3
2	<i>Anabas testudineus</i> Bến Tre	0,3 ppt	3
3	<i>Anabas testudineus</i> Vĩnh Long	1,0 ppt	3
4	<i>Anabas testudineus</i> Long An	3,0 ppt	3
5	<i>Anabas testudineus</i> Tiền Giang	4,0 ppt	3

4.2. Kết quả tách chiết DNA tổng số

Kết quả tách chiết DNA tổng số của 15 mẫu cá rô đồng (*Anabas testudineus*) có hiệu chỉnh phù hợp với thực tế của mẫu. Kết quả thu được kiểm tra bằng điện di trên gel agarose 2%. Điện di dùng để xác định độ tinh sạch, nguyên

vẹn của DNA. Kết quả điện di trên gel agarose cho thấy các band DNA thu được từ cá mẫu cá rô đồng đều có band đậm, sáng rõ.

Kết quả đo tỷ số OD_{260nm} / OD_{280nm} của các mẫu cá rô đồng đều nằm trong khoảng từ 1,8 đến 2,0 (Bảng 2). Điều này cho thấy DNA tổng số tách chiết có nồng độ và độ tinh sạch khá cao không lẫn tạp chất protein và các phân tử hữu cơ khác.

Bảng 2. Kiểm tra chất lượng DNA tổng số bằng kỹ thuật OD

STT	Tên mẫu	OD_{260nm} / OD_{280nm}
1	<i>Anabas testudineus</i> Cần Thơ a	1,86
2	<i>Anabas testudineus</i> Cần Thơ b	1,82
3	<i>Anabas testudineus</i> Cần Thơ c	1,89
4	<i>Anabas testudineus</i> Bến Tre a	1,90
5	<i>Anabas testudineus</i> Bến Tre b	1,93
6	<i>Anabas testudineus</i> Bến Tre c	1,91
7	<i>Anabas testudineus</i> Vĩnh Long a	1,85
8	<i>Anabas testudineus</i> Vĩnh Long b	1,87
9	<i>Anabas testudineus</i> Vĩnh Long c	1,90
10	<i>Anabas testudineus</i> Long An a	1,82
11	<i>Anabas testudineus</i> Long An b	1,83
12	<i>Anabas testudineus</i> Long An c	1,86
13	<i>Anabas testudineus</i> Tiền Giang a	1,88
14	<i>Anabas testudineus</i> Tiền Giang b	1,82
15	<i>Anabas testudineus</i> Tiền Giang c	1,84

4.3. Cặp môi khuếch đại gene AQP1aa bằng kỹ thuật PCR

Dựa trên kết quả sàng lọc đã thiết kế được cặp môi đặc hiệu dùng để chạy PCR khuếch đại gene AQP1aa (Bảng 3).

Bảng 3. Cặp môi sử dụng khuếch đại trình tự gene AQP1aa [3, tr.39]

Tên môi	Trình tự môi 5' - 3'	Tm (°C)	Chiều phản ứng
DNA/Aqp1-f	CAAGAACTTCTGGAAGGCCG	58,84	Xuôi
DNA/Aqp1-r	ATAATCGCCCACTGGACCAC	59,32	Ngược

4.4. Đa dạng di truyền cá rô đồng dựa trên gene AQP1aa

Sau khi giải trình tự hai chiều bằng hệ thống máy ABI 3130, hiệu chỉnh hai đầu 5' và 3' của trình tự bằng phần mềm GENTle phiên bản 1.9.4 và công cụ nucleotide BLAST

(NCBI) ta thu được các trình tự gene AQP1aa của các mẫu cá rô đồng. Trình tự gene AQP1aa hoàn chỉnh có kích thước 786bp thu được từ cá rô đồng đã được GenBank cấp mã số gia nhập (Accession Number) MT012828 và phát hành ngày 07-06-2020, mã hóa cho AQP1aa với 261

amino acid, có khối lượng phân tử là 27,4 kDa (Hình 1) [6], [7], [8].

>aqp1 [organism=Anabas testudineus] Anabas testudineus aquaporin 1 (aqp1) mRNA, complete cds
 ATGAGAGAATTCAAGAGCAAGAAGCTTCTGGAAGGCCGTTCTGGCCGAGCTGGTTGGCATGACCCCTTT
 TATTTTCTCAGCCTCTCTGCAGCCATTGGAAATAAAAACAGCACCAACCCAGACCAGGAGGTGAAGG
 TGTGCTCGCATTGGCTGGCCATTGCTACACTGGCTCAGAGTTTAGGCCACATCAGTGGAGCTCACC
 TGAATCCTGCAATTACCTTGGGATGCTGCCAGCTGCCAGATCAGTGTGTTGAAGGCCGTATGTACA
 TTGTGGCCAGATGCTTGGCTCAGCCCTGGCCAGCGGCTGTTTATGGAACACGTCCAAATGGCAAT
 GCAAATCTGGGGCTTAACGCTCTAAGTGGTGTACCCCAAGCCAAGGCGTGGGCATAGAGCTCCTGGC
 AACATTCCAGCTGGTGTGTGTGTCATTGTCAGTCACTGATAAAAGCGCGGTGATGTCACTGGTTCAG
 CACCCTTGGCCATTGGCCCTCTCAGTGTGCCTGGGACACTTGGCAGCTATCAGCTACACAGGCTGTGGC
 ATCAATCCCGCCCGCTCCTTTGGTCCAGCTTGTATCTGAACAACCTTGAACCACTGGGTGTACTGG
 GTTGGGCCAATGTGCGGTGGTGTAGCAGAGCTCTCATCTATGATTCTGCTGGCCCCAAATTTGAT
 GACTTTCTGAACGCATCAAGGTGCTGGTCACTGGTGGCGGATTATGATGTTAATGGAGGCCAA
 CGATACTACAACCTGTGAAATGACGTCGAAGTAG

Hình 1. Trình tự AQP1aa của cá rô đồng đã được GenBank cấp mã số gia nhập MT012828 và phát hành [2, tr.60]

Kết quả sắp hàng nhiều trình tự gene AQP1aa của các mẫu cá rô đồng bằng phần mềm Mega X thiết lập được ma trận khoảng cách di truyền giữa các nhóm và cây phát sinh loài.

4.4.1. Khoảng cách di truyền giữa các nhóm cá rô đồng dựa trên gene AQP1aa

Ứng dụng phần mềm Mega X, sắp hàng 16 trình tự AQP1aa của cá rô đồng bằng thuật toán ClustalW. Kết quả thiết lập được ma trận khoảng cách di truyền giữa các nhóm cá rô đồng theo mô hình Kimura 2 - parameter với bootstrap 1000 lần lặp lại để tăng độ tin cậy (Bảng 4). Với điều kiện khoảng cách di truyền

giữa các nhóm $D_{xy} \geq 0,00127$ các loài cá rô đồng sống ở những vùng có độ mặn khác nhau tại Đồng bằng sông Cửu Long được phân làm 5 nhóm: Nhóm 1 (Group 1): Cá rô đồng Cần Thơ và đối chứng; Nhóm 2 (Group 2): Cá rô đồng Bến Tre; Nhóm 3 (Group 3): Cá rô đồng Vĩnh Long; Nhóm 4 (Group 4): Cá rô đồng Long An; Nhóm 5 (Group 5): Cá rô đồng Tiền Giang. Căn cứ khoảng cách di truyền giữa các nhóm cá rô đồng sống ở Đồng bằng sông Cửu Long dựa trên gene AQP1aa (Bảng 4), nhóm 4 và nhóm 5 có khoảng cách di truyền xa nhất 0,01026; nhóm 1 và nhóm 2 có khoảng cách di truyền gần nhất 0,00127.

Bảng 4. Khoảng cách di truyền giữa các nhóm cá rô đồng dựa trên gene AQP1aa [3, tr.50]

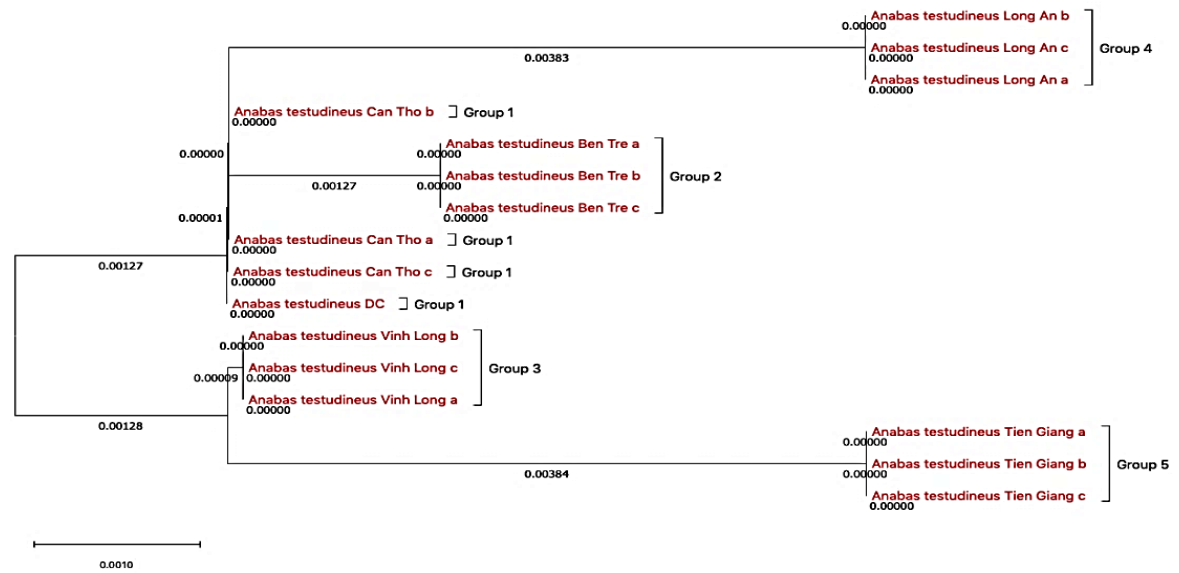
Tên nhóm	Vùng sống (độ mặn)	Nhóm 1	Nhóm 2	Nhóm 3	Nhóm 4	Nhóm 5
Nhóm 1	Cần Thơ (0,1 ppt)					
Nhóm 2	Bến Tre (0,3 ppt)	0,00127				
Nhóm 3	Vĩnh Long (1,0 ppt)	0,00262	0,00393			
Nhóm 4	Long An (3,0 ppt)	0,00383	0,00511	0,00657		
Nhóm 5	Tiền Giang (4,0 ppt)	0,00639	0,00768	0,00393	0,01026	

4.4.2. Cây phát sinh loài của các nhóm cá rô đồng dựa trên gene AQP1aa

Phân tích phát sinh chủng loài (Hình 2) được thực hiện dựa trên sắp hàng nhiều trình tự gene AQP1aa của các dòng cá rô đồng (*Anabas testudineus*) sống ở các vùng có độ mặn khác nhau tại Đồng bằng sông Cửu Long theo thuật toán Neighbor - Joining Tree, ứng dụng phần mềm Mega X. Độ tin cậy của cây phát sinh loài được xây dựng từ 16 trình tự và được đánh giá bằng phân tích bootstrap với 1000 lần lặp lại.

4.4.3. Đa dạng di truyền giữa các nhóm cá rô đồng dựa trên gene AQP1aa

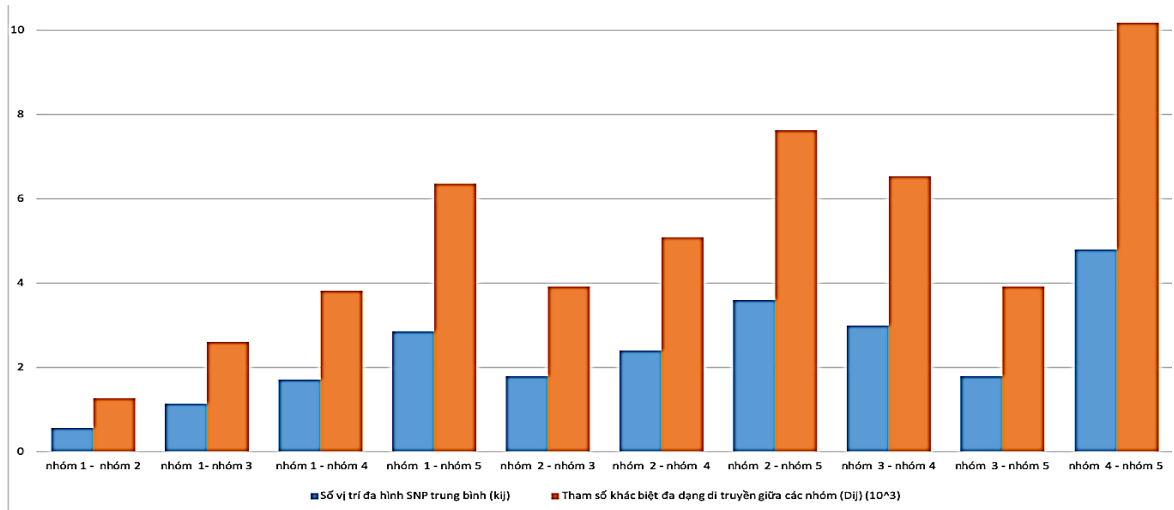
Kết quả so sánh đa dạng di truyền giữa hai nhóm loài (Bảng 5 và Hình 3), nhóm 4 và nhóm 5 có khác biệt đa dạng di truyền cao nhất ($k_{45} = 4,800$; $D_{45} = 0,01026$). Nhóm 1 và nhóm 2 có khác biệt đa dạng di truyền thấp nhất ($k_{12} = 0,571$; $D_{12} = 0,00127$). Kết quả này cũng phù hợp với phân tích quan hệ di truyền giữa hai nhóm loài theo khoảng cách di truyền đã nêu ở mục 4.4.1.



Hình 2. Cây phát sinh loài của một số dòng cá rô đồng dựa trên gene AQP1aa [3, tr.50]

Bảng 5. Các tham số đa dạng di truyền giữa các nhóm cá rô đồng dựa trên AQP1aa [3, tr.59]

Tên nhóm	Tổng số trình tự của hai nhóm	Số vị trí SNP	Số vị trí SNP trung bình (k_{ij})	Tham số đa dạng di truyền (P_i)	Số vị trí đột biến giữa hai nhóm trung bình	Tham số khác biệt đa dạng di truyền giữa hai nhóm (D_{ij})
Nhóm 1 - Nhóm 2	7	1	0,571	0,00073	1,000	0,00127
Nhóm 1 - Nhóm 3	7	2	1,143	0,00149	2,000	0,00261
Nhóm 1 - Nhóm 4	7	3	1,714	0,00218	3,000	0,00382
Nhóm 1 - Nhóm 5	7	5	2,857	0,00364	5,000	0,00636
Nhóm 2 - Nhóm 3	6	3	1,800	0,00235	3,000	0,00392
Nhóm 2 - Nhóm 4	6	4	2,400	0,00305	4,000	0,00509
Nhóm 2 - Nhóm 5	6	6	3,600	0,00458	6,000	0,00763
Nhóm 3 - Nhóm 4	6	5	3,000	0,00392	5,000	0,00654
Nhóm 3 - Nhóm 5	6	3	1,800	0,00235	3,000	0,00392
Nhóm 4 - Nhóm 5	6	8	4,800	0,00611	8,000	0,01026



Hình 3. Đồ thị so sánh các tham số đa dạng di truyền k_{ij} , D_{ij} giữa các nhóm cá rô đồng dựa trên AQP1aa

5. KẾT LUẬN VÀ KIẾN NGHỊ

5.1. Kết luận

Tách chiết và thu nhận được DNA tổng số của 15 mẫu cá rô đồng (*Anabas testudineus*) tại các vùng có độ mặn khác nhau ở Đồng bằng sông Cửu Long. Thiết kế và sàng lọc thu được cặp mồi đặc hiệu DNA/Aqp1-f và DNA/Aqp1-r khuếch đại gene AQP1aa bằng kỹ thuật PCR. Giải trình tự, ráp nối và chú thích thành công gene AQP1aa.

Kết quả so sánh đa dạng di truyền giữa các nhóm cá rô đồng dựa trên gene AQP1aa, nhóm 4 (Long An 3,0 ppt) và nhóm 5 (Tiền Giang 4,0 ppt) có khác biệt đa dạng di truyền cao nhất ($k_{45} = 4,800$; $D_{45} = 0,01026$). Nhóm 1 (Cần Thơ 0,1

ppt) và nhóm 2 (Bến Tre 0,3 ppt) có khác biệt đa dạng di truyền thấp nhất ($k_{12} = 0,571$; $D_{12} = 0,00127$). Kết quả này cũng phù hợp với phân tích quan hệ di truyền giữa các nhóm cá rô đồng theo khoảng cách di truyền đã nêu ở mục 4.4.1.

5.2. Kiến nghị

Bài viết mở rộng mức độ biểu hiện của các gene AQP1, AQP1a, AQP1b, AQP1ab cũng như cơ chế vận chuyển Na^+/K^+ -ATPase, $\text{Na}^+ : \text{K}^+ : 2\text{Cl}^-$ cân bằng nội mô. Khảo sát khả năng chịu mặn của một số dòng cá rô đồng dựa trên các gene AQP1 để chọn giống cá rô đồng có khả năng chịu mặn cao và ứng dụng nuôi trong môi trường nước lợ ở Đồng bằng sông Cửu Long.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] Trương Thế Quang (2018), *Tin sinh học (Bioinformatics)*, Nxb Đại học Quốc gia Thành phố Hồ Chí Minh.
- [2] Trương Thế Quang và Huỳnh Ngọc Mỹ Phương (2020), *Biểu hiện gene Aquaporin 1 (AQP1) trên cá rô đồng (Anabas testudineus) nuôi thử nghiệm trong nước mặn*, Tạp chí Khoa học Đại học Văn Lang, số 21.
- [3] Trương Thế Quang và Huỳnh Ngọc Mỹ Phương (2020), *Đa dạng di truyền và biểu hiện chịu mặn của cá rô đồng (Anabas testudineus) sống ở Đồng bằng sông Cửu Long dựa trên gene Aquaporin 1aa (Aqp1aa)*, Trường Đại học Văn Lang.
- [4] Ip Y., Soh M., Chen X., Ong J., Chng Y. & Ching B. (2013), *Molecular characterization and mRNA expression of aquaporin 1 in the climbing perch, Anabas testudineus, exposed to freshwater, seawater, terrestrial conditions or environmental ammonia*, PLoS One, 8(4).
- [5] Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C. & Tamura K. (2018), *MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms*, Molecular biology and evolution, 35(6).
- [6] Truong The Quang and Huynh Ngoc My Phuong (2020), *Anabas testudineus aquaporin 1 (aqp1) mRNA, complete cds*, Accession MT012828, GenBank, National Center for Biotechnology Information (NCBI), USA, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MT012828>.
- [7] Truong The Quang and Huynh Ngoc My Phuong (2020), *Expression of the aquaporin 1 (aqp1) mRNA in the gills of the brackishwater climbing perch (Anabas testudineus)*, European Nucleotide Archive, London, England, <https://www.ebi.ac.uk/ena/data/view/MT012828>.
- [8] Truong The Quang and Huynh Ngoc My Phuong (2020), *Anabas testudineus aquaporin 1 (aqp1) mRNA, complete cds*, Center for Information Biology and DNA Data Bank of Japan, http://ddbj.nig.ac.jp/arsa/search?lang=en&cond=quick_search&operator=AND&query=MT012828.

Ngày nhận bài: 17-12-2020. Ngày biên tập xong: 02-01-2021. Duyệt đăng: 22-01-2021