

**BỘ GIÁO DỤC VÀ ĐÀO TẠO
TRƯỜNG ĐẠI HỌC NÔNG LÂM TP. HỒ CHÍ MINH**



NGUYỄN THÀNH LUÂN

**NGHIÊN CỨU ĐẶC ĐIỂM DI TRUYỀN MỘT SỐ
QUẦN THỂ HÀU *Crassostrea angulata* PHỤC VỤ
CHỌN GIỐNG**

**Chuyên ngành: Nuôi trồng thủy sản
Mã ngành: 9.62.03.01**

LUẬN ÁN TIẾN SĨ NUÔI TRỒNG THỦY SẢN

Thành phố Hồ Chí Minh – 2026

**BỘ GIÁO DỤC VÀ ĐÀO TẠO
TRƯỜNG ĐẠI HỌC NÔNG LÂM TP. HỒ CHÍ MINH**



NGUYỄN THÀNH LUÂN

**NGHIÊN CỨU ĐẶC ĐIỂM DI TRUYỀN MỘT SỐ
QUẦN THỂ HÀU *Crassostrea angulata* PHỤC VỤ
CHỌN GIỐNG**

**Chuyên ngành: Nuôi trồng thủy sản
Mã ngành: 9.62.03.01**

LUẬN ÁN TIẾN SĨ NUÔI TRỒNG THỦY SẢN

**Người hướng dẫn khoa học: PGS.TS Nguyễn Văn Sáng
 PGS.TS Nguyễn Như Trí**

Thành phố Hồ Chí Minh – 2026

LỜI CAM ĐOAN

Tôi xin cam đoan rằng toàn bộ nội dung được trình bày trong luận án “*Nghiên cứu đặc điểm di truyền một số quần thể hàu Crassostrea angulata phục vụ chọn giống*” là kết quả nghiên cứu trung thực, khách quan và do chính tôi thực hiện dưới sự hướng dẫn khoa học của các giảng viên và chuyên gia có liên quan.

Một phần nội dung và kết quả nghiên cứu trong luận án này được trích từ đề tài cấp thành phố: “*Nghiên cứu chọn giống tăng trưởng hàu sữa (Crassostrea angulata) và thử nghiệm nuôi thích nghi hàu Thái Bình Dương (Crassostrea gigas Thunberg, 1793) tại TP. Hồ Chí Minh và các tỉnh Nam Bộ*”, sử dụng ngân sách sự nghiệp khoa học của Thành phố Hồ Chí Minh. Việc sử dụng số liệu và kết quả từ đề tài này trong luận án đã được sự đồng ý của tất cả các thành viên đề tài nghiên cứu.

Tôi cam kết rằng các dữ liệu và kết quả nghiên cứu được trình bày trong luận án là trung thực, chưa từng được công bố hoặc sử dụng trong bất kỳ công trình khoa học nào khác dưới tên tác giả khác, cũng như chưa từng được nộp để bảo vệ một học vị tương đương tại bất kỳ cơ sở đào tạo nào khác. Mọi trích dẫn, số liệu tham khảo đều được ghi rõ nguồn gốc và tuân thủ quy định về đạo đức nghiên cứu khoa học.

TÁC GIẢ LUẬN ÁN



NGUYỄN THÀNH LUÂN

LỜI CẢM ƠN

Trước hết, tôi xin bày tỏ lòng biết ơn sâu sắc đến PGS.TS Nguyễn Văn Sáng và PGS.TS Nguyễn Như Trí, những người thầy hướng dẫn khoa học đã luôn tận tâm và kiên trì hướng dẫn tôi trong suốt quá trình học tập và thực hiện luận án. Tôi trân trọng cảm ơn Ban Chủ nhiệm, Quý thầy cô giảng viên Khoa Thủy sản và Phòng Đào tạo Sau Đại học – Trường Đại học Nông Lâm TP. Hồ Chí Minh đã tạo điều kiện về thời gian, học thuật, thủ tục và cơ sở vật chất trong suốt quá trình học tập.

Tôi chân thành cảm ơn Ban Lãnh đạo Viện Nghiên cứu Nuôi trồng Thủy sản II, các đơn vị thuộc Viện II và đặc biệt là Trung tâm Quốc gia Giống Hải sản Nam Bộ đã hỗ trợ tích cực về thời gian, cơ sở vật chất và nhân lực phục vụ nghiên cứu. Tôi trân trọng cảm ơn Sở Khoa học và Công nghệ TP. Hồ Chí Minh đã tài trợ kinh phí nghiên cứu. Tôi xin cảm ơn sâu sắc tới Quý thầy cô là thành viên các hội đồng đánh giá, TS. Nguyễn Minh Thành và TS. Nguyễn Hồng Nguyên vì những hỗ trợ chuyên môn quý báu; các đồng nghiệp và cộng sự: ThS Nguyễn Thị Mai Anh, ThS Lê Hoàng Khôi Nguyên, KS Lương Quang Hiền, KS Ngô Đức Văn, KS Phạm Thanh Hà, ThS Nguyễn Hồng Lộc, KS Nguyễn Hoàng Thông và các thành viên khác của đề tài đã luôn đồng hành và chia sẻ cùng tôi trong suốt quá trình học tập và nghiên cứu.

Cuối cùng, tôi xin bày tỏ lòng biết ơn sâu sắc nhất đến vợ, con gái thân yêu, cha mẹ và người thân hai bên gia đình, luôn là chỗ dựa tinh thần vững chắc, sẻ chia và âm thầm hy sinh để tôi có thể toàn tâm toàn ý theo đuổi con đường học thuật và hoàn thành luận án này.

Một lần nữa, tôi xin trân trọng cảm ơn tất cả những tập thể và cá nhân đã đồng hành, hỗ trợ và truyền cảm hứng cho tôi trong suốt hành trình nghiên cứu sinh, để tôi có thể hoàn thành tốt luận án tiến sĩ của mình.

TP Hồ Chí Minh, ngày 23 tháng 04 năm 2026

Tác giả luận án



NGUYỄN THÀNH LUÂN

TÓM TẮT

Luận án “Nghiên cứu đặc điểm di truyền một số quần thể hàu *Crassostrea angulata* phục vụ chọn giống” đã đạt các mục tiêu chính đặt ra. Nghiên cứu tối ưu 5 chỉ thị microsatellite (L10, L16, ucdCg-139, ucdCg-133, cgsili-57) để phân tích đa dạng di truyền 80 mẫu (20 mẫu/dòng) từ bốn quần thể ban đầu Quảng Ninh (Q), Khánh Hòa (K), Bà Rịa-Vũng Tàu (V) và Đài Loan (T). Kết quả cho thấy mức độ đa dạng cao ($N_a = 13,2$; $PIC = 0,712$; $H_o = 0,688$; $H_e = 0,743$), phù hợp làm vật liệu ban đầu cho chọn giống. Đánh giá sinh trưởng và tỷ lệ sống tại Long Sơn (Bà Rịa-Vũng Tàu) và Long Hòa (TP. HCM) trên 16.800 cá thể thuộc 16 phép lai (84 gia đình cùng cha cùng mẹ) hỗn hợp từ 4 quần thể ban đầu, cùng 16.000 cá thể của 80 gia đình thế hệ G1 ghép phối từ quần đàn G0. Ở 16 phép lai, khối lượng thân và tỷ lệ sống trung bình đạt $51,24 \pm 3,18$ g và 65,08% tại Long Sơn và $11,48 \pm 0,64$ g và 19,82% tại Long Hòa. Ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương cao nhất ở dòng Bà Rịa-Vũng Tàu và Khánh Hòa, âm ở dòng Quảng Ninh và Đài Loan. Ảnh hưởng con mẹ lớn nhất ở dòng Q (3,47%) tại Long Sơn. Ưu thế lai âm ở tất cả các phép lai cho khối lượng thân nhưng dương ở một số phép lai cho tỷ lệ sống. G0 hình thành từ 1.000 con với tỷ lệ 35% Bà Rịa-Vũng Tàu, 30% Khánh Hòa, 20% Đài Loan, 15% Quảng Ninh, gồm phép lai nội dòng (QQ, KK, VV, TT) và khác dòng xuôi ngược (KV, QV, KT, VT, QK). Ở G1, khối lượng thân và tỷ lệ sống trung bình lần lượt đạt $52,21 \pm 18,79$ g và 51,55% tại Long Sơn và $12,00 \pm 4,30$ g và 21,35% tại Long Hòa. Hệ số di truyền ước tính thấp đến cao cho các tính trạng sinh trưởng (0,194–0,459) và trung bình cho tỷ lệ sống (0,278–0,280) ở hai môi trường nuôi. Tương quan di truyền giữa các tính trạng sinh trưởng ở cả hai môi trường đều dương và từ trung bình đến cao ($r_g = 0,49$ – $0,99$). Tương quan giữa sinh trưởng và tỷ lệ sống tại Long Hòa rất cao và cùng chiều ($r_g = 0,89$ – $0,98$), trong khi tại Long Sơn tương quan thấp và âm nhẹ ($r_g = -0,03$ đến $0,01$). Quần đàn G1 chọn lọc 1.000 cá thể từ 62 gia đình có EBV khối lượng thân trung bình 10,36 g, tỷ lệ chọn lọc 24,25%, hiệu quả chọn lọc 19,83%. Các đặc điểm di truyền quần thể hàu sữa (*C. angulata*) được xác định đã cung cấp cơ sở khoa học

vững chắc cho việc thành lập quần đàn G0, triển khai chọn giống từ G1 và xây dựng chiến lược chọn giống hậu sữa bền vững trong điều kiện nhiệt đới gió mùa Nam Bộ.

SUMMARY

The dissertation “Genetic characterization of *Crassostrea angulata* populations for a selective breeding program” achieved its objectives. Five microsatellite markers (L10, L16, ucdCg-139, ucdCg-133, cgsili-57) were optimized to analyze genetic diversity in 80 samples from four founder populations (20 per population): Quang Ninh (Q), Khanh Hoa (K), Ba Ria–Vung Tau (V), and Taiwan (T). Results showed high genetic diversity ($N_a = 13.2$; $PIC = 0.712$; $H_o = 0.688$; $H_e = 0.743$), confirming their suitability for establishing a base population for selective breeding. Growth and survival rate were evaluated at Long Son and Long Hoa on 16,800 individuals from 16 diallel crosses (84 full-sib families) from the four founder populations, plus 16,000 individuals from 80 G1 families produced from G0. In the 16 diallel crosses (4 pure and 12 reciprocal crosses), mean body weight and survival rate were 51.24 ± 3.18 g and 65.08% at Long Son, but 11.48 ± 0.64 g and 19.82% at Long Hoa. Positive additive genetic effects were highest in Ba Ria–Vung Tau and Khanh Hoa, negative in Quang Ninh and Taiwan crosses. Maternal effects were most largest in Quang Ninh pure cross (3.47%) at Long Son. Heterosis for body weight was negative for all crosses but positive for survival rate for several crosses. G0 population was established from 1,000 individuals (35% Ba Ria–Vung Tau, 30% Khanh Hoa, 20% Taiwan, 15% Quang Ninh) via pure (QQ, KK, VV, TT) and reciprocal (KV, QV, KT, VT, QK) crosses. In G1, mean body weight and survival rate were 52.21 ± 18.79 g and 51.55% at Long Son, 12.00 ± 4.30 g and 21.35% at Long Hoa, respectively. Heritability ranged from low to high for growth traits (0.194–0.459) while moderate for survival rate (0.278–0.280) across environments. The genetic correlations among growth traits in both environments were positive and ranged from moderate to high ($r_g = 0.49$ –0.99). The correlation between growth and survival rate at Long Hoa was strong and positive ($r_g = 0.89$ –0.98), whereas at Long Son it was low and slightly negative ($r_g = -0.03$ to 0.01). Genotype $\times$ environment

interaction was low for body weight ($r_g = 0.79$) but high for survival rate ($r_g = 0.10$). Selection of 1,000 individuals from 62 families G1 yielded a mean EBV for body weight of 10.36 g, corresponding to the estimated selection response of 19.83%. Genetic characterization of *C. angulata* populations in this study provides a robust basis for establishing G0, implementing selective breeding from G1, and developing sustainable long-term programs under monsoon tropical conditions in Southern Vietnam.

MỤC LỤC

LỜI CAM ĐOAN	i
LỜI CẢM ƠN	ii
TÓM TẮT	III
SUMMARY	IV
MỤC LỤC	VI
DANH MỤC BẢNG	IX
DANH MỤC HÌNH	X
DANH MỤC PHỤ LỤC	XI
DANH MỤC CÁC KÝ HIỆU, CÁC CHỮ VIẾT TẮT	XII
MỞ ĐẦU	1
CHƯƠNG 1 TỔNG QUAN TÀI LIỆU	5
1.1. Đặc điểm sinh học của hàu <i>Crassostrea angulata</i>	5
1.2. Hiện trạng và thách thức của nghề nuôi hàu trên thế giới và Việt Nam	6
1.3. Khái quát về thành tựu chọn giống hàu trên thế giới và Việt Nam	9
1.4. Thu thập vật liệu và thành lập quần đàn ban đầu cho chọn giống	12
1.5. Ứng dụng chỉ thị phân tử đánh giá đa dạng di truyền vật liệu ban đầu	13
1.5.1. Nghiên cứu đánh giá đa dạng di truyền bằng chỉ thị microsatellite	15
1.5.2. Điện di mao quản	16
1.6. Chiến lược lai hỗn hợp cho đánh giá sinh trưởng và tiềm năng ứng dụng trên hàu sữa tại Việt Nam	15
1.7. Đánh dấu cá thể, gia đình và phép lai	16
1.8. Khả năng di truyền và biểu hiện tính trạng sinh trưởng hàu	17
1.8.1. Các thành phần di truyền cộng gộp và không cộng gộp	17
1.8.2. Phương sai di truyền	18
1.8.3. Hệ số di truyền	19
1.8.4. Tương quan di truyền (r_g)	21
1.8.5. Tương tác kiểu gen và môi trường (G×E)	23
1.9. Phương pháp và hiệu quả chọn lọc hàu trên thế giới và Việt Nam	24
1.9.1. Phương pháp chọn lọc	24
1.9.1.1. Phương pháp chọn lọc truyền thống	24
1.9.1.2. Chọn lọc hệ gen	26
1.9.2. Hiệu quả chọn lọc	28
CHƯƠNG 2 PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU	30
2.1. Sơ đồ phương pháp nghiên cứu (PPNC) tổng quát	30
2.2. Phương pháp nghiên cứu đa dạng di truyền các dòng hàu sữa vật liệu ban đầu	31
2.2.1. Thu thập vật liệu ban đầu	31
2.2.2. Thu mẫu và tách chiết DNA đánh giá đa dạng di truyền vật liệu ban đầu	32
2.2.2.1. Thu mẫu	32
2.2.2.2. Tách chiết DNA	32
2.2.3. Phương pháp đánh giá đa dạng di truyền vật liệu ban đầu bằng microsatellite	33

2.3. Phương pháp nghiên cứu khả năng sinh trưởng của các phép lai hỗn hợp hầu sữa phục vụ thành lập quần đàn ban đầu G0.....	34
2.3.1. Phương pháp nuôi cấy tảo.....	34
2.3.2. Nuôi vỗ thành thực và sinh sản hầu bố mẹ vật liệu ban đầu.....	35
2.3.3. Ghép phôi gia đình tạo 16 phép lai.....	36
2.3.4. Ương nuôi gia đình của 16 phép lai.....	37
2.3.4.1. Ương nuôi gia đình từ ấu trùng chữ D đến giống bóm 5 mm.....	37
2.3.4.2. Ương nuôi gia đình từ hầu giống 5 mm tới 30 mm.....	38
2.3.5. Đánh dấu và nuôi đánh giá sinh trưởng các gia đình và 16 phép lai.....	39
2.3.6. Phương pháp thu thập số liệu.....	40
2.3.6.1. Đánh giá chất lượng nước và hàm lượng thực vật phù du	40
2.3.6.2. Đánh giá sinh trưởng và tỷ lệ sống.....	40
2.3.7. Phương pháp xử lý số liệu và ước tính các thành phần di truyền của hầu sữa từ 16 phép lai.....	41
2.3.8. Phương án thành lập quần đàn hầu sữa ban đầu G0.....	43
2.4. Phương pháp đánh giá khả năng di truyền và biểu hiện sinh trưởng hầu sữa cho chọn giống thế hệ G1.....	45
2.4.1. Nuôi vỗ thành thực và sinh sản hầu sữa bố mẹ G0.....	45
2.4.2. Phương pháp ghép phôi và ương nuôi gia đình hầu sữa chọn giống thế hệ G1.....	45
2.4.3. Phương pháp đánh dấu cá thể và nuôi đánh giá sinh trưởng hầu sữa thế hệ G1.....	46
2.4.4. Phương pháp thu thập số liệu thế hệ G1.....	47
2.4.4.1. Đánh giá chất lượng nước và hàm lượng thực vật phù du	47
2.4.4.2. Đánh giá sinh trưởng và tỷ lệ sống.....	47
2.4.5. Phương pháp xử lý số liệu và ước tính các thông số di truyền của hầu sữa chọn giống thế hệ G1.....	48
2.4.5.1. Ước tính phương sai và hệ số di truyền.....	48
2.4.5.2. Ước tính tương quan di truyền.....	50
2.4.5.3. Ước tính tương tác kiểu gen - môi trường	50
2.4.5.4. Ước tính giá trị chọn giống.....	50
2.4.5.5. Ước tính hiệu quả chọn lọc	51
2.4.6. Phương án chọn lọc và đề xuất chiến lược chọn giống hầu sữa sinh trưởng nhanh thế hệ G1.....	51
CHƯƠNG 3 KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN	53
3.1. Đa dạng di truyền các dòng hầu sữa vật liệu ban đầu.....	53
3.1.1. Kích thước, khối lượng thân và tỷ lệ giới tính hầu sữa bố mẹ vật liệu ban đầu.....	53
3.1.2. Đa dạng di truyền hầu sữa vật liệu ban đầu bằng chỉ thị microsatellite.....	55
3.1.2.1. Đa dạng di truyền qua dữ liệu microsatellite	55
3.1.2.2. Đa dạng di truyền các dòng hầu sữa dựa trên microsatellite.....	61
3.1.2.3. Biến động di truyền và cấu trúc quần thể giữa 4 dòng hầu sữa... ..	60
3.2. Sinh trưởng của hầu sữa từ 16 phép lai hỗn hợp phục vụ thành lập quần đàn ban đầu G0.....	65

3.2.1. Khả năng thành thực và sinh sản hầu sữa bố mẹ vật liệu ban đầu.....	65
3.2.1.1. <i>Khả năng thành thực</i>	65
3.2.1.2. <i>Khả năng sinh sản</i>	67
3.2.2. Khả năng sinh trưởng và tỷ lệ sống của hầu sữa từ 16 phép lai ở hai môi trường nuôi.....	69
3.2.2.1. <i>Chất lượng nước và hàm lượng thực vật phù du</i>	69
3.2.2.2. <i>Khả năng sinh trưởng và tỷ lệ sống của hầu sữa từ 16 phép lai</i>	70
3.2.3. Tương quan kiểu hình giữa sinh trưởng và tỷ lệ sống của hầu sữa từ 16 phép lai.....	75
3.2.4. Các thành phần di truyền ước tính sinh trưởng và tỷ lệ sống của hầu sữa từ 16 phép lai.....	77
3.2.4.1. <i>Ảnh hưởng di truyền cộng gộp ước tính</i>	77
3.2.4.2. <i>Ảnh hưởng con mẹ</i>	82
3.2.4.3. <i>Ảnh hưởng ưu thế lai</i>	86
3.2.5. Chọn lọc quần đàn ban đầu hầu sữa G0	89
3.3. Khả năng di truyền và biểu hiện sinh trưởng hầu sữa chọn giống thế hệ G1... 93	
3.3.1. Khả năng thành thực và sinh sản hầu sữa bố mẹ thế hệ G0.....	93
3.3.2. Sinh trưởng và tỷ lệ sống các gia đình hầu sữa thế hệ G1 ở hai môi trường nuôi.....	95
3.3.2.1. <i>Đánh giá chất lượng nước và hàm lượng thực vật phù du</i>	95
3.3.2.2. <i>Sinh trưởng và tỷ lệ sống các gia đình thế hệ G1</i>	97
3.3.3. Các thông số di truyền ước tính các tính trạng của hầu sữa thế hệ chọn giống G1.....	99
3.3.3.1. <i>Các phương sai thành phần và hệ số di truyền ước tính</i>	99
3.3.3.2. <i>Tương quan di truyền</i>	102
3.3.3.3. <i>Tương tác kiểu gen - môi trường</i>	105
3.3.3.4. <i>Giá trị chọn giống</i>	109
3.3.3.5. <i>Hiệu quả chọn lọc ước tính</i>	112
3.3.4. Chọn lọc quần đàn hầu sữa sinh trưởng nhanh G1.....	114
3.3.5. Chiến lược chọn giống hầu sữa sinh trưởng nhanh trong dài hạn.....	116
CHƯƠNG 4 KẾT LUẬN VÀ KIẾN NGHỊ.....	121
4.1. Kết luận.....	121
4.2. Kiến nghị.....	122
TÀI LIỆU THAM KHẢO	123
PHỤ LỤC.....	135
DANH MỤC CÁC CÔNG TRÌNH CÔNG BỐ LIÊN QUAN ĐẾN LUẬN ÁN.....	164

DANH MỤC BẢNG

Bảng 2.1. Sơ đồ lai hỗn hợp bốn dòng hầu sữa vật liệu ban đầu	36
Bảng 2.2. Thông tin đánh dấu và thả nuôi đánh giá sinh trưởng hầu sữa từ 16 phép lai	39
Bảng 2.3. Số lượng, khối lượng thân và kích thước vỏ của 80 gia đình hầu sữa G1 tại thời điểm đánh dấu và thả nuôi đánh giá sinh trưởng ở hai địa điểm	47
Bảng 3.1. Chỉ số đa dạng di truyền của các locus được khảo sát	55
Bảng 3.2. Thông số đa dạng di truyền theo từng locus ở bốn dòng hầu sữa	57
Bảng 3.3. Các thông số đa dạng di truyền trong bốn dòng hầu sữa được nghiên cứu dựa trên 5 microsatellite	59
Bảng 3.4. Phân tích phương sai phân tử (AMOVA) giữa 04 dòng hầu sữa khảo sát dựa trên 05 locus microsatellite.....	61
Bảng 3.5. Phân tích F_{ST} các cặp dòng hầu sữa dựa trên 05 microsatellite.....	62
Bảng 3.6. Sức sinh sản, tỷ lệ thụ tinh và tỷ lệ nở của hầu sữa từ 16 phép lai.....	68
Bảng 3.7. Chất lượng nước và thành phần thực vật phù du ở hai địa điểm nuôi.....	70
Bảng 3.8. Ảnh hưởng di truyền cộng gộp ước tính đối với khối lượng thân và tỷ lệ sống của hầu sữa từ 16 phép lai ở hai môi trường	81
Bảng 3.9. Ảnh hưởng con mẹ đối với khối lượng thân và tỷ lệ sống của hầu sữa từ 16 phép lai ở hai môi trường nuôi	85
Bảng 3.10. Ảnh hưởng ưu thế lai đối với khối lượng thân và tỷ lệ sống của hầu sữa từ 16 phép lai ở hai môi trường nuôi.....	88
Bảng 3.11. Chất lượng nước tại hai môi trường nuôi đánh giá sinh trưởng của hầu sữa G1	96
Bảng 3.12. Phương sai thành phần và hệ số di truyền các tính trạng khối lượng thân và tỷ lệ sống của hầu sữa thế hệ G1	100
Bảng 3.13. Hiệu quả chọn lọc ước tính (R) cho khối lượng thân của hầu sữa thế hệ G1 ở Long Sơn	112

DANH MỤC HÌNH

Hình 3.1. Trung bình khối lượng thân và kích thước của hàu sữa bố mẹ vật liệu ban đầu	53
Hình 3.2. Tỷ lệ giới tính của các dòng hàu sữa bố mẹ vật liệu ban đầu	54
Hình 3.3. So sánh các giá trị H_o , H_e và PIC giữa các locus microsatellite	56
Hình 3.4. Phân tích phân cụm sử dụng phần mềm STRUCTURE bằng 5 microsatellite	62
Hình 3.5. Tọa độ chính (PCoA) từ bốn dòng hàu sữa vật liệu ban đầu	63
Hình 3.6. Tỷ lệ sống nuôi vỗ bốn dòng hàu sữa bố mẹ vật liệu ban đầu	66
Hình 3.7. Tỷ lệ thành thực nuôi vỗ bốn dòng hàu sữa bố mẹ vật liệu ban đầu	67
Hình 3.8. Khối lượng thân - W (A) và tỷ lệ sống – Sur (B) của quần thể hàu sữa từ 16 phép lai tại hai môi trường nuôi ở thời điểm thu hoạch.	71
Hình 3.9. Trung bình bình phương tối thiểu (LSM) tính trạng khối lượng thân của hàu sữa từ 16 phép lai ở hai môi trường nuôi tại thời điểm thu hoạch.	72
Hình 3.10. Trung bình bình phương tối thiểu (LSM) của tỷ lệ sống của hàu sữa từ 16 phép lai ở hai môi trường nuôi tại thời điểm thu hoạch.	74
Hình 3.11. Tương quan giữa các tính trạng của hàu sữa từ 16 phép lai ở các môi trường nuôi	76
Hình 3.12. Tỷ lệ thành thực của hàu sữa bố mẹ G0	93
Hình 3.13. Khả năng sinh sản của hàu sữa bố mẹ G0	95
Hình 3.14. Sinh trưởng và tỷ lệ sống của 80 gia đình hàu sữa G1 khi thu hoạch ở hai môi trường nuôi	97
Hình 3.15. Tương quan di truyền (r_g) bên dưới đường chéo và tương quan kiểu hình (r_p) bên trên đường chéo của quần đàn hàu sữa G1 giữa các tính trạng ở môi trường Long Sơn (A) và Long Hòa (B) ($P < 0,05$).	103
Hình 3.16. Tương quan di truyền (r_g) cùng tính trạng ở quần đàn hàu sữa G1 giữa hai môi trường nuôi Long Sơn và Long Hòa	106
Hình 3.17. Giá trị chọn giống (EBV) trung bình tính trạng khối lượng thân của 80 gia đình hàu sữa G1 ở Long Sơn	111

DANH MỤC PHỤ LỤC

Phụ lục 1. Hệ số di truyền các tính trạng trên các loài hào	135
Phụ lục 2. Các phương pháp chọn lọc quy mô trên hào	136
Phụ lục 3. Các nghiên cứu chọn lọc dựa trên chỉ thị liên kết ở các loài hào	137
Phụ lục 4. Chỉ thị SNP được phát triển trên hào	137
Phụ lục 5. Hiệu quả chọn lọc (R) các tính trạng trên hào	138
Phụ lục 6. Vị trí thu thập bốn dòng hào sữa vật liệu ban đầu	139
Phụ lục 7. Hình thái bên ngoài của 04 quần đàn hào sữa vật liệu ban đầu (A – Bà Rịa – Vũng Tàu, B – Khánh Hòa, C – Quảng Ninh, D – Đà Loan	140
Phụ lục 8. Hồ sơ nhập khẩu hào <i>Crassostrea angulata</i> từ Đà Loan.....	141
Phụ lục 9. Kết quả xét nghiệm sạch bệnh OsHV-1 thu thập 4 quần đàn hào sữa...	153
Phụ lục 10. Thông tin 9 cặp môi khảo sát chọn lựa chỉ thị microsatellite	154
Phụ lục 11. Các mẫu DNA tổng số đại diện cho bốn quần thể hào trong nghiên cứu	155
Phụ lục 12. Điện di gel agarose 1,8% kiểm tra khả năng hoạt động của các chỉ thị	155
Phụ lục 13. Nuôi cấy tảo và ương nuôi ấu trùng hào sữa	155
Phụ lục 14. Nuôi thuần dưỡng và nuôi vỗ hào sữa bố mẹ trong điều kiện nhân tạo	156
Phụ lục 15. Kiểm tra chất lượng trứng và tinh hào sữa bố mẹ cho sinh sản.....	157
Phụ lục 16. Phối ghép và ương nuôi ấu trùng gia đình hào sữa các thế hệ.....	158
Phụ lục 17. Chế độ cho ăn các giai đoạn phát triển của ấu trùng hào.....	159
Phụ lục 18. Cân đo, đánh dấu cá thể	160
Phụ lục 19. Nuôi đánh giá sinh trưởng hào sữa tại các địa điểm	161
Phụ lục 20. Cân đo hào sữa khi thu hoạch nuôi đánh giá sinh trưởng.....	162
Phụ lục 21. Hình hào sữa bố mẹ lúc thu hoạch ở Long Sơn (A) và Long Hòa (B)	163
Phụ lục 22. Phương sai (ANOVA) các ảnh hưởng cố định bằng mô hình GLM ...	163

DANH MỤC CÁC KÝ HIỆU, CÁC CHỮ VIẾT TẮT

Ký hiệu và chữ viết tắt	Chữ viết đầy đủ, giải thích ý nghĩa
♀ × ♂	Cái phối với đực
Bộ NN&PTNT	Bộ Nông nghiệp và Phát triển Nông thôn
BR-VT	Bà Rịa – Vũng Tàu
CV	Coefficient of Variation - Hệ số biến thiên
DNA	Deoxyribonucleic Acid
FAO	Tổ chức Lương thực và Nông nghiệp Liên Hợp Quốc
G×E	Tương tác kiểu gen và môi trường
G0	Quần đàn ban đầu
G1	Quần đàn chọn giống thế hệ thứ nhất
K	Dòng hầu Khánh Hòa
LSM	Least Square Mean - Trung bình bình phương tối thiểu
Microsatellite	Chỉ thị phân tử microsatellite
OsHV-1	Virus rút Ostreid herpesvirus 1
PCR	Polymerase chain reaction
Q	Dòng hầu Quảng Ninh
RIA1	Viện Nghiên cứu Nuôi trồng thủy sản I
RIA2	Viện Nghiên cứu Nuôi trồng thủy sản II
SD	Standard deviation - Độ lệch chuẩn
SE	Standard error - Sai số chuẩn
SL	Shell Length - Chiều dài vỏ
SW	Shell Width - Chiều rộng vỏ
T	Dòng hầu Đài Loan
TB	Trung bình
TBD	Thái Bình Dương
Surv	Survival - Tỷ lệ sống
TPHCM	Thành phố Hồ Chí Minh
V	Dòng hầu Bà Rịa – Vũng Tàu
VLBD	Vật liệu ban đầu
W	Weight - Khối lượng thân

MỞ ĐẦU

Đặt vấn đề

Nhuẩn thể hai mảnh vỏ là nhóm đối tượng có vai trò quan trọng trong ngành nuôi trồng thủy sản toàn cầu nhờ giá trị kinh tế cao, cung cấp nguồn thực phẩm giàu dinh dưỡng và đóng góp tích cực vào cải thiện môi trường ven biển. Nhóm loài này chiếm khoảng 20% tổng sản lượng nuôi trồng thủy sản và 53% sản lượng nuôi biển toàn cầu (FAO, 2024), phản ánh tầm quan trọng chiến lược đối với an ninh lương thực, sinh kế cộng đồng và phát triển bền vững. Trong số đó, nghề nuôi hàu phát triển mạnh, với sản lượng tăng 4,3 lần, đạt 6,67 triệu tấn; riêng châu Á chiếm 95,4% (6,37 triệu tấn), trong đó Trung Quốc dẫn đầu với 5,84 triệu tấn (87,5%) (FAO, 2024).

Hàu *Crassostrea angulata* (hàu sữa) là loài nhuyễn thể có giá trị kinh tế và sinh thái cao ở khu vực cận nhiệt đới – nhiệt đới, nhờ sinh trưởng nhanh, tỷ lệ sống cao và khả năng thích nghi tốt. Hiện loài này chiếm hơn 2 triệu tấn, tương đương khoảng 30% sản lượng hàu toàn cầu, và giữ vai trò quan trọng trong ngành thủy sản Trung Quốc, Đài Loan và Việt Nam (Chen et al., 2023; Qin et al., 2023). Quy mô sản xuất lớn cùng nhu cầu tiêu thụ ổn định đã thúc đẩy nhiều nghiên cứu về di truyền, chọn giống và cải thiện năng suất trong những năm qua. Tại Việt Nam, hàu sữa được phát triển mạnh trong khoảng 15 năm gần đây, trở thành đối tượng nuôi thương phẩm quan trọng với sản lượng khoảng 50.000 tấn năm 2018 (O'Connor et al., 2019; Le et al., 2023). Tuy nhiên, do chưa hình thành quần đàn tự nhiên tại Việt Nam, nguồn giống hiện nay chủ yếu dựa vào sản xuất nhân tạo quy mô nhỏ hoặc nhập khẩu từ Trung Quốc và Đài Loan, làm gia tăng nguy cơ suy giảm đa dạng di truyền, cận huyết và giảm khả năng sinh trưởng, thích nghi. Thực tiễn này đặt ra yêu cầu cấp thiết phải xây dựng chương trình chọn giống hàu sữa dựa trên cơ sở khoa học nhằm nâng cao sinh trưởng, tỷ lệ sống và hiệu quả sản xuất bền vững tại Việt Nam.

Các chương trình chọn giống hàu ở Mỹ, Úc, Trung Quốc và châu Âu đã đạt được mức cải thiện di truyền rõ rệt, đặc biệt đối với tính trạng sinh trưởng với mức tăng khoảng 10 - 20% mỗi thế hệ, nhờ đánh giá đa dạng di truyền ban đầu, áp dụng

chọn lọc gia đình và phân tích tương tác kiểu gen – môi trường ($G \times E$) trong thử nghiệm đa môi trường (Jiang et al., 2024). Tại Việt Nam, nghiên cứu thử nghiệm chọn giống hầu sữa ở miền Bắc đã ghi nhận hệ số di truyền từ trung bình đến cao và hiệu quả chọn lọc sinh trưởng khoảng 6,8% mỗi thế hệ, đồng thời cho thấy mức $G \times E$ thấp giữa các vùng nuôi (Vu et al., 2020a,b; 2021a,b). Tuy nhiên, các kết quả này được xây dựng trên quy mô hạn chế và trong điều kiện cận nhiệt đới, chưa phản ánh đặc điểm di truyền và tính ổn định của hầu sữa trong điều kiện nhiệt đới gió mùa Nam Bộ. Trong khi đó, Nam Bộ là vùng nuôi hầu sữa trọng điểm với tiềm năng sinh trưởng cao và điều kiện sinh thái đặc thù, đặt ra yêu cầu cấp thiết phải đánh giá đầy đủ các thông số di truyền và vai trò của $G \times E$ nhằm xây dựng chiến lược chọn giống hầu sữa hiệu quả và bền vững trong dài hạn.

Từ những phân tích trên có thể thấy các khoảng trống nghiên cứu hiện nay bao gồm: (i) thiếu thông tin hệ thống về đa dạng di truyền của các quần đàn hầu sữa vật liệu ban đầu tại Việt Nam; (ii) chưa làm rõ vai trò của các thành phần di truyền cộng gộp và không cộng gộp trong các phép lai và (iii) thiếu đánh giá đầy đủ về khả năng di truyền và tương tác $G \times E$ trong điều kiện nhiệt đới Nam Bộ. Từ thực tiễn đó, luận án này triển khai chương trình chọn giống hầu sữa sinh trưởng nhanh quy mô thương mại đầu tiên tại Nam Bộ, kết hợp di truyền phân tử và di truyền số lượng nhằm đánh giá các đặc điểm di truyền của các quần đàn hầu sữa từ nguồn vật liệu ban đầu đến thế hệ $G1$. Các kết quả thu được tạo nền tảng khoa học cho việc đề xuất chiến lược chọn giống dài hạn, góp phần chủ động nguồn giống, nâng cao năng suất và phát triển bền vững nghề nuôi hầu sữa tại Việt Nam.

Mục tiêu nghiên cứu

Luận án hướng tới mục tiêu chung là đánh giá các đặc điểm di truyền các quần đàn hầu sữa phục vụ chọn giống. Các mục tiêu cụ thể gồm:

- Đánh giá được đa dạng di truyền các dòng hầu sữa vật liệu ban đầu
- Ước tính được các thành phần di truyền của 16 phép lai hỗn hợp
- Đánh giá khả năng di truyền và biểu hiện sinh trưởng của các gia đình chọn giống thế hệ $G1$.

Nội dung nghiên cứu

Để đạt được các mục tiêu trên, luận án triển khai ba nội dung nghiên cứu chính:

Nội dung 1: Nghiên cứu đa dạng di truyền các dòng hầu sữa vật liệu ban đầu được thu thập từ Quảng Ninh, Khánh Hòa, Bà Rịa – Vũng Tàu và Đài Loan bằng chỉ thị microsatellite.

Nội dung 2: Nghiên cứu sinh trưởng và ước tính các thành phần di truyền của hầu sữa từ 16 phép lai hỗn hợp để thành lập quần đàn ban đầu G0, bao gồm: sinh trưởng (khối lượng và kích thước vỏ) và tỷ lệ sống 16 phép lai; ước tính tương quan kiểu hình giữa các tính trạng; ước tính các thành phần di truyền cộng gộp và không cộng gộp (ảnh hưởng con mẹ và ưu thế lai) của tính trạng khối lượng và tỷ lệ sống.

Nội dung 3: Đánh giá khả năng di truyền và biểu hiện sinh trưởng quần đàn G1, bao gồm: phương sai di truyền; hệ số di truyền (h^2), tương quan di truyền (r_g), tương tác kiểu gen – môi trường ($G \times E$), giá trị giống ước tính (EBV) và hiệu quả chọn lọc (R), làm cơ sở chọn lọc G1 và đề xuất kế hoạch chọn giống trong dài hạn.

Phạm vi nghiên cứu

Luận án được thực hiện trên bốn dòng hầu sữa vật liệu ban đầu thu thập từ Quảng Ninh, Khánh Hòa, Bà Rịa – Vũng Tàu và Đài Loan. Năm chỉ thị microsatellite (L10, L16, ucdCg-139, ucdCg-133 và cgsili-57) được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền phục vụ nội dung nghiên cứu thứ nhất. Trên cơ sở đó, bốn dòng vật liệu được ghép phối tạo thành 84 gia đình cùng cha cùng mẹ và 16 phép lai hỗn hợp phục vụ nội dung nghiên cứu thứ hai về sinh trưởng và ước tính các thành phần di truyền cộng gộp và không cộng gộp để hình thành quần đàn ban đầu G0. Sau đó, 80 gia đình thế hệ G1 (gồm các gia đình cùng cha cùng mẹ - fullsibs và cùng cha khác mẹ - halfsib) được ghép phối thành công từ quần đàn G0 và nuôi đánh giá sinh trưởng, làm cơ sở phân tích các thông số di truyền cho nội dung nghiên cứu thứ ba.

Các thí nghiệm được thực hiện tại Trung tâm Quốc gia Giống Hải sản Nam Bộ, Viện Nghiên cứu Nuôi trồng Thủy sản II (RIA2) và hai địa điểm đánh giá sinh trưởng tại Long Sơn (Bà Rịa – Vũng Tàu) và Long Hòa (TP. Hồ Chí Minh). Thời gian triển khai từ tháng 9/2022 đến tháng 3/2024.

Tính mới và sáng tạo

Luận án đã đóng góp những điểm mới quan trọng cho lĩnh vực chọn giống hầu sữa tại Việt Nam. Thứ nhất, nghiên cứu đã cung cấp được bộ dữ liệu về đa dạng di truyền và thông số di truyền của hầu sữa trong điều kiện nhiệt đới gió mùa ở Nam Bộ Việt Nam. Thứ hai, luận án đã tích hợp được di truyền phân tử và di truyền số lượng trong thiết kế quần đàn và đề xuất chiến lược chọn giống. Cuối cùng, luận án đã thiết lập và vận hành thực tế quần đàn G0 và G1 có phả hệ rõ ràng cho chương trình chọn giống hầu sữa ở Nam Bộ.

Ý nghĩa khoa học

Luận án xây dựng cơ sở dữ liệu phục vụ nghiên cứu tiếp theo, đào tạo và phát triển chương trình chọn giống hầu sữa, nhuyển thể và thủy sản khác. Nghiên cứu đã xác định đặc điểm di truyền các dòng vật liệu, thành phần di truyền cộng gộp và không cộng gộp của dòng thuần và lai để xây dựng quần thể ban đầu G0, đồng thời xác định các thông số di truyền của quần thể hầu sữa chọn giống thế hệ G1. Đây là cơ sở khoa học rất quan trọng hỗ trợ xây dựng chiến lược chọn lọc chính xác và hiệu quả cho các thế hệ sau.

Ý nghĩa thực tiễn

Nghiên cứu mang lại giá trị thực tiễn quan trọng cho nghề nuôi hầu sữa Việt Nam. Việc xây dựng thành công quần đàn chọn giống hầu sữa sinh trưởng nhanh thế hệ G1 trong điều kiện nhiệt đới gió mùa Nam Bộ giúp chủ động nguồn giống trong nước, giảm nhập khẩu, rủi ro dịch bệnh và chi phí sản xuất. Chương trình không chỉ nâng cao sinh trưởng, tỷ lệ sống và khả năng thích nghi, mà còn duy trì đa dạng di truyền, hạn chế cận huyết, góp phần đảm bảo hiệu quả kinh tế bền vững và an ninh lương thực quốc gia trong bối cảnh biến đổi khí hậu ngày càng gia tăng.

CHƯƠNG 1

TỔNG QUAN TÀI LIỆU

1.1. Đặc điểm sinh học của hào sữa (*Crassostrea angulata*)

Hào *Crassostrea angulata*, tên tiếng Việt thường gọi là hào sữa hay hào Bồ Đào Nha, tên tiếng Anh là Portuguese oyster có phân loại như sau:

Ngành: Mollusca

Lớp: Bivalvia

Bộ: Ostreoida

Họ: Ostreidae

Giống: *Crassostrea*

Loài: *Crassostrea angulata* Lamarck, 1819

Hào sữa là loài nhuyễn thể có nguồn gốc châu Á, chủ phân bố yếu ở Đài Loan (Vaschenko et al., 2013; Hsiao et al., 2016) và Trung Quốc (Qin et al., 2023) và được du nhập sang Bồ Đào Nha và châu Âu từ Đài Loan vào thế kỷ XVI–XVII (Boudry et al., 1998) và vào Việt Nam năm 2007 (Van In et al., 2017). Loài này được nuôi rộng rãi ở châu Á nhờ tốc độ sinh trưởng nhanh, tỷ lệ sống cao và giá trị kinh tế vượt trội (Le et al., 2023; Qin et al., 2023). Hào sữa phân bố tự nhiên ở các vùng triều thấp, cửa sông và đầm phá, nơi có nền đáy đa dạng (bùn, cát bùn, sỏi bùn, đá và vật liệu nhân tạo), thích nghi tốt với điều kiện cận nhiệt đới và nhiệt đới. Chúng sống được trong khoảng nhiệt độ 8–30°C (tối ưu 22–28°C) và độ mặn 2–32‰, trong đó khoảng tối ưu là 26–32‰, nhưng có thể bị ảnh hưởng bởi các loài địch hại như cua, cá nóc, sao biển và chim biển (Huvet et al., 2002; Tan et al., 2019).

Hào nói chung và hào sữa nói riêng là loài lưỡng tính, thụ tinh ngoài và có thể sinh sản nhiều lần trong mùa hè (Batista, 2007). Sản xuất giống hiện nay gồm hai phương thức chính: hào bám (giống bám giá thể) và hào rời (không bám giá thể). Giai đoạn ấu trùng được ương trong bể xi măng hoặc composite đến khi bám (~5 mm) và sau đó được thả ra nuôi thương phẩm khi đạt 12–15 mm. Các mô hình nuôi phổ biến

là nuôi đáy, treo giàn bè hoặc phao nổi tại vùng bãi triều và cửa sông (FAO, 2024). Vòng đời của hàu sữa gồm các giai đoạn từ trứng thụ tinh, ấu trùng bánh xe (Trochophora), ấu trùng chữ D, ấu trùng đỉnh vỏ, giống bám và trưởng thành; thời gian phát triển từ ấu trùng đến giống bám kéo dài 10–21 ngày tùy nhiệt độ. Hàu sữa là loài ăn lọc, sử dụng vi tảo như *Isochrysis*, *Chaetoceros*, *Nannochloropsis* trong giai đoạn ấu trùng và hấp thu các hạt lơ lửng, tảo silic, vi khuẩn và khoáng chất trong giai đoạn trưởng thành. Những đặc điểm sinh học và sinh thái này là cơ sở quan trọng cho việc xây dựng chiến lược nuôi trồng và chọn giống hiệu quả, hướng tới cải thiện tốc độ sinh trưởng, tỷ lệ sống và khả năng kháng bệnh của hàu sữa trong điều kiện nuôi vùng nhiệt đới.

1.2. Hiện trạng và thách thức của nghề nuôi hàu trên thế giới và Việt Nam

Nghề nuôi hàu hiện là một trong những lĩnh vực phát triển nhanh nhất của ngành nuôi nhuyễn thể toàn cầu, với sản lượng ước đạt khoảng 6,67 triệu tấn/năm, trong đó châu Á chiếm tới 95,4% (tương đương 6,37 triệu tấn/năm). Trung Quốc là quốc gia sản xuất hàu lớn nhất thế giới, với sản lượng khoảng 5,84 triệu tấn/năm, đóng góp gần 87% tổng sản lượng và 88% giá trị thương mại toàn cầu. Thành công này gắn liền với hệ thống sản xuất giống quy mô lớn và việc ứng dụng sớm các chương trình chọn giống hiện đại dựa trên di truyền số lượng và di truyền phân tử (FAO, 2024). Trên phạm vi toàn cầu, các loài hàu nuôi phổ biến gồm hàu Thái Bình Dương (*C. gigas*), hàu sữa, hàu Mỹ (*C. virginica*) và hàu châu Âu (*Ostrea edulis*), trong đó hàu Thái Bình Dương (TBD) và hàu sữa chiếm tỷ trọng lớn nhất nhờ tốc độ sinh trưởng nhanh và khả năng thích nghi rộng.

Tuy nhiên, song song với sự gia tăng nhanh về quy mô sản xuất, nghề nuôi hàu thế giới đang phải đối mặt với nhiều thách thức nghiêm trọng như sự suy giảm đa dạng di truyền do khai thác bố mẹ quá mức và lai không kiểm soát, sự bùng phát của các bệnh nguy hiểm như *Ostreid herpesvirus 1* (OsHV-1) và ký sinh trùng *Marteilia*, ô nhiễm môi trường ven biển, cũng như tác động ngày càng rõ rệt của biến đổi khí hậu như gia tăng nhiệt độ, axit hóa đại dương và hiện tượng tử vong hàng loạt theo mùa. Trước bối cảnh đó, nhiều quốc gia có ngành nuôi hàu phát triển như Úc,

New Zealand, Mỹ và Trung Quốc đã triển khai các chương trình chọn giống quy mô lớn, kết hợp các công cụ di truyền phân tử và di truyền số lượng nhằm cải thiện sinh trưởng, tỷ lệ sống và khả năng kháng bệnh. Các chương trình này đã chứng minh hiệu quả rõ rệt của chọn giống, với mức cải thiện sinh trưởng trung bình 10–20% mỗi thế hệ và tăng tỷ lệ sống từ 30–60%, đồng thời khẳng định vai trò cốt lõi của việc kiểm soát phả hệ và duy trì đa dạng di truyền trong phát triển bền vững nghề nuôi hàu (Jiang et al., 2023).

Tại Việt Nam, nghề nuôi hàu sữa đã phát triển mạnh trong khoảng hai thập kỷ gần đây, với tổng diện tích nuôi ước đạt khoảng 3.000 ha và sản lượng trên 150.000 tấn/năm, phân bố rộng khắp các tỉnh ven biển từ Bắc vào Nam (Vũ Văn Sáng, 2023). Các đối tượng nuôi chính bao gồm hàu sữa trên cả nước (Le et al., 2023), hàu cửa sông (*C. rivularis*) ở miền Bắc (Nguyễn Thị Quỳnh và ctv., 2024) và miền Trung (Trần Quốc Dung và ctv., 2018) và hàu cửa sông (*C. belcheri*) ở miền Nam (Ngô Thị Thu Thảo và ctv., 2018). Tại Nam Bộ, nghề nuôi hàu phát triển tập trung chủ yếu ở Vũng Tàu, Bà Rịa – Vũng Tàu, nằm trong vùng quy hoạch nuôi hàu lớn nhất miền Nam, thứ ba cả nước (Quyết định Số: 3529/QĐ-BNN-TCTS) và Cần Giờ, TP Hồ Chí Minh, với diện tích nuôi hàu khoảng 220 ha và sản lượng 21.000 tấn (Chi cục Thủy sản TPHCM, 2023). Cả hai địa điểm nuôi này đều nằm trong vùng cửa sông đổ ra biển và khí hậu nhiệt đới gió mùa ổn định, với nhiệt độ nước quanh năm dao động trong khoảng 28–31°C. Long Sơn là khu vực cửa sông có sản lượng và diện tích lớn nhất ở Vũng Tàu, độ mặn cao ổn định (28–33‰). Long Hòa là vùng cửa sông có sản lượng và diện tích nuôi hàu lớn nhất ở Cần Giờ, nơi có độ mặn thấp và biến động hơn (22–25‰), nằm gần khu vực rừng ngập mặn.

Trong số đó, hàu sữa giữ vai trò đặc biệt quan trọng nhờ công nghệ sản xuất giống nhân tạo đã được hoàn thiện và vận hành ổn định từ năm 2008, với sản lượng nuôi duy trì ở mức khoảng 50.000 tấn/năm từ năm 2018 đến nay (O'Connor et al., 2019; Le et al., 2023). Các nghiên cứu thử nghiệm chọn giống hàu sữa tại miền Bắc từ năm 2017 đã ghi nhận hệ số di truyền của các tính trạng kinh tế quan trọng như sinh trưởng và hình thái vỏ, tỷ lệ thịt, khả năng ăn được ở mức thấp đến cao, với hiệu

quả chọn lọc trung bình của tính trạng sinh trưởng đạt khoảng 6,8% mỗi thế hệ. Đồng thời, tương tác kiểu gen $\times$ môi trường ($G \times E$) giữa các vùng nuôi miền Bắc được đánh giá là thấp, cho phép thiết kế chương trình chọn giống thống nhất trong điều kiện khí hậu cận nhiệt đới (Vu et al., 2020a,b; 2021a,b).

Mặc dù đạt được nhiều thành tựu về mở rộng quy mô nuôi, nghề nuôi hàu sữa trong nước và thế giới vẫn đang đối mặt với nhiều thách thức mang tính hệ thống. Trước hết, sự nhầm lẫn giữa hàu sữa và hàu TBD đã được ghi nhận trong nhiều nghiên cứu trước đây trong nước và thế giới do mức độ tương đồng hình thái cao, lịch sử du nhập giống phức tạp và khả năng lai chéo trong điều kiện nuôi, đặc biệt tại các vùng ven biển châu Á (Hsiao et al., 2016; Van In et al., 2017). Trong khi hàu TBD chủ yếu thích nghi với các vùng nước ôn đới có vĩ độ cao, hàu sữa thể hiện khả năng thích nghi tốt hơn với vùng vĩ độ thấp và nhiệt độ nước biển ấm, phù hợp với điều kiện nhiệt đới gió mùa (Huvet et al., 2002; Tan et al., 2019). Việc định danh loài chỉ dựa trên hình thái đã dẫn đến nhiều trường hợp xác định chưa chính xác, gây nhiễu loạn trong các nghiên cứu di truyền và chọn giống. Nhận thức rõ vấn đề này, toàn bộ 4 dòng hàu sữa thu thập từ các vùng nuôi trọng điểm trong nước (3 dòng) và Đài Loan (1 dòng) làm vật liệu ban đầu cho chương trình chọn giống trong nghiên cứu này đã được định danh chính xác loài hàu sữa bằng chỉ thị ty thể COI (được công bố trong Nguyen et al., 2025, công trình nghiên cứu số 3 thuộc Danh mục các công trình nghiên cứu liên quan tới luận án - Trang 164) trước khi triển khai các nội dung nghiên cứu của chương trình chọn giống.

Bên cạnh đó, do là loài du nhập và chưa hình thành quần đàn tự nhiên tại Việt Nam, hàu sữa hiện phụ thuộc gần như hoàn toàn vào nguồn giống nhân tạo trong nước hoặc nhập khẩu từ Trung Quốc và Đài Loan (Pierce & O'Connor, 2014; Le et al., 2023). Trong thực tế sản xuất, bố mẹ thường được thu gom trực tiếp từ các vùng nuôi thương phẩm dựa trên hình thái, không kiểm soát phả hệ và không có đánh giá di truyền, dẫn đến tình trạng giao phối cận huyết kéo dài qua nhiều thế hệ. Hệ quả là suy giảm đa dạng di truyền, biểu hiện bằng tốc độ sinh trưởng không ổn định, thời gian nuôi kéo dài, tỷ lệ sống và sức chống chịu thấp, cùng với tỷ lệ dị hình cao, làm

giảm năng suất và hiệu quả kinh tế. Các yếu tố bất lợi khác như hạn chế trong kỹ thuật sản xuất giống, ô nhiễm môi trường ven biển, dịch bệnh và tác động ngày càng gia tăng của biến đổi khí hậu càng làm trầm trọng thêm những thách thức này (Dégremont et al., 2020).

Ngoài ra, các nghiên cứu chọn giống hàu sữa tại Việt Nam đến nay mới chỉ được triển khai trong phạm vi miền Bắc, với quy mô quần đàn ban đầu còn hạn chế và chưa đánh giá đầy đủ các thành phần di truyền cộng gộp và không cộng gộp trong các phép lai hỗn hợp. Đặc biệt, tương tác kiểu gen $\times$ môi trường trong điều kiện nhiệt đới gió mùa Nam Bộ, khu vực có đặc điểm khí hậu, thủy văn và môi trường khác biệt rõ rệt so với miền Bắc, vẫn chưa được xem xét một cách hệ thống. Hơn nữa, chương trình chọn giống ở miền Bắc trước đây đã kết thúc mà chưa hình thành được các dòng giống sinh trưởng nhanh được ứng dụng rộng rãi trong sản xuất thương mại.

Những hiện trạng và thách thức nêu trên cho thấy sự cần thiết phải tiếp cận chọn giống hàu sữa một cách khoa học, dựa trên cơ sở di truyền vững chắc, phù hợp với điều kiện sinh thái nhiệt đới gió mùa, đồng thời kế thừa và vận dụng các thành tựu chọn giống các đối tượng hàu đã được chứng minh hiệu quả trong điều kiện khí hậu ôn đới và cận nhiệt đới trên thế giới và Việt Nam làm nền tảng khoa học cho định hướng nghiên cứu của luận án này.

1.3. Khái quát về thành tựu chọn giống hàu trên thế giới và Việt Nam

Các nghiên cứu di truyền học trong nuôi trồng thủy sản đã khẳng định vai trò then chốt của việc đánh giá đa dạng di truyền, ước tính các thông số di truyền và áp dụng các phương pháp chọn lọc hiện đại nhằm cải thiện các tính trạng kinh tế quan trọng như sinh trưởng, tỷ lệ sống và khả năng kháng bệnh, khả năng chống chịu và chất lượng sản phẩm (Gjedrem, 2005). Trong nuôi hàu, chọn giống được xem là giải pháp bền vững và hiệu quả nhất để nâng cao năng suất, giảm chi phí sản xuất và tăng khả năng thích nghi trước các biến động môi trường.

Mục tiêu cốt lõi của các chương trình chọn giống hàu trên thế giới là cải thiện tốc độ sinh trưởng, tỷ lệ sống, khả năng kháng bệnh và thích nghi môi trường. Về nguyên tắc, bất kỳ tính trạng nào cũng có thể được cải thiện thông qua chọn lọc nếu

trong quần thể tồn tại biến dị di truyền đủ lớn (Gjedrem, 2005). Trong đó, tốc độ sinh trưởng được xem là tính trạng quan trọng nhất vì ảnh hưởng trực tiếp đến năng suất và hiệu quả kinh tế; các cá thể sinh trưởng nhanh thường có khả năng chống chịu tốt hơn trước biến động môi trường (Chi et al., 2021). Hàu có sức sinh sản cao, chu kỳ thế hệ ngắn, cho phép triển khai chọn lọc nhanh và hiệu quả, với mức cải thiện sinh trưởng ghi nhận từ 10–20% mỗi thế hệ trong nhiều chương trình chọn giống quy mô lớn (Jiang et al., 2024).

Bên cạnh sinh trưởng, tỷ lệ sống và kháng bệnh là những tính trạng được ưu tiên trong các chương trình chọn giống hàu. Điển hình, chọn giống hàu TBD kháng bệnh OsHV-1 đã giúp nâng tỷ lệ sống từ 15% lên 61,8% sau bốn thế hệ (Dégremont et al., 2005; Jiang et al., 2024), trong khi chọn giống hàu đá Sydney (*Saccostrea glomerata*) kháng ký sinh trùng *Marteilia sydneyi* (bệnh QX) mang lại hiệu quả rõ rệt về năng suất và độ ổn định sản xuất (O'Connor & Dove, 2009). Ngoài ra, các tính trạng như tỷ lệ thịt, chất lượng thịt và đặc điểm vỏ cũng được ghi nhận có hệ số di truyền từ trung bình đến cao (Liu et al., 2019; Wan et al., 2020; Vu et al., 2021b; Jiang et al., 2023). Tuy nhiên, việc đánh giá các tính trạng này thường phức tạp và tốn kém, đòi hỏi thiết kế thí nghiệm chuyên biệt. Do đó, tính trạng sinh trưởng và tỷ lệ sống thường được sử dụng làm tính trạng nền tảng ở giai đoạn đầu, trước khi mở rộng sang các tính trạng chất lượng và kháng bệnh (Gjedrem et al., 2012).

Về phương pháp, chọn lọc cá thể (mass selection) có ưu điểm dễ triển khai và chi phí thấp, với hiệu quả cải thiện sinh trưởng có thể đạt tới 15,5% mỗi thế hệ, nhưng tiềm ẩn nguy cơ gia tăng cận huyết nếu không kiểm soát phả hệ (Li et al., 2011; Dégremont et al., 2015). Ngược lại, chọn lọc gia đình và chọn lọc kết hợp cho phép kiểm soát cận huyết tốt hơn và đặc biệt hiệu quả đối với các tính trạng khó đo lường trực tiếp như kháng bệnh và tỷ lệ thịt, với mức cải thiện sinh trưởng dao động từ 7,2–25,5% mỗi thế hệ (Ward et al., 2005; Vu et al., 2021b). Do đó, các chương trình chọn giống hàu hiện đại trên thế giới đều chuyển sang mô hình chọn lọc có kiểm soát phả hệ, kết hợp đánh giá di truyền định lượng và công cụ di truyền phân tử.

Tại Việt Nam, Viện Nghiên cứu Nuôi trồng Thủy sản I (RIA1) đã triển khai các nghiên cứu thử nghiệm chọn giống hàu sữa trong điều kiện miền Bắc từ năm 2017 (In et al., 2017). Các kết quả cho thấy nhiều tính trạng kinh tế quan trọng như sinh trưởng và tỷ lệ sống có hệ số di truyền từ trung bình đến cao, với mức cải thiện di truyền trung bình của tính trạng sinh trưởng đạt khoảng 6,8% mỗi thế hệ (Vu et al., 2020a,b; 2021a,b). Đồng thời, tương tác kiểu gen $\times$ môi trường ($G \times E$) giữa các vùng nuôi miền Bắc được ghi nhận ở mức thấp, cho phép thiết kế chương trình chọn giống thống nhất trong điều kiện khí hậu cận nhiệt đới (Le et al., 2023).

Tổng hợp các nghiên cứu trong và ngoài nước cho thấy sinh trưởng (khối lượng thân) và tỷ lệ sống là hai tính trạng nền tảng trong chọn giống hàu nói chung, đặc biệt phù hợp với điều kiện nuôi hàu sữa ở Việt Nam, nơi còn tồn tại các vấn đề về sinh trưởng chậm, thời gian nuôi kéo dài và tỷ lệ hao hụt cao. Sinh trưởng nhanh là mục tiêu ưu tiên do tác động trực tiếp đến năng suất và hiệu quả kinh tế, trong khi tỷ lệ sống đóng vai trò tính trạng ràng buộc nhằm đảm bảo tính khả thi của con giống trong sản xuất. Việc tập trung vào hai tính trạng này cho phép luận án phân tích sâu các đặc điểm di truyền số lượng, đánh giá tương tác $G \times E$ và xây dựng chiến lược chọn giống sinh trưởng nhanh dựa trên dữ liệu thực nghiệm.

Các nghiên cứu chọn giống hàu cũng cho thấy chọn lọc gia đình và chọn lọc kết hợp là những hướng tiếp cận hiệu quả nhất trong cải thiện sinh trưởng và các tính trạng khác, đồng thời góp phần duy trì đa dạng di truyền trong dài hạn. Bên cạnh đó, vai trò của tương tác $G \times E$ được nhấn mạnh, đặc biệt đối với các tính trạng nhạy cảm với môi trường như tỷ lệ sống và khả năng thích nghi trước các điều kiện nuôi biến động. Điều này cho thấy các dòng giống được chọn lọc trong điều kiện cận nhiệt đới hoặc ôn đới không thể áp dụng trực tiếp cho khu vực nhiệt đới gió mùa Nam Bộ, mà cần có dữ liệu tương tác $G \times E$ làm cơ sở khoa học để thiết kế chương trình giống phù hợp theo vùng sinh thái. Song song đó, việc ứng dụng các chỉ thị di truyền phân tử ngày càng trở thành tiêu chuẩn trong đánh giá đa dạng di truyền quần thể, truy xuất phả hệ, kiểm soát cận huyết và nâng cao độ chính xác của giá trị giống ước tính (EBV). Các nghiên cứu gần đây đều chỉ ra rằng cách tiếp cận tích hợp giữa di truyền

phân tử và di truyền số lượng là xu hướng tất yếu trong các chương trình chọn giống hầu hiện đại.

Từ các phân tích trên, có thể xác định ba khoảng trống chính trong nghiên cứu chọn giống hầu sữa tại Việt Nam: (i) thiếu dữ liệu hệ thống về đa dạng di truyền của các quần đàn ở các vùng sinh thái khác nhau, hạn chế việc lựa chọn nguồn vật liệu ban đầu phù hợp; (ii) chưa đánh giá đầy đủ các thành phần di truyền cộng gộp và không cộng gộp trong các phép lai hỗn hợp, làm giảm cơ sở khoa học cho xây dựng chiến lược cải thiện giống và (iii) tương tác $G \times E$ trong điều kiện nhiệt đới gió mùa Nam Bộ chưa được nghiên cứu một cách hệ thống. Việc lấp đầy các khoảng trống này thông qua nghiên cứu tích hợp di truyền phân tử, di truyền số lượng và phân tích tương tác $G \times E$ là nền tảng khoa học cần thiết để xây dựng chương trình chọn giống hầu sữa bền vững, chủ động nguồn giống và duy trì đa dạng di truyền trong bối cảnh biến đổi môi trường.

1.4. Thu thập vật liệu và thành lập quần đàn ban đầu cho chọn giống

Một chương trình chọn giống hiệu quả phải bắt đầu từ quần đàn ban đầu (G_0) có đa dạng di truyền cao, vì đây là nền tảng quyết định cho quá trình cải thiện giống lâu dài (Falconer & Mackay, 1996; Gjedrem, 2005). G_0 đóng vai trò kho lưu giữ biến dị di truyền, cung cấp nguồn vật liệu cho các thế hệ chọn lọc tiếp theo. Thông thường, G_0 được hình thành từ ít nhất bốn dòng có nguồn gốc địa lý khác biệt, nhằm tối đa hóa biến dị di truyền và giảm nguy cơ cận huyết (Holtmark et al., 2008). Hai phương pháp phổ biến gồm: (1) lai hỗn hợp ngẫu nhiên giữa các dòng và chọn lọc không giới hạn (cá hồi Na Uy; Gjedrem et al., 1991) và (2) lai hỗn hợp có kiểm soát, chọn lọc nhẹ để duy trì đóng góp cân bằng của các dòng (cá rô phi GIFT; Bentsen et al., 1998; Thoa et al., 2016). Kinh nghiệm từ các nghiên cứu và chương trình chọn giống thành công kể trên cho thấy đa dạng di truyền cao trong G_0 là điều kiện tiên quyết, nếu không các cải thiện di truyền sẽ giảm nhanh qua các thế hệ. Sự đóng góp cân bằng từ các dòng giúp giảm tốc độ mất biến dị di truyền. Việc sàng lọc vật liệu ban đầu bằng chỉ thị phân tử là cách duy nhất để loại bỏ các dòng có nguy cơ cận huyết hoặc lai

tạp. Cuối cùng là sự cần thiết duy trì tối thiểu bốn dòng khác biệt di truyền, trong đó khoảng 15% đến từ các dòng sinh trưởng chậm hơn nhưng giàu đa dạng di truyền để vừa cải thiện di truyền vừa hạn chế suy giảm biến dị trong dài hạn.

Tại Việt Nam, nghề nuôi hàu sữa phát triển mạnh ở miền Bắc (Quảng Ninh và Hải Phòng) và đang mở rộng vào miền Nam nhưng chưa có chương trình chọn giống quy mô quốc gia. Một số nghiên cứu thực nghiệm chọn giống đã bước đầu đánh giá khả năng cải thiện sinh trưởng (Vu et al., 2020a), song quy mô còn hạn chế và chưa đầy đủ cơ sở dữ liệu di truyền các dòng hàu sữa ở các vùng sinh thái khác nhau của Việt Nam. Ngoài ra, nghề nuôi vẫn phụ thuộc nhiều vào nguồn giống nhập khẩu từ Trung Quốc và Đài Loan, nơi từng xảy ra nhầm lẫn loài giữa hàu sữa và hàu TBD (Hsiao et al., 2016), làm tăng nguy cơ lai tạp và suy giảm chất lượng di truyền. Trong bối cảnh đó, chỉ thị microsatellite (SSR) với tính đa hình cao là công cụ hiệu quả để đánh giá cấu trúc di truyền, đa dạng và hệ số cận huyết (Jiang et al., 2024), cung cấp cơ sở khoa học then chốt cho thiết kế quần đàn ban đầu (G0) phục vụ chương trình chọn giống hàu sữa dài hạn tại Việt Nam.

1.5. Ứng dụng chỉ thị phân tử đánh giá đa dạng di truyền vật liệu ban đầu

1.5.1. Nghiên cứu đánh giá đa dạng di truyền bằng chỉ thị microsatellite

Chỉ thị phân tử gần đây đã trở thành công cụ quan trọng trong nghiên cứu di truyền và quản lý nguồn gen, cho phép đánh giá biến dị di truyền nội dòng, so sánh khác biệt giữa các dòng, lựa chọn vật liệu di truyền đa dạng cho các chương trình chọn giống và bảo tồn đa dạng sinh học. Trong số đó, microsatellite (SSR - Simple Sequence Repeats) được ứng dụng phổ biến nhờ tính đa hình cao, phân bố rộng trong bộ gen và khả năng di truyền đồng trội, cho phép phân biệt chính xác kiểu gen đồng hợp và dị hợp tử (Miah et al., 2013). Microsatellite đã chứng minh hiệu quả trong phân tích cấu trúc quần thể, kiểm soát cận huyết, xây dựng phả hệ và hỗ trợ chọn giống dựa trên chỉ thị phân tử (O'Connell & Wright, 1997; Liu & Cordes, 2004; Chistiakov et al., 2006). Nhiều nghiên cứu trên hàu TBD và hàu sữa đã phát triển các

bộ microsatellite phục vụ phân tích đa dạng di truyền và truy xuất phả hệ trong chọn lọc giống (Boudry et al., 2004; Wang et al., 2016; Chen et al., 2022).

Tại Việt Nam, việc ứng dụng chỉ thị microsatellite trong nuôi trồng thủy sản hiện còn hạn chế, chủ yếu được triển khai trên một số đối tượng cá nước ngọt như cá chép (*Cyprinus carpio*) (Thai et al., 2007) và cá tra (*Pangasianodon hypophthalmus*) (Nguyen et al., 2019; Nguyễn Văn Sáng và ctv., 2021). Trên nhuyễn thể, Thai et al. (2016) đã phát triển 12 microsatellite đa hình cao ($N_a = 4-12$ alen/locus; $PIC = 0,5-0,8$; $H_o = 0,45-0,85$) cho tu hài (*Lutraria rhynchaena*) bằng công nghệ giải trình tự thế hệ mới. Trên một số dòng vật liệu ban đầu hầu sữa ở miền Bắc Việt Nam, In et al. (2017) ghi nhận mức đa dạng di truyền cao ($N_a = 4-19$ alen/locus; $H_o = 0,52-0,85$). Đáng chú ý, chưa có nghiên cứu hệ thống nào đánh giá đa dạng di truyền các dòng hầu sữa tại miền Nam, nơi có điều kiện thủy văn và khí hậu đặc thù khác biệt so với miền Bắc, có thể ảnh hưởng đến cấu trúc di truyền quần thể. Điều này nhấn mạnh việc cấp thiết của các nghiên cứu chuyên sâu nhằm làm rõ sự khác biệt di truyền giữa các khu vực và làm tiền đề cho chương trình chọn giống.

1.5.2. Điện di mao quản

Trong di truyền học, dữ liệu microsatellite có thể được phân tích bằng nhiều phương pháp khác nhau, gồm điện di trên gel truyền thống, điện di mao quản và giải trình tự DNA (Wang et al., 2009). Trong đó, điện di mao quản (Capillary Electrophoresis – CE) là kỹ thuật hiện đại đã được phát triển và ứng dụng rộng rãi nhờ độ chính xác và khả năng tự động hóa cao. Các hệ thống điện di mao quản tiêu biểu như 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) gồm mao quản siêu nhỏ chứa gel polymer, dung dịch đệm điện di, nguồn điện thế cao, hệ thống kiểm soát nhiệt độ, bộ phận phát hiện tín hiệu huỳnh quang và phần mềm phân tích dữ liệu tự động.

Nguyên lý của kỹ thuật điện di mao quản dựa trên sự di chuyển của các đoạn DNA được đánh dấu huỳnh quang dưới tác dụng của điện trường trong mao quản. Khi các phân tử DNA lần lượt đi qua vùng phát hiện, tín hiệu huỳnh quang được kích thích bởi laser, ghi nhận và chuyển đổi thành tín hiệu điện tử, sau đó được phân tích

bằng phần mềm chuyên dụng như GeneMapper (Wang et al., 2009). Kỹ thuật này cho phép xác định kích thước sản phẩm DNA với độ chính xác rất cao, sai số thường chỉ khoảng ± 1 bp và khả năng phân tích đồng thời số lượng lớn mẫu (lên đến 96 mẫu mỗi lần chạy) với thể tích mẫu rất nhỏ (khoảng 1 μ L), giúp tiết kiệm mẫu và hóa chất. Tuy nhiên, so với phương pháp điện di gel truyền thống, điện di mao quản đòi hỏi chi phí đầu tư thiết bị và hóa chất cao hơn, yêu cầu kỹ thuật viên được đào tạo chuyên sâu và quá trình thiết lập cần được tối ưu hóa cẩn thận để đảm bảo độ ổn định và chính xác của tín hiệu đối với từng loại marker microsatellite (Elnifro et al., 2000).

1.6. Chiến lược lai hỗn hợp cho đánh giá sinh trưởng và tiềm năng ứng dụng trên hàu sữa tại Việt Nam

Trong chọn giống thủy sản, đặc biệt những loài chưa có lịch sử chọn giống lâu dài như hàu sữa, việc thiết kế và hình thành quần đàn ban đầu đóng vai trò then chốt trong nâng cao hiệu quả chọn lọc và duy trì đa dạng di truyền. Lai hỗn hợp (diallel cross) là một phương pháp phổ biến trong xây dựng quần đàn cơ sở, trong đó mỗi dòng hoặc quần thể được lai với tất cả các dòng khác, tạo ra tối đa p^2 phép lai từ p dòng (Gjedrem, 2005). Cách tiếp cận này cho phép đánh giá đầy đủ và chính xác các thành phần di truyền và khai thác hiệu quả ưu thế lai. Tiêu biểu là chương trình GIFT ở cá rô phi, nơi tám dòng (bốn nuôi châu Á và bốn hoang dã châu Phi) được lai hỗn hợp có kiểm soát tạo các gia đình cùng cha cùng mẹ ($8 \times 8 = 64$ phép lai) nhằm phân tích ưu thế lai về sinh trưởng và tỷ lệ sống (Bentsen et al., 1998).

Chiến lược lai hỗn hợp bao gồm lai cận huyết (inbreeding) và lai khác dòng (crossbreeding). Lai cận huyết giúp duy trì đặc điểm mong muốn nhưng làm tăng nguy cơ suy thoái cận huyết, trong khi lai khác dòng làm tăng dị hợp tử, giảm biểu hiện alen lặn bất lợi và tạo ra ưu thế lai (heterosis), khi con lai vượt trội trung bình bố mẹ về một hoặc nhiều tính trạng (Falconer & Mackay, 1996). Ưu thế lai bắt nguồn từ cơ chế siêu trội, bổ sung ưu thế trội và tương tác gen (epistasis) (Falconer & Mackay, 1996; Gjedrem, 2005). Ngoài ra, lai khác dòng còn giúp bổ sung gen mới vào quần đàn, nhưng cần kiểm tra tương thích di truyền để tránh suy giảm chất lượng dòng bản địa. Lai hỗn hợp có thể thực hiện theo hai dạng: lai không kiểm soát (mass cross) và

lai có kiểm soát (controlled diallel cross). Lai có kiểm soát là phương pháp lai tạo theo sơ đồ lai được thiết kế, đảm bảo xác định phả hệ chính xác và loại bỏ hoàn toàn sự thụ tinh ngẫu nhiên. Phương pháp này cho phép ước lượng chính xác các thành phần di truyền và giảm nguy cơ cận huyết, nhờ đó được ứng dụng rộng rãi trong chọn giống động vật thủy sản (Bentsen et al., 1998; Gjedrem, 2005; In et al., 2017; Chen et al., 2021). Việt Nam trước đây chỉ có các nghiên cứu lai và ước tính các thành phần di truyền trên cá rô phi vằn (Thoa et al., 2016) và tôm càng xanh (Thanh et al., 2010), trên hàu sữa ở vùng cận nhiệt đới miền Bắc (In et al., 2017), với số lượng dòng và phép lai hạn chế và đặc biệt chưa từng được thực hiện trong điều kiện nhiệt đới Nam Bộ. Do đó, việc luận án thiết kế 16 phép lai hỗn hợp và 84 gia đình là bước tiến quan trọng, khắc phục hạn chế của các nghiên cứu trước đây.

Nhìn chung, lai hỗn hợp có kiểm soát là công cụ hiệu quả trong xây dựng quần đàn cơ sở cho chọn giống thủy sản. Phương pháp này cho phép ước lượng chính xác các thành phần di truyền cộng gộp và không cộng gộp, xác định dòng bố mẹ ưu tú và phép lai có giá trị. Việc kết hợp chọn lọc dựa trên ảnh hưởng di truyền cộng gộp với khai thác ưu thế lai ở thế hệ F1 được xem là chiến lược tối ưu nhằm nâng cao năng suất, tỷ lệ sống và khả năng thích nghi, đồng thời duy trì đa dạng di truyền, nền tảng cho phát triển bền vững của chương trình chọn giống.

1.7. Đánh dấu cá thể, gia đình và phép lai

Trong chọn giống thủy sản, đánh dấu vật lý cá thể hoặc gia đình đóng vai trò thiết yếu trong quản lý quần đàn và truy xuất phả hệ, hỗ trợ ước tính giá trị giống (EBV), phân tích thông số di truyền, kiểm soát cận huyết và duy trì đa dạng di truyền (Gjedrem, 2005). Các phương pháp đánh dấu được phân loại thành bên trong (dấu PIT, dấu huỳnh quang) và bên ngoài (khắc vỏ, dán thẻ in, thẻ mã số, nhuộm hóa chất) (Hastein et al., 2001). Đánh dấu bên trong phù hợp cho đối tượng nhỏ, ít tác động sinh học, nhưng chi phí cao, khó quan sát và yêu cầu thiết bị chuyên dụng (Kurth et al., 2007). Ngược lại, đánh dấu bên ngoài chi phí thấp, dễ áp dụng, nhưng có thể ảnh hưởng đến tỷ lệ sống nếu kỹ thuật không chuẩn (Navarro et al., 2006).

Các phương pháp đánh dấu bên ngoài đã được áp dụng thành công trên nhuyễn thể và hào TBD (Bayne, 2002; Evans et al., 2016). Trong đó, dán mã số (nhãn nhựa mỏng ~150 μm , cố định bằng keo chuyên dụng) nổi bật với độ bền cao (>4 năm), tỷ lệ giữ dấu 96% trên vẹm *Epioblasma walkeri* (Hua, 2015) và không ảnh hưởng tỷ lệ sống trên hào (Bayne, 2002; Evans et al., 2016). Đối với chọn giống, đánh dấu cá thể đặc biệt quan trọng trong lai hỗn hợp và chọn lọc thể hệ, cho phép theo dõi chính xác phép lai, tính toán EBV, đánh giá ảnh hưởng di truyền cộng gộp, ảnh hưởng con mẹ và ưu thế lai, từ đó nâng cao độ tin cậy phân tích di truyền, chọn dòng bố mẹ ưu tú, duy trì đa dạng di truyền và hạn chế cận huyết. Tóm lại, đánh dấu vật lý, đặc biệt dán mã số, là phương pháp có độ bền cao, giữ dấu tốt và là công cụ thiết yếu hỗ trợ quản lý phả hệ, ước tính tham số di truyền chính xác và thành công bền vững của chương trình chọn giống nhuyễn thể và hào sữa.

1.8. Khả năng di truyền và biểu hiện tính trạng sinh trưởng ở hào

1.8.1. Các thành phần di truyền cộng gộp và không cộng gộp

Ở động vật thủy sản, đặc biệt nhuyễn thể, các tính trạng sinh trưởng chịu sự chi phối chủ yếu bởi các thành phần di truyền ước tính thông qua các phép lai hỗn hợp, bao gồm: di truyền cộng gộp (Additive Genetic Effects - A) và di truyền không cộng gộp gồm ảnh hưởng con mẹ (Maternal - M) và ưu thế lai (Heterosis - D) (Falconer & Mackay, 1996; Gjedrem, 2005). Ảnh hưởng di truyền cộng gộp phản ánh sự di truyền trực tiếp của các alen cộng gộp, ổn định và có ý nghĩa trong chọn lọc lâu dài. Nhiều nghiên cứu ghi nhận ảnh hưởng di truyền cộng gộp cao ở cá rô phi (Bentsen et al., 1998; Thoa et al., 2016), cá rô hu (Gjerde et al., 2002), tôm càng xanh (Thanh et al., 2010; Pillai et al., 2011), hào sữa (In et al., 2017) và hào TBD (Yin & Hedgecock, 2019). Ảnh hưởng di truyền cộng gộp thường ổn định giữa các môi trường nuôi khác nhau, kể cả trong điều kiện nhiệt đới biến động (Han et al., 2020).

Ảnh hưởng con mẹ thể hiện thông qua chất lượng trứng, dinh dưỡng phôi và phát triển giai đoạn ấu trùng, có vai trò đáng kể trong phương sai di truyền của các tính trạng sinh trưởng và tỷ lệ sống. Ảnh hưởng con mẹ dao động từ -8,7% đến 8,3% ở hào sữa (In et al., 2017) và trai ngọc (*Pinctada fucata*) (Chen et al., 2021) và nếu

không được kiểm soát có thể làm sai lệch ước tính tiềm năng di truyền thật sự của dòng. Ưu thế lai thể hiện khi con lai có biểu hiện vượt trội so với trung bình bố mẹ. Ưu thế lai thường chỉ ổn định ở thế hệ thứ nhất và được ghi nhận ở nhiều loài thủy sản bao gồm cá rô phi, tôm càng xanh, hàu và trai ngọc, với sự cải thiện rõ rệt về sinh trưởng, tỷ lệ sống và sức kháng bệnh (Jiang et al., 2021; Liang et al., 2023; Wang et al., 2024). Ở Việt Nam, In et al. (2017) ghi nhận ưu thế lai dương từ 3,03–8,6% đối với khối lượng thân hàu sữa ở miền Bắc.

Kết quả từ các chương trình chọn giống thủy sản và hàu trên thế giới cho thấy ảnh hưởng di truyền cộng gộp thường cao và ổn định, khẳng định rằng chọn lọc dài hạn dựa trên thành phần này là chiến lược tối ưu để cải thiện hiệu quả sinh trưởng. Ngược lại, ảnh hưởng con mẹ và ưu thế lai có xu hướng biến động rộng, phụ thuộc mạnh vào đặc điểm dòng bố mẹ và điều kiện môi trường, do đó đòi hỏi phải có dữ liệu thực nghiệm tại đúng thời điểm và địa điểm nghiên cứu nhằm tránh sai lệch trong thiết kế chọn lọc. Xuất phát từ những bài học này, luận án tiến hành ước tính đồng thời các thành phần di truyền cộng gộp và không cộng gộp từ 16 phép lai hỗn hợp trong điều kiện Nam Bộ, đóng vai trò nền tảng cho việc thiết lập quần đàn ban đầu và xây dựng chiến lược chọn giống phù hợp cho hàu sữa.

1.8.2. Phương sai di truyền

Phương sai di truyền (genetic variance) là thước đo mức độ khác biệt của các tính trạng giữa các cá thể trong một quần đàn do yếu tố di truyền, phản ánh khả năng di truyền của tính trạng qua các thế hệ và là yếu tố then chốt trong các chương trình chọn giống (Falconer & Mackay, 1996; Gjedrem, 2005). Trong quần đàn, phương sai kiểu hình (σ_P^2) của một tính trạng bao gồm phương sai di truyền (σ_G^2) và phương sai môi trường (σ_E^2). σ_G^2 được chia thành phương sai di truyền cộng gộp (σ_A^2), phương sai di truyền không cộng gộp (σ_D^2) và phương sai do tương tác gen/ảnh hưởng con mẹ (σ_M^2). Trong đó σ_A^2 có liên quan trực tiếp đến khả năng cải thiện di truyền của tính trạng qua chọn lọc (Dunham, 2023), σ_A^2 càng cao thì tiềm năng cải thiện tính trạng qua chọn lọc càng lớn, giúp nâng cao hiệu quả chọn lọc trong thời gian ngắn hơn.

Ngược lại, σ_A^2 thấp, việc cải thiện tính trạng qua các thế hệ trở nên khó khăn và chậm hơn (Gjedrem & Thodesen, 2005).

1.8.3. Hệ số di truyền

Hệ số di truyền (h^2) là thông số di truyền quan trọng nhất để dự đoán mức độ thành công của một chương trình chọn giống, phản ánh mức độ đóng góp của các yếu tố di truyền vào biến dị kiểu hình và khả năng di truyền các tính trạng sang thế hệ sau (Gjedrem, 2005; Dunham, 2023). Ở mô hình di truyền số lượng, h^2 cho phép ước tính phương sai di truyền (σ_G^2) và phương sai môi trường (σ_E^2), từ đó xác định tiềm năng cải thiện giống thông qua chọn lọc. Hệ số di truyền gồm hai dạng là hệ số di truyền theo nghĩa rộng (h_B^2) và theo nghĩa hẹp (h_N^2). h_B^2 là tỷ lệ giữa phương sai di truyền ($\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_M^2$) và phương sai kiểu hình (σ_P^2) của các gia đình cùng cha cùng mẹ. Ngược lại, h_N^2 là tỷ lệ giữa phương sai di truyền cộng gộp với phương sai kiểu hình (σ_A^2/σ_P^2), là thành phần duy nhất di truyền trực tiếp sang đời con nên có ý nghĩa quan trọng trong chọn giống (Gjedrem, 2005; Dunham, 2023).

Hiện nay, chưa có ngưỡng tuyệt đối để phân loại mức độ của hệ số di truyền, tuy nhiên, nhiều tác giả đã quy ước phân chia h^2 thành ba mức: thấp ($<0,20$), trung bình ($0,20-0,40$) và cao ($>0,40$) (Kocour et al., 2007; Bourdon, 2014; Getabalew et al., 2019). Giá trị h^2 cao cho thấy tính trạng chịu chi phối chủ yếu bởi di truyền cộng gộp, do đó có khả năng cải thiện hiệu quả thông qua chọn lọc. Ngược lại, h^2 thấp phản ánh vai trò chi phối mạnh của di truyền không cộng gộp và các yếu tố môi trường, dẫn đến hiệu quả chọn giống hạn chế nếu chỉ áp dụng chọn lọc trực tiếp.

Trong chọn giống các đối tượng thủy sản, các tính trạng sinh trưởng thường có hệ số di truyền ở mức trung bình đến cao ($h^2 = 0,20-0,50$), trong khi các tính trạng liên quan đến tỷ lệ sống và khả năng chống chịu thường có h^2 thấp ($h^2 < 0,10$), cho thấy ảnh hưởng chi phối mạnh của môi trường đối với các tính trạng này. Sự khác biệt này hàm ý rằng sinh trưởng là tính trạng mục tiêu phù hợp cho chọn lọc di truyền, trong khi việc cải thiện tỷ lệ sống cần được tiếp cận thông qua chọn lọc gián tiếp, kết hợp với tối ưu hóa điều kiện nuôi và quản lý môi trường.

Bên cạnh đó, giá trị hệ số di truyền không mang tính cố định, mà biến động giữa các quần đàn, dòng và thế hệ, phụ thuộc vào cấu trúc di truyền, mức độ phương sai cộng gộp và phân bố tần số alen. Đồng thời, h^2 còn chịu ảnh hưởng đáng kể của phương pháp ước tính, mô hình phân tích và điều kiện môi trường thí nghiệm (Cameron et al., 1997; Gjerdem & Thodesen, 2005; Dunham, 2023). Do đó, việc ước tính chính xác hệ số di truyền cho từng tính trạng và từng bối cảnh cụ thể là cơ sở quan trọng để xác định đúng mục tiêu và xây dựng chiến lược cải thiện giống hiệu quả trong các chương trình chọn giống thủy sản.

Hệ số di truyền ước tính cho tính trạng sinh trưởng của hàu sữa ở mức trung bình đến cao qua nhiều thế hệ chọn giống (Phụ lục 1). Đối với hàu TBD, h^2 dao động từ 0,15–0,77 ở thế hệ thứ 1 (Langdon et al., 2003; Evans & Langdon, 2006; Li et al., 2011; Chi et al., 2021), từ 0,25–0,71 thế hệ thứ 2 (Wang et al., 2012; Chi et al., 2023), từ 0,40–0,57 thế hệ thứ 5 (de Melo et al., 2016) và từ 0,28–0,71 thế hệ 7 - 9 (Zhang et al., 2019). Đối với hàu sữa, h^2 cho khối lượng thân và kích thước vỏ dao động từ 0,19–0,24 qua ba thế hệ chọn giống ở miền Bắc Việt Nam (Vu et al., 2020a) và từ 0,38–0,43 trong phép phối 1 đực $\times$ 3 cái từ quần thể tự nhiên ở Trung Quốc (Han et al., 2022). Ngược lại, các tính trạng khác như tỷ lệ sống, hình thái, tỷ lệ và chất lượng thịt và màu sắc vỏ thường có h^2 thấp (0,10–0,30) trên nhiều loài hàu như hàu châu Âu (Naciri-Graven et al., 1998), hàu TBD (de Melo et al., 2016; Wan et al., 2020), hàu đá Sydney (Dove et al., 2020), hàu sữa (Vu et al., 2021b) và hàu Mỹ (Allen et al., 2021).

Các phân tích chỉ ra rằng các tính trạng sinh trưởng ở nhiều loài hàu đều có hệ số di truyền trung bình đến cao, phản ánh tiềm năng cải thiện rõ rệt thông qua chọn lọc. Các tính trạng như tỷ lệ sống, tỷ lệ thịt, màu sắc và hình dạng vỏ thường có h^2 thấp, cho thấy chúng chịu ảnh hưởng mạnh của môi trường, đòi hỏi cỡ mẫu lớn và thiết kế gia đình chặt chẽ để ước tính chính xác. Hệ số di truyền của hàu sữa tại Việt Nam mới chỉ được ghi nhận ở miền Bắc, trong điều kiện cận nhiệt đới, với nguồn vật liệu hạn chế và chưa có phân tích ở môi trường nhiệt đới gió mùa Nam Bộ. Điều này tạo ra khoảng trống lớn trong hiểu biết về tiềm năng cải thiện di truyền của hàu sữa

tại vùng nuôi trọng điểm phía Nam. Đặc biệt, chưa có nghiên cứu nào đánh giá hệ số di truyền của các tính trạng sinh trưởng và tỷ lệ sống trong thiết kế lai hỗn hợp có kiểm soát, đồng thời cũng chưa có dữ liệu về khả năng duy trì h^2 qua các môi trường khác nhau. Đây là các thông tin quan trọng để xây dựng chương trình chọn giống có cơ sở khoa học và tránh các sai lệch khi chọn lọc đơn môi trường.

Vì vậy, luận án này đặt ra mục tiêu ước tính hệ số di truyền của các tính trạng sinh trưởng và tỷ lệ sống từ quần đàn G1 và đánh giá giá trị h^2 trong hai môi trường nuôi hào thương phẩm điển hình của Nam Bộ để xem xét mức độ ổn định của khả năng di truyền cộng gộp và sử dụng h^2 kết hợp với các thành phần di truyền và r_g , $G \times E$ để đề xuất kế hoạch chọn giống phù hợp nhất trong điều kiện nhiệt đới gió mùa. Những dữ liệu này là nền tảng để xây dựng quần đàn chọn giống lâu dài và nâng cao chủ động nguồn giống chất lượng cao cho nghề nuôi hào sữa tại Việt Nam.

1.8.4. Tương quan di truyền (r_g)

Tương quan di truyền (r_g) là mức độ ảnh hưởng chung của các yếu tố di truyền lên hai tính trạng trong cùng quần đàn (Falconer & Mackay, 1996). Giá trị r_g dương (0 đến 1) nghĩa là việc cải thiện tính trạng này có thể đồng thời cải thiện tính trạng khác. Ngược lại, r_g âm (-1 đến 0) chỉ ra mối liên hệ nghịch, tức việc cải thiện tính trạng này có thể làm giảm giá trị di truyền của tính trạng kia. Khi r_g xấp xỉ 0, hai tính trạng được xem là không có mối liên hệ về mặt di truyền (Gjedrem, 2005; Dunham, 2023). Trong chọn giống nhuyễn thể và hào, việc hiểu rõ tương quan di truyền giữa các tính trạng kinh tế như khối lượng, tỷ lệ sống, tỷ lệ thịt, kích thước và hình dạng vỏ và sức đề kháng là rất cần thiết nhằm thiết kế chiến lược chọn lọc tối ưu và tránh các tác động không mong muốn. Nhiều nghiên cứu đã báo cáo r_g dương chặt chẽ giữa tốc độ sinh trưởng và hình thái vỏ ở hào. Trên hào TBD, r_g giữa khối lượng thân và kích thước vỏ dao động là từ 0,79 - 0,87 (Octavina et al., 2015), giữa chiều cao, chiều dài và chiều rộng vỏ với nhau rất cao ($r_g > 0,9$) (Gutierrez et al., 2018). Các nghiên cứu khác ghi nhận r_g gần tuyệt đối giữa khối lượng trung bình và khối lượng cá thể (0,95–0,99) (de Melo et al., 2019, 2021), r_g thuận giữa sinh trưởng và tỷ lệ thịt và r_g

cao giữa sản lượng và tỷ lệ sống ($0,90 \pm 0,01$) (de Melo et al., 2016), cho thấy tiềm năng chọn lọc đồng thời các nhóm tính trạng này.

Tuy nhiên, một số nghiên cứu ở hầu TBD cho thấy r_g giữa sinh trưởng và tỷ lệ sống thấp và biến động từ âm ($-0,21$) đến dương thấp ($0,38$) tùy theo giai đoạn phát triển (de Melo et al., 2016; Gutierrez et al., 2018; Chi et al., 2021). Điều này cho thấy khả năng cải thiện đồng thời hai tính trạng này hạn chế và cần cân nhắc kỹ lưỡng trong thiết kế chương trình chọn giống. Tương quan nghịch phổ biến giữa sinh trưởng và sức đề kháng (Dégremont et al., 2015; de Melo et al., 2016) cũng nhấn mạnh tầm quan trọng của việc đánh giá cải thiện riêng biệt giữa các tính trạng này. Đối với hầu sữa, tuy các nghiên cứu về r_g còn hạn chế, Vu et al. (2021a) báo cáo r_g khá chặt chẽ ($0,63$) giữa khối lượng thân với khối lượng thịt và thấp với màu sắc và hình dạng vỏ hoặc không có ý nghĩa thống kê do sai số chuẩn lớn. Đáng chú ý, chưa có báo cáo cụ thể nào về r_g giữa sinh trưởng và tỷ lệ sống trên hầu sữa, tuy vậy các bằng chứng từ hầu TBD và các loài hầu khác cho thấy cần thận trọng khi chọn lọc đơn tính trạng, vì có thể làm suy giảm các tính trạng quan trọng khác như tỷ lệ sống hoặc sức đề kháng. Các kết quả nghiên cứu này khẳng định r_g giữa nhóm tính trạng sinh trưởng, hình thái và tỷ lệ thịt có xu hướng dương và chặt chẽ, phản ánh tiềm năng cải thiện đồng thời các tính trạng này. Tuy nhiên, r_g giữa sinh trưởng và tỷ lệ sống hoặc sức đề kháng lại thấp hoặc nghịch, dẫn đến rủi ro khi chọn lọc đơn tính trạng cho sinh trưởng. Vì vậy, việc xây dựng bộ chỉ tiêu chọn lọc cần hết sức thận trọng để tránh tác động gián tiếp bất lợi lên các tính trạng quan trọng khác.

Bên cạnh đó, dữ liệu về tương quan di truyền ở hầu sữa tại Việt Nam hiện còn rất hạn chế, chủ yếu chỉ tập trung vào các tính trạng hình thái và tỷ lệ thịt. Chưa có nghiên cứu nào ước tính r_g giữa sinh trưởng và tỷ lệ sống, một mối quan hệ có ý nghĩa quyết định đối với hiệu quả sản xuất thực tế. Khoảng trống lớn này cho thấy ở Việt Nam chúng ta chưa đủ cơ sở khoa học để thiết kế chiến lược chọn lọc đa tính trạng hoặc xác định rủi ro của chọn lọc lệch đơn tính trạng.

Từ các phân tích này có thể thấy rõ tầm quan trọng trong ước tính trực tiếp r_g giữa các tính trạng sinh trưởng, đặc biệt là khối lượng thân với tỷ lệ sống trong điều

kiện nuôi thương phẩm Nam Bộ và việc đánh giá sự ổn định của r_g giữa các môi trường của luận án để xác định tính nhất quán di truyền nhằm xây dựng bộ tiêu chí chọn lọc tối ưu, phù hợp với điều kiện sản xuất thực tế và giảm thiểu rủi ro khi chọn lọc đơn tính trạng. Những nội dung này góp phần lấp đầy khoảng trống dữ liệu hiện nay, cung cấp đầy đủ cơ sở khoa học cho các nghiên cứu tiếp theo và giúp thiết lập mục tiêu chọn giống rõ ràng để phát triển chương trình chọn giống hầu sữa bền vững trong dài hạn tại Việt Nam.

1.8.5. Tương tác kiểu gen và môi trường ($G \times E$)

Tương tác kiểu gen $\times$ môi trường ($G \times E$) đóng vai trò quan trọng trong chọn giống thủy sản, xảy ra khi kiểu gen biểu hiện khác nhau hoặc thay đổi thứ hạng giữa các môi trường, từ đó ảnh hưởng đến năng suất và các tính trạng kinh tế. Mức độ $G \times E$ thường được định lượng bằng tương quan di truyền (r_g) của cùng một tính trạng ở các môi trường khác nhau; theo Robertson (1959), $r_g > 0,80$ được xem là không có $G \times E$, trong khi Bentsen et al. (2012) đề xuất $r_g = 0,65-0,80$ là $G \times E$ yếu và $r_g < 0,65$ là $G \times E$ đáng kể. Tuy nhiên, các ngưỡng này chỉ mang tính tham khảo do r_g chịu ảnh hưởng của sai số chuẩn, quy mô mẫu và biến động môi trường, nên cần được diễn giải trong bối cảnh dữ liệu thực nghiệm. Trên thủy sản, dù $G \times E$ thường ở mức thấp với $r_g > 0,65$ (Gjedrem & Rye, 2018; Le et al., 2023; Jiang et al., 2024), việc đánh giá $G \times E$ vẫn cần thiết để thiết kế chương trình chọn giống phù hợp. Ở hầu TBD, $G \times E$ được ghi nhận ở mức thấp đến trung bình ($r_g = 0,45-0,87$ đối với sinh trưởng và $0,22-0,69$ đối với hình dạng vỏ) (Evans & Langdon, 2006; Dégremont et al., 2007), trong khi ở hầu đá Sydney, $G \times E$ ảnh hưởng mạnh đến năng suất và tỷ lệ sống, làm thay đổi rõ thứ hạng các dòng giữa các vùng nuôi (Proestou et al., 2016).

Các kết quả nghiên cứu phản ánh mức độ $G \times E$ ở hầu dao động từ thấp đến trung bình tùy tính trạng và điều kiện môi trường. Mặc dù nhiều tính trạng, đặc biệt là sinh trưởng, có thể duy trì xếp hạng ổn định giữa các vùng nuôi, nhưng các tính trạng khó đo lường như tỷ lệ sống, sức chống chịu hoặc khả năng kháng bệnh dễ bị ảnh hưởng mạnh bởi môi trường. $G \times E$ có thể làm thay đổi thứ hạng di truyền giữa các dòng hoặc gia đình, khiến dòng có năng suất cao ở một vùng trở nên kém hiệu quả ở vùng khác. Do đó, việc đánh giá $G \times E$ là bước không thể thiếu trước khi xây dựng chiến lược

chọn giống dài hạn, đặc biệt trong bối cảnh môi trường nuôi thường biến động mạnh theo mùa, thủy văn và tác động của biến đổi khí hậu. Vì vậy, các nghiên cứu này đều tích hợp phân tích $G \times E$ vào thiết kế chương trình giống nhằm xác định vùng nuôi tối ưu hoặc quyết định quy mô áp dụng giống trên toàn quốc.

Tại Việt Nam, các nghiên cứu về tương tác $G \times E$ trên hầu sữa còn rất hạn chế. Các kết quả tại miền Bắc cho thấy mức $G \times E$ thấp đối với tính trạng khối lượng thân trên hầu sữa, nhưng chưa cung cấp thông tin cho các tính trạng quan trọng khác như tỷ lệ sống hay khả năng chống chịu trong điều kiện nhiệt đới (Vu et al., 2021a). Đến nay, chưa có nghiên cứu nào đánh giá $G \times E$ giữa các vùng nuôi trọng điểm tại Nam Bộ – nơi có điều kiện thủy văn và nhiệt độ khác biệt rõ rệt so với miền Bắc. Khoảng trống này làm hạn chế hiểu biết về tính ổn định di truyền của giống hầu sữa theo vùng nuôi. Vì vậy, việc đánh giá trực tiếp $G \times E$ giữa hai vùng nuôi điển hình của Nam Bộ (Long Sơn và Long Hòa) đối với các tính trạng sinh trưởng và tỷ lệ sống, như thực hiện trong luận án, là cơ sở khoa học cần thiết để xác định khả năng ổn định di truyền của các dòng, phép lai và gia đình, từ đó đề xuất chiến lược chọn giống phù hợp theo một môi trường hạt nhân hoặc theo hướng đa môi trường.

Như vậy, mặc dù các nghiên cứu quốc tế đã cung cấp bằng chứng quan trọng về vai trò của $G \times E$, Việt Nam vẫn thiếu các dữ liệu thực nghiệm trong điều kiện nhiệt đới gió mùa Nam Bộ. Luận án này góp phần lấp đầy khoảng trống đó bằng cách đánh giá $G \times E$ lần đầu tiên cho hầu sữa trong vùng sinh thái Nam Bộ, bổ sung cơ sở khoa học cho việc thiết kế chương trình chọn giống linh hoạt, bền vững và phù hợp với điều kiện sản xuất thực tế của nghề nuôi hầu sữa Việt Nam.

1.9. Phương pháp và hiệu quả chọn lọc hầu trên thế giới và Việt Nam

1.9.1. Phương pháp chọn lọc

1.9.1.1. Phương pháp chọn lọc truyền thống

❖ Trên thế giới

Chọn lọc là quá trình nhằm cải thiện liên tục các tính trạng mục tiêu qua nhiều thế hệ. Phương pháp chọn lọc truyền thống sử dụng BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) được ứng dụng rộng rãi, trong khi phương pháp chọn lọc hệ gen như GBLUP (Genomic BLUP) được sử dụng nhiều gần đây để ước tính thông số di truyền

các tính trạng số lượng, vốn chịu tác động bởi nhiều locus và biểu hiện kiểu hình liên tục. Các tính trạng mục tiêu bao gồm sinh trưởng, tỷ lệ sống, kháng bệnh, tỷ lệ và chất lượng thịt, khả năng sinh sản, hiệu quả chuyển hóa thức ăn và chống chịu môi trường. Qua mỗi thế hệ, thông tin di truyền được bổ sung dần, giúp cải thiện hiệu quả chọn lọc (Gjedrem, 2005; Dunham, 2023).

Các phương pháp chọn lọc truyền thống (Phụ lục 2) gồm: chọn lọc hàng loạt (mass selection), trong gia đình, giữa gia đình (family selection) và chọn lọc kết hợp (combined selection). Chọn lọc hàng loạt đơn giản, chi phí thấp, không cần đánh dấu cá thể, đã được ứng dụng thành công trên nhiều loài hàu như hàu Chile (*Ostrea chilensis*) (Toro et al., 1996), hàu TBD (Dégremont et al., 2015; Zhang et al., 2019) và hàu đá Sydney (Allen et al., 2021). Tuy nhiên, phương pháp này không kiểm soát cận huyết, dẫn đến nguy cơ suy giảm đa dạng di truyền (In et al., 2016; Han et al., 2019). Ngược lại, chọn lọc gia đình kiểm soát tốt hơn quan hệ huyết thống, duy trì đa dạng di truyền và đặc biệt phù hợp cải thiện các tính trạng hệ số di truyền thấp như kháng bệnh và chống chịu môi trường, nhưng phương pháp này đòi hỏi hạ tầng nuôi riêng biệt cho các gia đình và chi phí cao (Gjedrem, 2005; Dunham, 2023). Chọn lọc kết hợp sử dụng đồng thời dữ liệu gia đình và cá thể trong gia đình, cho hiệu quả tối ưu, đặc biệt cho tính trạng sinh trưởng trên hàu TBD ($h^2 = 0,25-0,71$; hiệu quả chọn lọc 5–30%/thế hệ) (de Melo et al., 2016; Gomes et al., 2018; Chi et al., 2021).

❖ Ở Việt Nam

Tại Việt Nam, các chương trình chọn giống nhuyễn thể còn mới mẻ và chủ yếu sử dụng chọn lọc truyền thống ở điều kiện cận nhiệt đới miền Bắc Việt Nam. Một số nghiên cứu tại RIA1, Trường Cao đẳng Thủy sản đã xây dựng nguồn vật liệu ban đầu có đa dạng di truyền cao cho ốc hương (*Babylonia areolata*) và tu hài (*Lutraria rhynchaena*), tạo ra 100 gia đình G0–G1 (2017–2020) hai loài này từ các đàn tự nhiên ở nhiều địa phương. Nghiên cứu thử nghiệm chọn giống hàu sữa qua 3 thế hệ với quần đàn ban đầu từ ba dòng Cát Bà, Nam Định và Trung Quốc với 9 phép lai hỗn hợp ở thế hệ G0 và 95–133 gia đình/thế hệ ở thế hệ G1–G3. Ưu thế lai là không đáng kể (In et al., 2017) và hệ số di truyền trung bình (0,19 - 0,24) (Vu et al., 2020a) cho khối lượng thân. Hiệu quả chọn lọc sinh trưởng thấp (3,5–8,8%/thế hệ) và tương quan

di truyền thuận giữa khối lượng thân với các tính trạng kích thước vỏ (0,23 - 0,71), tỷ lệ thịt (0,63), chỉ số điều kiện (0,18), màu sắc vỏ (-0,14 tới 0,34), hình dạng vỏ (0,08 - 0,14) và khả năng giữ nước (0,87) (Vu et al., 2020b).

Tổng hợp các nghiên cứu trong và ngoài nước cho thấy: (i) các phương pháp chọn lọc truyền thống, đặc biệt là chọn lọc gia đình và chọn lọc kết hợp, đã chứng minh hiệu quả trong cải thiện các tính trạng kinh tế ở nhiều loài hàu, song hiệu quả phụ thuộc lớn vào kiểm soát phả hệ, duy trì đa dạng di truyền và quy mô thiết kế thí nghiệm, những yếu tố còn hạn chế tại Việt Nam; (ii) các chương trình chọn giống hàu sữa ở miền Bắc mới cung cấp dữ liệu ban đầu về hệ số di truyền, tương quan di truyền và hiệu quả chọn lọc, nhưng quy mô nhỏ, nguồn vật liệu hạn chế và chưa phân tích đầy đủ các thành phần di truyền cộng gộp và không cộng gộp và (iii) chưa có nghiên cứu đánh giá ảnh hưởng của điều kiện nhiệt đới gió mùa Nam Bộ đến các tham số di truyền cũng như tương tác kiểu gen $\times$ môi trường giữa các vùng nuôi trọng điểm.

Những hạn chế này cho thấy các kết quả trong nước hiện nay mới chỉ là cơ sở khoa học ban đầu và chưa đủ để xây dựng một chương trình chọn giống hàu sữa thống nhất, bền vững và có khả năng áp dụng trên quy mô thương mại. Vì vậy, việc đánh giá đặc điểm di truyền các quần đàn hàu sữa phục vụ chọn giống trong điều kiện nhiệt đới Nam Bộ không chỉ giúp lấp đầy các khoảng trống nghiên cứu hiện tại, hoàn thiện hiểu biết về cơ sở di truyền của hàu sữa tại Việt Nam, mà còn tạo nền tảng khoa học đầy đủ để thiết kế và vận hành một chương trình chọn giống dài hạn, hiệu quả và phù hợp với đặc thù sinh thái của vùng nhiệt đới Nam Bộ và cả nước.

1.9.1.2. Chọn lọc hệ gen

Chọn giống dựa trên công nghệ di truyền phân tử hiện đại trở thành xu hướng tất yếu do yêu cầu ngày càng cao về năng suất, chất lượng và khả năng thích nghi của vật nuôi thủy sản. Chọn lọc dựa trên chỉ thị phân tử (Marker-assisted selection - MAS) (Phụ lục 3), chọn lọc hệ gen (Genomic Selection – GS) (Phụ lục 4) và chỉnh sửa gen (Gene Editing – GE) đã được áp dụng thành công trên nhiều loài hàu.

Trên thế giới, MAS dựa trên các QTL (Quantitative Trait Loci) liên kết với tính trạng như sinh trưởng, kháng bệnh, màu sắc vỏ và hình dạng trên hàu TBD (Sauvage et al., 2010; Gutierrez et al., 2018) và hàu sữa (Vu et al., 2021b). Tuy nhiên, MAS bị

giới hạn bởi chỉ hiệu quả khi tính trạng do một hoặc vài gen chi phối. GS khắc phục hạn chế này bằng cách sử dụng dữ liệu kiểu gen mật độ cao (Single Nucleotide Polymorphism array- SNP array) để dự đoán giá trị giống, kể cả ở các tính trạng khó đo lường. GS có độ chính xác dự đoán cao hơn 25–30% so với phương pháp chọn lọc dựa trên phả hệ (Gutierrez et al., 2018). Chỉnh sửa gen (GE) bằng kỹ thuật CRISPR/Cas9 đã bắt đầu được thử nghiệm trên hầu, nhưng còn gặp nhiều trở ngại, đặc biệt ở giai đoạn phôi và ấu trùng (Jin et al., 2021).

Tại Việt Nam, Vu et al. (2021b) đã ứng dụng chọn lọc hệ gen trong cải thiện các tính trạng khối lượng thịt, tỷ lệ thịt và màu sắc vỏ ở hầu sữa. Việc áp dụng MAS và GS trên nhuyển thể hiện mới ở giai đoạn khởi đầu, song bước đầu đã phát triển bộ chỉ thị SNP phục vụ truy xuất phả hệ và chọn lọc đa tính trạng, cho thấy hệ số di truyền cao và tương quan di truyền thuận giữa các tính trạng quan trọng. Ngoài ra, giải trình tự bộ gen chất lượng cao trên tu hài (Thai et al., 2019) đã mở ra hướng phát triển nguồn tài nguyên di truyền cho các loài nhuyển thể khác.

Từ các nghiên cứu trong nước và thế giới có thể rút ra một số nhận định quan trọng về lựa chọn hệ gen trong chọn giống hầu. Các công nghệ di truyền hiện đại như MAS và GS đã chứng minh tiềm năng lớn trong việc cải thiện các tính trạng phức tạp, đặc biệt khi các tính trạng này chịu tác động của nhiều locus và bị ảnh hưởng mạnh bởi môi trường. Chọn giống hệ gen cho độ chính xác dự đoán cao hơn rõ rệt so với dựa trên phả hệ truyền thống, rút ngắn chu kỳ chọn lọc và tăng tốc độ cải thiện di truyền. Tuy nhiên, hiệu quả của GS phụ thuộc vào chất lượng và kích thước của bộ dữ liệu kiểu gen – kiểu hình, SNP và mức độ đa dạng di truyền của quần đàn.

Kinh nghiệm quốc tế cho thấy MAS chỉ phù hợp với các tính trạng do ít locus chi phối, trong khi GS hiệu quả hơn đối với các tính trạng phức tạp như sinh trưởng, tỷ lệ sống và khả năng kháng bệnh. Chỉnh sửa gen (GE) dù là hướng tiếp cận mới nhưng hiện còn nhiều rào cản kỹ thuật và đạo đức đối với ứng dụng sản xuất. Tại Việt Nam, nghiên cứu MAS và GS trên hầu sữa mới ở giai đoạn khởi đầu, chủ yếu tập trung vào phát triển chỉ thị SNP và thử nghiệm mô hình dự đoán, chưa được tích hợp vào các chương trình chọn giống quy mô lớn. Khoảng cách này phản ánh sự chênh lệch đáng kể giữa tiềm năng công nghệ và thực tiễn ứng dụng.

Như vậy, mặc dù các phương pháp chọn lọc hệ gen đang mở ra hướng tiếp cận đầy triển vọng cho cải thiện giống các loài hàu, Việt Nam vẫn cần xây dựng cơ sở dữ liệu di truyền, sinh trưởng, phả hệ đầy đủ và hệ thống trước khi triển khai các mô hình chọn lọc nâng cao. Luận án này đóng vai trò bước chuẩn bị quan trọng, cung cấp nền tảng khoa học cần thiết cho việc ứng dụng chọn lọc hệ gen trong các thế hệ chọn giống tiếp theo của hàu sữa tại Nam Bộ.

1.9.2. Hiệu quả chọn lọc

Hiệu quả chọn lọc (Selection Response - R) là chỉ số phản ánh mức độ cải thiện của tính trạng mục tiêu qua các thế hệ do tác động của chọn lọc (Gjedrem, 2005; Dunham, 2023). Ở thủy sản, hiệu quả chọn lọc thường cao hơn so với động vật trên cạn nhờ biến dị di truyền lớn và sức sinh sản cao, cho phép tăng cường cường độ chọn lọc (Gjedrem, 2005). Trên nhuyễn thể, tốc độ sinh trưởng có thể cải thiện gấp đôi chỉ sau 6 thế hệ, trung bình 9,7%, từ trung bình đến cao và tiếp tục cải thiện sau 3–5 thế hệ (Gjedrem & Rye, 2018). Ở hàu TBD, R sinh trưởng dao động 0,4–25,5% qua các thế hệ G1–G8, trung bình khoảng hơn 10% mỗi thế hệ (Wang et al., 2012; de Melo et al., 2016; Zhang et al., 2019). Hàu đá Sydney sinh trưởng nhanh 18% sau 2 thế hệ (Nell et al., 2000), hàu sữa đạt 17,4% sau 3 thế hệ (Vu et al., 2020a). Các chương trình trên hàu Mỹ (Allen et al., 2021), hàu Nhật (*C. nippona*) (Hu et al., 2022) và hàu Kumamoto (*C. sikamea*) (Ma et al., 2022, 2023) cũng ghi nhận hiệu quả đáng kể đối với chiều cao vỏ (Phụ lục 5).

Đối với các tính trạng khó đo lường trực tiếp trên cá thể sống, R thường thấp hơn (Meuwissen et al., 2013). Tuy nhiên, R tích lũy đối với tỷ lệ sống và năng suất trên hàu TBD tăng lần lượt 15,7% và 19,0%/thế hệ sau 5 thế hệ chọn lọc gia đình tại Mỹ (de Melo et al., 2016) và giảm tỷ lệ chết mùa hè đạt 12,9–23,2% ở thế hệ G3 tại Pháp (Beattie et al., 1980; Dégremont et al., 2007) và 10,7–13,6% ở G1–G3 tại Trung Quốc (Chi et al., 2022). Kháng OsHV-1 tăng từ 22,2% ở G1 lên 61,8% ở G4 (Dégremont et al., 2015; Divilov et al., 2021). Ở hàu Mỹ, chọn lọc kháng ký sinh trùng MSX và Dermo thế hệ G4 đạt 29,6–61% (Calvo et al., 2003), trong khi trên hàu đá Sydney, kháng bệnh QX và giảm tỷ lệ chết mùa đông đạt trung bình 71,6% (Nell

et al., 2003, 2006; Dove et al., 2013a, b). Ngoài ra, các nghiên cứu trên hầu sữa ở miền Bắc Việt Nam cũng ghi nhận hiệu quả chọn lọc đáng kể cho tỷ lệ thịt (3,7%) và hình dạng vỏ (4,0%) trên hầu sữa sau 3 thế hệ (Vu et al., 2021b).

Tổng hợp các nghiên cứu trong và ngoài nước cho thấy hiệu quả chọn lọc ở hầu đạt mức cao và ổn định, với mức cải thiện sinh trưởng và các tính trạng kinh tế thường dao động từ khoảng 10% đến trên 20% mỗi thế hệ. Kết quả này phản ánh tiềm năng di truyền lớn của các loài hầu, gắn với độ biến dị di truyền cao và sức sinh sản lớn, cho phép áp dụng cường độ chọn lọc mạnh và rút ngắn chu kỳ giống. Đối với các tính trạng khó đo lường như tỷ lệ sống và khả năng kháng bệnh, việc áp dụng chọn lọc gia đình hoặc chọn lọc kết hợp vẫn mang lại cải thiện đáng kể, cho thấy tính phù hợp của các chiến lược này đối với cả những tính trạng có hệ số di truyền thấp.

Mặt khác, các kết quả này cũng cho thấy R phụ thuộc lớn vào thiết kế chương trình giống, quy mô vật liệu, độ chính xác phả hệ và mức độ kiểm soát môi trường trong quá trình đánh giá. Phần lớn các dữ liệu hiện có được thu thập trong điều kiện nuôi ôn đới và cận nhiệt đới (Mỹ, Pháp, Trung Quốc, Úc), với đặc điểm thủy văn, nhiệt độ và độ mặn khác biệt rõ rệt so với môi trường nhiệt đới gió mùa Nam Bộ, do đó có thể không phản ánh đầy đủ khả năng biểu hiện di truyền của hầu sữa tại Việt Nam. Trong nước, các nghiên cứu về R trên hầu còn hạn chế, chủ yếu ở quy mô nhỏ tại miền Bắc, với mức cải thiện trung bình 3,5–8,8% mỗi thế hệ. Quy mô vật liệu và số lượng gia đình thấp, cùng với việc thiếu đánh giá tương tác $G \times E$, khiến các kết quả chưa đủ cơ sở để áp dụng cho vùng nuôi Nam Bộ và cả nước.

Như vậy, mặc dù R trên thế giới cho thấy tiềm năng lớn để cải thiện giống hầu, Việt Nam vẫn thiếu các dữ liệu thực nghiệm trong điều kiện nhiệt đới. Luận án này đóng vai trò bổ sung quan trọng, cung cấp cơ sở khoa học đầu tiên để xây dựng chương trình chọn giống hầu sữa phù hợp với Nam Bộ và hướng tới ứng dụng trên quy mô thương mại.

CHƯƠNG 2

PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Sơ đồ phương pháp nghiên cứu (PPNC) tổng quát

1. PPNC đa dạng di truyền các dòng hầu sữa vật liệu ban đầu

- Thu thập vật liệu ban đầu
- Thu mẫu và tách chiết DNA đánh giá đa dạng di truyền vật liệu ban đầu
- Đánh giá đa dạng di truyền vật liệu ban đầu bằng microsatellite



2. PPNC khả năng sinh trưởng của hầu sữa từ 16 phép lai hỗn hợp phục vụ thành lập quần đàn ban đầu G0

- Phương pháp nuôi cấy tảo
- Nuôi vỗ thành thực và sinh sản hầu bố mẹ vật liệu ban đầu
 - Ghép phối gia đình hầu sữa tạo 16 phép lai
 - Ương nuôi gia đình hầu sữa từ 16 phép lai
- Đánh dấu và nuôi đánh giá sinh trưởng các gia đình và phép lai của hầu sữa
 - Phương pháp thu thập số liệu
- Xử lý số liệu và ước tính các thành phần di truyền của hầu sữa từ 16 phép lai (*ảnh hưởng di truyền cộng gộp, ảnh hưởng con mẹ và ưu thế lai*)
 - Phương án thành lập quần đàn hầu sữa ban đầu G0



3. Phương pháp đánh giá khả năng di truyền và biểu hiện sinh trưởng hầu sữa cho chọn giống thế hệ G1

- Nuôi vỗ thành thực và sinh sản hầu sữa bố mẹ G0
- Ghép phối và ương nuôi gia đình hầu sữa chọn giống G1
- Đánh dấu cá thể và nuôi đánh giá sinh trưởng các gia đình hầu sữa G1
 - Thu thập số liệu
- Xử lý số liệu và ước tính các thông số di truyền của quần đàn hầu sữa chọn giống G1
 - + *Phương sai và hệ số di truyền*
 - + *Tương quan di truyền*
 - + *Tương tác kiểu gen – môi trường*
 - + *Giá trị chọn giống*
 - + *Hiệu quả chọn lọc*
- Phương án chọn lọc hầu sữa sinh trưởng nhanh G1 và đề xuất chiến lược chọn giống dài hạn

2.2. Phương pháp nghiên cứu đa dạng di truyền các dòng hầu sữa vật liệu ban đầu

2.2.1. Thu thập vật liệu ban đầu

Vật liệu ban đầu (VLBD) gồm ba dòng hầu sữa trong nước và một dòng tự nhiên nhập nội từ Đài Loan, được thu thập tại bốn địa điểm có khoảng cách địa lý xa nhau và điều kiện sinh thái, khí hậu khác biệt (Phụ lục 6 và Phụ lục 8). Hầu sữa bố mẹ được thu từ các bè nuôi tại các địa điểm thu thập và vận chuyển về cơ sở nghiên cứu bằng đường hàng không theo phương pháp vận chuyển khô. Trước khi đóng gói, hầu được làm sạch bề mặt nhằm loại bỏ tạp chất và sinh vật bám. Hầu được xếp vào thùng xốp kích thước $40 \times 80 \times 30$ cm, giữ ẩm và đá gel lạnh và lớp xốp cách nhiệt để duy trì nhiệt độ ổn định khoảng 15°C trong suốt quá trình vận chuyển bằng đường hàng không, nhằm giảm hoạt động trao đổi chất và đảm bảo tỷ lệ sống của hầu bố mẹ. Tổng cộng 1.400 cá thể hầu (350 cá thể/dòng) có khối lượng thân > 70 g, chiều cao vỏ > 7 cm được thu thập. Hầu được lấy mẫu ngẫu nhiên theo mẫu gộp (10 cá thể/mẫu), với 3 mẫu/quần đàn. Kết quả xét nghiệm PCR phát hiện OsHV-1 cho thấy tất cả các mẫu từ 4 quần đàn đều âm tính (Phụ lục 6) đáp ứng yêu cầu làm vật liệu cho nghiên cứu. Thời gian thu thập vật liệu ban đầu từ tháng 05 đến 09/2022.

Ba dòng trong nước được thu thập từ các vùng nuôi lớn tại Quảng Ninh ở miền Bắc (21°B , $107,5^{\circ}\text{Đ}$), Khánh Hòa ở miền Trung ($12,4^{\circ}\text{B}$, $109,2^{\circ}\text{Đ}$) và Bà Rịa – Vũng Tàu ở miền Nam ($10,4^{\circ}\text{B}$, $107,1^{\circ}\text{Đ}$). Tại mỗi địa điểm, hầu bố mẹ được thu thập từ 10 bè nuôi có lịch sử thả giống từ nhiều trại giống khác nhau dựa trên phỏng vấn. Dòng Quảng Ninh, nguồn giống du nhập từ Đài Loan năm 2007, hiện là vùng nuôi lớn nhất cả nước, khí hậu cận nhiệt đới với nhiệt độ $15\text{--}35^{\circ}\text{C}$ (trung bình 23°C) (Hsiao et al., 2016; Vu et al., 2020a). Dòng Khánh Hòa có khí hậu giao thoa cận nhiệt đới và nhiệt đới ($22\text{--}32^{\circ}\text{C}$, trung bình 26°C), bắt đầu nuôi từ năm 2010 nhưng thông tin nguồn giống còn hạn chế. Dòng Bà Rịa – Vũng Tàu thuộc khí hậu nhiệt đới gió mùa ($25\text{--}32^{\circ}\text{C}$, trung bình 27°C), phát triển từ năm 2014, diện tích nuôi hiện khoảng 155 ha với số trại giống tăng nhanh. Dòng Đài Loan, nhập nội từ đảo Bành Hồ (Penghu, $23,6^{\circ}\text{B}$, $119,5^{\circ}\text{Đ}$), có khí hậu cận nhiệt đới (Hsiao et al., 2016), môi trường tự nhiên

của sữa tại Đài Loan, được sử dụng như dòng tham chiếu. Việc thu thập bốn dòng vật liệu ban đầu này nhằm đảm bảo đa dạng di truyền cao phục vụ các bước chọn giống tiếp theo.

2.2.2. Thu mẫu và tách chiết DNA đánh giá đa dạng di truyền vật liệu ban đầu

2.2.2.1. Thu mẫu

Bốn dòng hầu bố mẹ vật liệu ban đầu được ngẫu nhiên thu mẫu màng áo phục vụ đánh giá đa dạng di truyền bằng chỉ thị microsatellite. Thời gian thu mẫu từ tháng 05 đến 09/2022. Số lượng là 80 mẫu/4 dòng (20 mẫu/dòng), để đảm bảo độ chính xác phân tích ước tính các thông số đa dạng di truyền của từng quần đàn và phát hiện alen hiếm (tần suất $\geq 5\%$) với độ tin cậy 95% (Ivanova et al., 2006; Hale *et al.*, 2012; Puckett, 2017). Quy trình thu mẫu theo phương pháp của Ivanova et al. (2006) phục vụ phân tích đa dạng di truyền sinh thái học. Dụng cụ thu mẫu (kẹp, dao mổ) sử dụng riêng cho từng cá thể, khử trùng bằng cồn 70% giữa các lần thu mẫu. Mẫu được đựng trong eppendoff vô trùng có nắp kín, dán nhãn chống nước ngay tại hiện trường. Mẫu màng áo được thu thập riêng biệt từng cá thể, kích thước khoảng 3 mm² và rửa sạch bằng nước biển vô trùng để loại bỏ tạp chất. Sau đó, mẫu được ngâm ngay trong 3 mL cồn 99% và bảo quản ở -20°C và sau 24 giờ tại 4°C cho đến khi tiến hành tách chiết DNA (Ivanova et al., 2006). Mỗi mẫu được gắn mã số theo trình tự địa điểm thu mẫu - số cá thể (ví dụ: Q-01 cho mẫu từ Quảng Ninh, cá thể số 1).

2.2.2.2. Tách chiết DNA

DNA tổng số được tách chiết từ mô màng áo hầu bằng phương pháp kết tủa muối cải tiến (Miller et al., 1988). Phương pháp này phù hợp với xử lý mẫu số lượng lớn và cho hiệu suất thu hồi DNA cao, đặc biệt hiệu quả với mô nhuyễn thể giàu polysaccharide nhờ khả năng kết tủa tạp chất bằng NaCl. Để đảm bảo chất lượng mẫu đầu vào cho phân tích microsatellite, tất cả mẫu DNA sau tách chiết được kiểm tra nghiêm ngặt bằng điện di gel 1,8% và đo quang phổ.

Mẫu mô màng áo hầu (~1 mm²) được cắt bằng kéo vô trùng và cho vào 500 μ L dung dịch ly giải Tris–EDTA–SDS (50 mM Tris-HCl pH 8,0; 20 mM EDTA pH 8,0; 2% SDS) đã bổ sung 5 μ L proteinase K (20 mg/mL). Hỗn hợp được ủ ở 55°C

trong 2 giờ để phân giải mô. Sau đó, thêm 250 μL NaCl 6 M để kết tủa protein và polysaccharide, rồi ly tâm ở 8.000 vòng/phút trong 15 phút. Phần dịch nổi chứa DNA được thu và kết tủa bằng cách thêm 1.000 μL ethanol 100% lạnh, ủ ở 4°C trong 2 giờ, sau đó ly tâm ở 10.000 vòng/phút trong 15 phút. Tủa DNA được rửa bằng 500 μL ethanol 70%, làm khô và hòa tan trong 50 μL dung dịch TE (10 mM Tris-HCl, 1 mM EDTA, pH 8,0), sau đó bảo quản ở -20°C.

DNA tổng số được kiểm tra chất lượng bằng điện di gel agarose 1,8% trong đệm 0,5X TBE (100V, 30 phút) và quang phổ kế NanoDrop OPTIZEN NanoQ Lite (K Lab Co. Ltd.) (Ivanova et al., 2006). Hình ảnh điện di cho thấy DNA có băng sáng, ít đứt gãy, đạt yêu cầu cho phản ứng PCR (Phụ lục 11). Nồng độ DNA dao động từ 24–1.900 ng/ μL và được chuẩn hóa về 10 ng/ μL trước PCR. Chỉ số OD260/280 đạt 1,80–2,00 và OD260/230 đạt 1,82–2,20, phản ánh DNA ít nhiễm protein, polysaccharide và muối. Mẫu có nồng độ <20 ng/ μL hoặc chỉ số OD <1,7 bị loại. Mẫu đạt chuẩn được lưu trữ -80°C để phục vụ phân tích đánh giá đa dạng di truyền bằng microsatellite.

2.2.3. Phương pháp đánh giá đa dạng di truyền vật liệu ban đầu bằng microsatellite

Từ chín (9) chỉ thị microsatellite được lựa chọn ban đầu dựa trên ba nghiên cứu đã phát triển cho hàu TBD (Huvet et al., 2000; Li et al., 2003; Sauvage et al., 2009), sáu (6) chỉ thị gồm L10, L16, ucdCg-128, ucdCg-139, ucdCg-133 và cgsili-57 đã được sàng lọc và đáp ứng các yêu cầu về tính đặc hiệu, độ ổn định tín hiệu và khả năng khuếch đại. Thông tin chi tiết về trình tự mỗi của 9 chỉ thị này được trình bày trong Phụ lục 10. Sau quá trình khảo sát sơ bộ và tối ưu hóa điều kiện multiplex PCR (Phụ lục 12), sáu (6) chỉ thị trên được đưa vào phân tích đa dạng di truyền các quần đàn hàu sữa vật liệu ban đầu trong nghiên cứu này. Kết quả cho thấy năm (5) chỉ thị (L10, L16, ucdCg-139, ucdCg-133 và cgsili-57) đạt tỷ lệ ghi nhận dữ liệu cao (92,5–100%) và được sử dụng cho các phân tích tiếp theo. Ngược lại, chỉ thị ucdCg-128 có tỷ lệ ghi nhận thấp (56,25%), phản ánh khả năng khuếch đại và độ tin cậy không ổn định, nên đã được loại khỏi các phân tích đa dạng di truyền của các dòng hàu sữa.

Kiểu gen microsatellite của các mẫu hầu sữa được phân tích bằng hệ thống điện di mao quản ABI 3500XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems) với thang chuẩn kích thước của GeneScan LIZ 500. Kích thước alen được xác định bằng phần mềm GeneMapper v.5 (Applied Biosystems), sử dụng ngưỡng tín hiệu tối thiểu 200–300 RFU để loại bỏ tín hiệu thấp; các đỉnh chồng (stutter peaks) hoặc tín hiệu bất thường được hiệu chỉnh thủ công. Micro-Checker v.2.2.3 (Van Oosterhout et al., 2004) được sử dụng để phát hiện mất alen (allelic dropout) và alen ảo (null alleles).

Các chỉ số di truyền như số alen (N_a), số alen hiệu quả (N_e), alen đặc hữu (P_a), tỷ lệ dị hợp tử quan sát (H_o) và lý thuyết (H_e) được tính bằng GenAlEx v.6.503 (Peakall & Smouse, 2012); chỉ số đa hình (PIC) và tần suất alen ảo (F-null) bằng Cervus v.3.0.7 (Kalinowski et al., 2007); độ phong phú alen (A_r) bằng FSTAT v.2.9.4 (Goudet, 1995); hệ số cận huyết nội dòng (F_{is}) bằng Arlequin v.3.5 (Excoffier & Lischer, 2010).

Sự khác biệt giữa các dòng về các tham số di truyền (F_{st}) được kiểm định bằng Kruskal–Wallis và sự sai lệch cân bằng Hardy–Weinberg (HWE) được kiểm tra bằng Fisher kết hợp chuỗi Markov với Genepop v.4.7.5 (Raymond & Rousset, 1995). Cấu trúc di truyền được đánh giá bằng phân tích AMOVA (Arlequin v.3.5) và mô hình tổ tiên hỗn hợp (admixture model) trong STRUCTURE v.2.3.4 (Falush et al., 2003), với 20 lần chạy độc lập (5.000 chu kỳ burn-in và 50.000 chu kỳ MCMC). Số nhóm di truyền tối ưu (K) được xác định bằng Delta K trên Structure Harvester (Evanno et al., 2005) và hiển thị bằng CLUMPAK (Kopelman et al., 2015). Khoảng cách di truyền giữa các dòng được tính bằng GenAlEx v.6.5 và phân tích tọa độ chính (PCoA) sử dụng gói ggplot2, phần mềm R.

2.3. Phương pháp nghiên cứu khả năng sinh trưởng của các phép lai hỗn hợp hầu sữa phục vụ thành lập quần đàn ban đầu G0

2.3.1. Phương pháp nuôi cấy tảo

Tảo giống phục vụ ương nuôi ấu trùng hầu sữa được nuôi cấy theo quy trình của Helm et al., 2024. Các loài tảo *Nannochloropsis occulata*, *Isochrysis galbana*, *Chaetoceros* sp., *Tetraselmis* sp., *Thalassiosira* sp. và *Skeletonema* sp. được lưu giữ

trong ống nghiệm thủy tinh tại phòng tảo giống, bảo quản ở 24°C và chiếu sáng 700–1.000 lux. Tảo giống được hoạt hóa bằng cách cấy chuyển nhiều lần trong ống nghiệm, sau đó nhân lên ở các bình tam giác 250 mL - 1 L chứa môi trường Conway hoặc F2. Khi đạt mật độ tối ưu trong phòng thí nghiệm ($1-5 \times 10^6$ tế bào/mL), tảo tiếp tục được nhân sinh khối trong bình nhựa 20 L ($5-10 \times 10^6$ tế bào/mL), sau đó ra bể nuôi sinh khối 100 – 2.000 L ngoài trời ($2-6 \times 10^6$ tế bào/mL) theo phương pháp nuôi theo mẻ (Phụ lục 13). Mật độ tế bào được kiểm tra hằng ngày để theo dõi tốc độ tăng trưởng và đánh giá chất lượng sinh khối, từ đó bố trí nguồn tảo phù hợp với từng giai đoạn nuôi vỗ bố mẹ và phát triển của ấu trùng hầu sữa.

2.3.2. Nuôi vỗ thành thực và sinh sản hầu bố mẹ vật liệu ban đầu

Hầu bố mẹ vật liệu ban đầu sạch bệnh OsHV-1 của 4 dòng được cân đo khối lượng thân và kích thước vỏ và chuyển vào trong các khay nhựa (40 x 60 x 30 cm) lỗ thoáng treo trong các bể nuôi vỗ (20 m^3) an toàn sinh học để nuôi vỗ thành thực (Phụ lục 14). Quy trình nuôi vỗ theo Helm et al. (2004), mật độ nuôi 100 con/ m^3 . Thức ăn nuôi vỗ là hỗn hợp các loài tảo *I. galbana*, *Chaetoceros* sp., *Tetraselmis* sp. và *Skeletonema* sp. theo tỷ lệ 1:1:1:1 và duy trì mật độ tảo từ 180.000 – 200.000 tb/mL. Mật độ tảo được xác định bằng buồng đếm hồng cầu trước mỗi lần cho ăn và sau khi thay nước nhằm điều chỉnh lượng bổ sung phù hợp, đảm bảo dao động trong khoảng mong muốn. Thời gian cho ăn 4 lần/ngày vào lúc 6 giờ, 10 giờ, 14 giờ và 18 giờ. Chất lượng nước duy trì thích hợp, nhiệt độ 28,5-31,0°C, độ mặn 28-30‰, pH 7,6-8,4 và kết hợp tạo dòng chảy tuần hoàn trong bể, sục khí 24/24. Thay nước hàng ngày với tỷ lệ 200%. Trong quá trình nuôi vỗ, hầu được kiểm tra mức độ thành thực sinh dục và chỉ được ghép phối gia đình khi đạt giai đoạn thành thực cuối (giai đoạn IV), tuyến sinh dục (trứng và tinh trùng) phát triển hoàn chỉnh, màu sắc đặc trưng (Phụ lục 12 và 13). Các cá thể bố mẹ của từng dòng dùng cho sinh sản phải có khối lượng và kích thước tối thiểu 50g và 7 cm, sức khỏe tốt, không nhiễm bệnh OsHV-1 và có hồ sơ phả hệ rõ ràng để tránh giao phối cận huyết (Phụ lục 15). Nuôi vỗ hầu bố mẹ và ghép cặp sản xuất và ương nuôi các gia đình tới kích thước nuôi đánh giá sinh trưởng được

thực hiện tại Trung tâm Quốc gia giống Hải sản Nam Bộ - 167 Thùy Vân, phường Thắng Tam, TP. Vũng Tàu. Thời gian nuôi vỗ 55 ngày (05/9 - 30/10/2022).

2.3.3. Ghép phối gia đình tạo 16 phép lai

Các phép lai hỗn hợp được thiết lập (Bentsen et al., 1998), với tỷ lệ ghép cặp 01 cái $\times$ 01 đực ($1\text{♀} \times 1\text{♂}$) nhằm tạo ra các gia đình cùng mẹ cùng cha (fullsib) thuộc các dòng thuần hoặc dòng lai. Các phép lai khác dòng được phối ghép theo hai chiều xuôi và ngược, ví dụ QK ($\text{♀Q} \times \text{♂K}$) và KQ ($\text{♀K} \times \text{♂Q}$). Tổng cộng, 84 gia đình fullsib được ghép phối và ương nuôi thành công tới nuôi đánh giá sinh trưởng, phân bố trong 16 phép lai, bao gồm 4 phép phối nội dòng (QQ, KK, VV, TT) và 12 phép lai khác dòng (QK, KQ, QV, VQ, QT, TQ, KV, VK, KT, TK, VT, TV). Mỗi phép lai được nhân tạo từ 5–7 gia đình fullsib, tương ứng với 5–7 cặp bố mẹ khác nhau (Bảng 2.1). Các phép lai xuôi và ngược được thiết kế nhằm phân tích đồng thời ảnh hưởng di truyền cộng gộp, ảnh hưởng con mẹ và ưu thế lai.

Bảng 2.1. Sơ đồ lai hỗn hợp bốn dòng hầu sữa vật liệu ban đầu

Dòng	Q (♂)	K (♂)	V (♂)	T (♂)
Q (♀)	QQ (5)	QK (5)	QV (5)	QT (5)
K (♀)	KQ (5)	KK (5)	KV (6)	KT (5)
V (♀)	VQ (5)	VK (5)	VV (5)	VT (5)
T (♀)	TQ (5)	TK (5)	TV (7)	TT (5)

Q: Quảng Ninh, K: Khánh Hòa, V: Bà Rịa-Vũng Tàu, T: Đà Loan; các số trong ngoặc là số lượng gia đình phối ghép thành công ở mỗi phép lai

Hầu bố mẹ trong từng dòng được lựa chọn ghép cặp tạo gia đình được kiểm tra mức độ thành thực sinh dục và chỉ được ghép phối gia đình khi đạt giai đoạn thành thực cuối (giai đoạn IV), tuyến sinh dục phát triển hoàn chỉnh, màu sắc đặc trưng (Phụ lục 15). Hầu bố mẹ được mở vỏ để lấy mẫu kiểm tra tuyến sinh dục để xác định dục cái. Sử dụng dao phẫu thuật cắt buồng tinh của một cá thể đực trộn đều với buồng trứng của một cá thể cái trong xô nhựa 20 L chứa nước biển lọc sạch (độ mặn 30–32‰, nhiệt độ 27–29°C). Hỗn hợp được khuấy nhẹ để đảm bảo tiếp xúc đồng đều giữa trứng và tinh trùng. Sau 30–60 phút, trứng thụ tinh được rửa sạch và chuyển vào

bể ấp có sục khí nhẹ cho đến khi đạt ấu trùng chữ D sau 24 giờ. Thời gian hoàn thành ghép cặp tạo 84 gia đình của 16 phép lai là 32 ngày.

Các chỉ tiêu sinh sản của hàu sữa được xác định theo các phương pháp tiêu chuẩn áp dụng cho nhuyễn thể hai mảnh vỏ (Helm et al., 2004). Sức sinh sản (fecundity) được ước tính thông qua phương pháp đếm số lượng trứng trong một đơn vị thể tích mẫu (sub-sampling), sau đó quy đổi ra tổng số trứng của toàn bộ cá thể cái dựa trên thể tích hỗn hợp trứng thu được. Mẫu trứng được lấy ngẫu nhiên, cố định nhẹ và đếm dưới kính hiển vi quang học.

Tỷ lệ thụ tinh (%) được xác định bằng cách quan sát và đếm số lượng trứng đã bắt đầu phân cắt (cleavage) so với tổng số trứng trong mẫu sau 1–2 giờ kể từ khi tiến hành thụ tinh. Tỷ lệ nở (%) được tính toán dựa trên số lượng ấu trùng chữ D hình thành sau 24 giờ so với tổng số trứng đã thụ tinh ban đầu. Mỗi chỉ tiêu được xác định trên 03 mẫu lặp lại nhằm đảm bảo độ tin cậy của kết quả.

2.3.4. Ương nuôi gia đình của 16 phép lai

2.3.4.1. Ương nuôi gia đình từ ấu trùng chữ D đến giống bằm 5 mm

Sau 24 giờ từ khi hoàn tất quá trình thụ tinh, 500.000 ấu trùng giai đoạn chữ D của từng gia đình được đánh dấu và ương nuôi riêng biệt trong các bể composite dung tích 500 L (Phụ lục 16), đảm bảo điều kiện an toàn sinh học và xác định được phả hệ trong toàn bộ quá trình nghiên cứu.

Quy trình ương ấu trùng (Helm et al., 2004) với một số điều chỉnh phù hợp điều kiện thực tiễn tại cơ sở nghiên cứu. Mật độ ương ban đầu, khẩu phần ăn, loại thức ăn và tần suất cho ăn trình bày chi tiết trong Phụ lục 17. Chất lượng nước được giám sát và duy trì ổn định cho sự phát triển của ấu trùng: nhiệt độ 26–29 °C, độ mặn 30–32‰ và pH từ 7,5–8,5. Nguồn thức ăn chính cho ấu trùng là hỗn hợp các loài vi tảo đơn bào sống bao gồm *I. galbana*, *Chaetoceros* sp., *Tetraselmis* sp. và *Skeletonema* sp. Vi tảo được bắt đầu cung cấp sau 24 giờ kể từ thời điểm thụ tinh và được bổ sung đều đặn hằng ngày với tần suất 2 lần/ngày vào lúc 7:00 và 17:00. Trước mỗi lần cho ăn, tiến hành đánh giá mật độ ấu trùng và đo mật độ tảo còn lại trong bể để tính toán lượng bổ sung phù hợp, đảm bảo khẩu phần dinh dưỡng chính xác theo

từng giai đoạn phát triển. Việc thay nước được thực hiện hàng ngày với tỷ lệ 30% thể tích bể/lần, nhằm duy trì chất lượng nước tối ưu cho sự phát triển của ấu trùng.

Sau khoảng 16 - 21 ngày ương, ấu trùng đạt đến giai đoạn ấu trùng điểm mắt (chân bò) là dấu hiệu chuyển tiếp sang giai đoạn sống bám. Toàn bộ ấu trùng này được thu và chuyển sang bể ương có chứa giá thể (miếng nhựa PVC mỏng và mềm và có bề mặt nhám) để hàu giống bám chắc vào. Quá trình chuyển giai đoạn được theo dõi sát để đảm bảo tỷ lệ bám cao nhất. Giống bám tiếp tục được ương 7 - 10 ngày đến khi hàu giống đạt kích thước trung bình khoảng 5 mm, đủ điều kiện chuyển sang giai đoạn ương lên kích thước con giống lớn 30 mm.

2.3.4.2. Ương nuôi gia đình từ hàu giống 5 mm tới 30 mm

Các cá thể hàu giống (~5 mm chiều cao vỏ) bám trên giá thể nhựa đã được mã hóa theo gia đình và phép lai được chuyển sang giai đoạn ương lên kích cỡ 3 cm. Mỗi gia đình chọn ngẫu nhiên 2.000 cá thể khỏe mạnh, màu đen bóng, bám chắc trên giá thể, được phân bổ vào 168 rổ nhựa ($25 \times 30 \times 40$ cm; 2 rổ/gia đình, 84 gia đình) có mã riêng để quản lý phả hệ và được chia đều số lượng gia đình và bố trí ngẫu nhiên nuôi trong hai bể có dòng nước chảy $20 \text{ m}^3/\text{bể}$, mỗi bể 84 rổ. Sau 15 ngày, khi hàu đạt kích thước 1,0–1,5 cm, các cá thể dị hình hoặc bất thường hình thái được loại bỏ, giữ lại 500 cá thể khỏe mạnh/rổ/gia đình để tiếp tục ương đến khi đạt 2–3 cm phục vụ đánh giá sinh trưởng. Hàu được cho ăn hỗn hợp tảo *I. galbana*, *Chaetoceros* sp., *Tetraselmis* sp. và *Skeletonema* sp. nuôi cấy tại chỗ, với mật độ duy trì >200.000 tế bào/mL, cho ăn 2 lần/ngày (7:00 và 17:00) (Phụ lục 17). Mật độ tảo và khả năng bắt mồi được kiểm tra trước mỗi lần cho ăn để điều chỉnh khẩu phần phù hợp. Bể ương được thay nước hoàn toàn và vệ sinh hằng ngày, duy trì điều kiện tối ưu: nhiệt độ 28–29°C, độ mặn 30–32‰, pH 7,5–8,5. Mẫu hàu được thu ngẫu nhiên 5 mẫu gộp, 15-20 gia đình/mẫu từ các thời gian sinh sản khác nhau ở giai đoạn 5 mm và 10 – 30 mm để kiểm tra OsHV-1 bằng PCR. Tất cả các mẫu được kiểm tra đều âm tính phục vụ nuôi đánh giá sinh trưởng. Thời gian ương từ ấu trùng chữ D đến kích thước 30 mm dao động 39–72 ngày tùy theo gia đình và phép lai.

2.3.5. Đánh dấu và nuôi đánh giá sinh trưởng các gia đình và 16 phép lai

Sau khi hầu hết các gia đình hầu đạt 10-30 mm, các cá thể hầu bám được nhẹ nhàng tách ra khỏi giá thể thành hầu đơn. Những cá thể khỏe mạnh được lựa chọn, cân khối lượng thân và đo kích thước vỏ (chiều cao, dài, rộng) nhằm xác định giá trị trung bình của từng gia đình, phép lai và đánh mã số phân biệt gia đình từ 01-84 để dễ dàng trong quản lý chăm sóc, truy xuất phả hệ phục vụ nuôi đánh giá sinh trưởng. Không đánh dấu cá thể trong đánh giá sinh trưởng 16 phép lai.

Bảng 2.2. Thông tin đánh dấu và thả nuôi đánh giá sinh trưởng hầu sữa từ 16 phép lai

Chỉ tiêu	TB±SD	Min	Max	CV (%)
TagW (g)	2,10±0,01	0,78	5,65	0,25
TagSH (mm)	23,11±4,04	16,30	38,00	17,47
TagSL (mm)	16,01±2,82	10,87	26,25	17,60
TagSW (mm)	6,13±1,29	3,31	10,00	21,04
SL đánh dấu (con)	8.400			
Thời gian đánh dấu	28-29/11/2022			

TagW/SH/SL/SW: khối lượng thân/chiều cao/dài/rộng lúc đánh dấu; TB±SD: trung bình±độ lệch chuẩn; CV: hệ số biến thiên, Min/Max giá trị nhỏ nhất/lớn nhất; SL: số lượng.

Tổng số lượng hầu tại lúc đánh dấu gia đình là 16.800 con (8.400 con/địa điểm, 100 con/gia đình, 84 gia đình/địa điểm), thuộc 16 phép lai, phục vụ cho nuôi đánh giá sinh trưởng. Tại thời điểm thả nuôi đánh giá sinh trưởng sau đánh dấu, khối lượng thân trung bình (TagW) của hầu đạt $2,10 \pm 0,92$ g (từ 0,78 g đến 5,65 g), với hệ số biến thiên cao ($CV = 43,81\%$); chiều cao vỏ (TagSH) trung bình đạt $23,02 \pm 4,07$ mm ($CV = 17,67\%$), chiều dài vỏ (TagSL) đạt $15,97 \pm 2,83$ mm ($CV = 17,69\%$) và chiều rộng vỏ (TagSW) đạt $6,13 \pm 1,23$ mm ($CV = 20,15\%$) (Bảng 2.2, Phụ lục 18).

Các dòng hầu sữa sau khi được đánh dấu truy xuất phả hệ gia đình và phép lai, được nuôi đánh giá sinh trưởng ở vùng cửa sông Long Sơn và Long Hòa. Mỗi địa điểm bố trí một bể nuôi diện tích 200 m² (Phụ lục 19), áp dụng hình thức nuôi treo rổ – phương pháp phổ biến và đại diện nhất cho mô hình nuôi hầu tại Việt Nam (In & ctv., 2017). Tổng số 84 gia đình, thuộc 16 phép lai hỗn hợp được thả nuôi tại mỗi địa điểm. Mỗi gia đình được đánh dấu truy xuất phả hệ gồm 100 cá thể, 8.400 cá thể/bể và 16.800 cá thể cho toàn bộ thí nghiệm. Do kích thước hầu đơn các gia

đình còn nhỏ (2 - 3 cm), nên khi bắt đầu thả nuôi đánh giá tất cả các cá thể hậu đơn của mỗi gia đình được bỏ trong một túi lưới riêng biệt (50×50 cm, mắt lưới 0,5 cm), sau đó túi được cố định trong rổ nhựa ($60 \times 60 \times 25$ cm, kích thước lỗ 3 cm) tránh thất thoát trong quá trình nuôi. Tổng cộng 168 rổ được chia đều nuôi ở hai địa điểm, với mỗi địa điểm là 84 rổ tương ứng với 84 gia đình. Các rổ trong cùng địa điểm nuôi được bố trí ngẫu nhiên đồng đều treo trên bè, cùng vị trí và độ sâu tương tự để đảm bảo dòng chảy, quản lý chăm sóc và các điều kiện môi trường tương đồng nhau.

Trong suốt quá trình nuôi, rổ được vệ sinh định kỳ 1 lần/tuần để loại bỏ vật bám và kiểm tra sức khỏe hậu, đảm bảo điều kiện chăm sóc đồng nhất giữa các gia đình. Sau 3 tháng nuôi, khi hậu đạt chiều cao vỏ khoảng 50 mm, loại bỏ túi lưới và cá thể được nuôi trực tiếp trong rổ đến khi thu hoạch. Thời gian nuôi 6 tháng (12/2022–06/2023) khi đạt khối lượng thân trung bình khoảng 50 g.

2.3.6. Phương pháp thu thập số liệu

2.3.6.1. Đánh giá chất lượng nước và hàm lượng thực vật phù du

Các chỉ tiêu chất lượng nước gồm: nhiệt độ ($^{\circ}\text{C}$), độ mặn (‰), pH, oxy hòa tan (DO, mg/L), nitrit (NO_2^- , mg/L), amonia (TAN, mg/L) được kiểm tra định kỳ 02 lần/tháng bằng máy đo chất lượng nước đa chỉ tiêu HANNA HI98196. Hàm lượng thực vật phù du gồm *Chlorophyll a* ($\mu\text{g/L}$), thành phần loài tảo (loài/L), mật độ tảo (tế bào/mL) và tổng chất rắn lơ lửng (TSS, mg/L) tại 2 địa điểm nuôi sinh trưởng được thu thập và phân tích định kỳ 01 lần/tháng theo phương pháp của AOAC, 2000.

2.3.6.2. Đánh giá sinh trưởng và tỷ lệ sống

Trong suốt quá trình thực hiện thí nghiệm, các số liệu cơ bản được ghi chép đầy đủ và hệ thống bao gồm: mã số hậu bố mẹ tham gia sinh sản, mã số phả hệ của từng gia đình, ngày sinh sản (Spawndate), ngày đánh dấu/ngày thả nuôi đánh giá sinh trưởng (Tagdate) và ngày thu hoạch (Hdate). Thời gian ương từ khi sinh sản tới thả nuôi đánh giá sinh trưởng ($\text{NurseAge} = \text{Tagdate} - \text{Spawndate}$), thời gian nuôi đánh giá sinh trưởng từ đánh dấu thả nuôi đến thu hoạch ($\text{GrowAge} = \text{Hdate} - \text{Tagdate}$), tổng thời gian nuôi từ khi sinh sản tới thu hoạch nuôi đánh giá sinh trưởng ($\text{TotalAge} = \text{NurseAge} + \text{GrowAge}$). Rổ trong thí nghiệm cùng loại, chỉ đóng vai trò vật chứa

(giá thể nuôi) nhằm tách riêng phân biệt gia đình và quản lý cá thể. Mỗi rổ trùng khớp với một gia đình hàu, nên khi bao gồm ảnh hưởng ngẫu nhiên gia đình vào trong mô hình toán thì không bao gồm thêm rổ. Biến dị chính được quy về cấp độ gia đình và phép lai, phù hợp với mục tiêu ước tính ảnh hưởng các thành phần di truyền và so sánh hiệu quả của các phép lai hỗn hợp.

Các chỉ tiêu sinh trưởng được thu thập lúc thả nuôi và thu hoạch nuôi đánh giá sinh trưởng lần lượt là: khối lượng thân (TagW và W, g) được xác định bằng cân điện tử ($\pm 0,1$ g) và chiều cao vỏ (TagSH và SH, mm), chiều dài vỏ (TagSL và SL, mm), chiều rộng vỏ (TagSW và SW, mm), được đo bằng thước kẹp điện tử ($\pm 0,1$ mm) (Dong et al., 2018). Thu thập số liệu sinh trưởng và tỷ lệ sống được thực hiện tại thời điểm đánh dấu thả nuôi và thu hoạch do 4 người thực hiện nhằm giảm sai số thống kê (Phụ lục 19 và Phụ lục 20). Tỷ lệ sống (Sur) từng gia đình được xác định theo công thức: $Sur (\%) = \frac{N2}{N1} \times 100$; trong đó, N1 là số cá thể ban đầu thả nuôi (con) và N2 là số cá thể còn sống lúc thu hoạch (con).

2.3.7. Phương pháp xử lý số liệu và ước tính các thành phần di truyền của hàu sữa từ 16 phép lai

Tổng cộng 7.132 cá thể hàu sữa được thu hoạch từ 16.800 con ban đầu (8.400 con/địa điểm; 84 gia đình thuộc 16 phép lai) tại hai địa điểm nuôi Long Sơn (5.467 con) và Long Hòa (1.665 con). Dữ liệu được sử dụng để phân tích sinh trưởng và ước tính các thành phần di truyền của khối lượng thân (W) và tỷ lệ sống (Sur). Các cá thể sống được mã hóa là 1, cá thể chết là 0. Thông tin về W, Sur, Spawndate, Tagdate và Hdate của từng gia đình/phép lai được rà soát nhằm loại bỏ sai sót ghi chép. Dữ liệu thu thập có phân bố gần chuẩn, đáp ứng yêu cầu cho các phân tích di truyền tiếp theo.

Phân tích thống kê được thực hiện theo mô hình tuyến tính tổng quát (GLM – General Linear Model) bằng phần mềm SAS (SAS Institute Inc., 2003). Phương pháp này cho sai số chuẩn nhỏ nhất của các ước tính so với phương pháp hiệu chỉnh theo nghịch đảo độ lệch chuẩn hoặc phương sai. Trước tiên, mô hình kiểm định ảnh hưởng của các yếu tố hệ thống như các ảnh hưởng cố định, ngẫu nhiên và đồng biến tới các cá thể của các gia đình thuộc 16 phép lai. Các yếu tố ảnh hưởng tới sinh trưởng và tỷ

lệ sống được đưa vào mô hình thử nghiệm bao gồm: phép lai (G), gia đình (F), TagW, NurseAge, GrowAge, TotalAge và các tương tác hai chiều giữa các yếu tố này. Mỗi rổ trùng khớp với một gia đình hàu, nên khi bao gồm ảnh hưởng ngẫu nhiên gia đình trong mô hình toán thì không bao gồm thêm ảnh hưởng rổ. Ảnh hưởng nào có ý nghĩa thống kê thì giữ lại trong mô hình toán và ngược lại. Mô hình toán được chọn sau khi sàng lọc tất cả các ảnh hưởng ngẫu nhiên, cố định và hiệp biến như sau:

$$Y_{ijk} = \mu + E_i + G_j + b_1 A_k + (G \times E)_{ij} + e_{ijk} \quad (1)$$

Trong đó, Y_{ijk} là giá trị W và Sur thu hoạch của cá thể thứ k thuộc phép lai j ; μ là trung bình tổng thể; E_i là ảnh hưởng địa điểm/môi trường nuôi ($i = 2$); G_j là ảnh hưởng phép lai thứ j ($j = 16$); $G \times E$ là ảnh hưởng tương tác kiểu gen $\times$ môi trường; A_k là ảnh hưởng thời gian nuôi có ý nghĩa thống kê (TotalAge cho W hoặc NurseAge cho Sur) của từng cá thể k , với hệ số hồi qui b_1 ; e_{ijk} là sai số ngẫu nhiên.

Kết quả LSM các tính trạng của 16 phép lai được dùng ước tính tương quan kiểu hình để lựa chọn tính trạng sinh trưởng và môi trường nuôi tối ưu nhất cho đánh giá tiếp theo. Kết hợp với kết quả đánh giá xếp hạng giá trị di truyền cộng gộp của các phép lai theo mô hình (2) bên dưới, từ đó đề xuất phương án chọn lọc cho hình thành quần đàn ban đầu cho chọn giống nâng cao sinh trưởng được thực hiện theo phân tích bên dưới. Để phân tích chi tiết hơn các thành phần di truyền, mô hình được mở rộng nhằm ước lượng riêng biệt các ảnh hưởng di truyền cộng gộp, ưu thế lai và ảnh hưởng con mẹ. Mô hình tuyến tính (2) được áp dụng như sau:

$$Y_{ijkl} = \mu + E_i + b_1 A_j + \sum \alpha_k a_k + \sum \alpha_{kl} h_{kl} + \sum \beta_k r_k + e_{ijkl} \quad (2)$$

Trong đó, Y_{ijkl} là giá trị khối lượng thân và tỷ lệ sống thu hoạch của cá thể thứ j thuộc phép lai kl ; E_i là ảnh hưởng của môi trường nuôi ($i = 2$); A_j là ảnh hưởng thời gian nuôi với TotalAge cho ước tính khối lượng thân hoặc NurseAge cho ước tính tỷ lệ sống từng cá thể j với hệ số hồi qui b_1 ; α_k là tỷ lệ gen mỗi cá thể nhận được từ dòng thứ k ($a_k = 0,0; 0,5$ hoặc $1,0$ và $\sum a_k = 1,0$); a_k là ảnh hưởng di truyền cộng gộp của gen có nguồn gốc từ dòng thứ k ; α_{kl} là hệ số của tổng ảnh hưởng ưu thế lai cho phép lai chéo giữa dòng thứ k và dòng thứ l ($\alpha_{kl} = 0,0$ hoặc $1,0$; $k \neq l$; $kl \neq lk$ và $\sum \alpha_{kl}$

$= 1,0$); h_{kl} là tổng ảnh hưởng ưu thế lai cho phép lai chéo giữa dòng thứ k và dòng thứ l ($k \neq l$; $kl \neq lk$); hệ số ảnh hưởng con mẹ tổng quát là β_k cho dòng thứ k ($\beta_k = 0$ đối với dòng thuần, $-0,5$ đối với dòng đực và $0,5$ đối với dòng cái, đối với con lai và $\sum \beta_k = 1,0$); r_k là ảnh hưởng con mẹ tổng quát của dòng thứ k ; e_{ijkl} là vector chứa các sai số ngẫu nhiên đối với cá thể thứ j . Khi phân tích ảnh hưởng di truyền cộng gộp, ảnh hưởng con mẹ và ưu thế lai cho từng môi trường nuôi thì không bao gồm E_i .

Mức ý nghĩa của 3 thành phần di truyền được đánh giá bằng kiểm định F từng phần (partial F test) bằng cách loại bỏ lần lượt từng thành phần ra khỏi mô hình đầy đủ (Myers & Well, 2003). Các thành phần di truyền này được ước tính dưới dạng hệ số hồi quy với một bậc tự do. ảnh hưởng di truyền cộng gộp được ràng buộc theo điều kiện $\sum a_k = 0$. Vì số lượng bố mẹ trong mỗi phép lai còn hạn chế trong nghiên cứu này, các hệ số ảnh hưởng con mẹ được thiết lập giả định ảnh hưởng di truyền cộng gộp của một dòng là như nhau, không phụ thuộc vào giới tính của hàu bố hoặc hàu mẹ (Gjerde et al., 2002). Việc đưa ảnh hưởng con mẹ vào mô hình nhằm tăng độ chính xác của các ước tính ảnh hưởng di truyền cộng gộp và ưu thế lai. Tổng ưu thế lai (total heterosis effects) cho một phép lai giữa hai dòng được phân tích theo công thức: $h_{kl} = \bar{h} + h_k + h_l + s_{kl}$ (3); trong đó, $\bar{h}$ là ảnh hưởng ưu thế lai trung bình cho tất cả các dòng tham gia phép lai hỗn hợp; h_k và h_l là ảnh hưởng ưu thế lai chung của dòng k và l ; s_{kl} là ảnh hưởng ưu thế lai riêng biệt cho phép lai giữa hai dòng đó.

Tất cả các phân tích này được thực hiện bằng thuật toán PROC GLM trong phần mềm SAS. Khối lượng thân hay tỷ lệ sống quan sát được đặt trọng số (weight), là đảo nghịch của phương sai cho tính trạng tương ứng trong từng môi trường nuôi, bằng cách dùng chức năng WEIGHT (WEIGHT OPTION) trong SAS. Phương pháp này được sử dụng thành công với sai số chuẩn nhỏ (Gjerde et al., 2002).

2.3.8. Phương án thành lập quần đàn hàu sữa ban đầu G0

Quần đàn ban đầu (G0) được thành lập theo phương pháp chọn lọc kết hợp (combined selection) dựa trên cơ sở di truyền số lượng (Gjedrem, 2005). Phương án chọn lọc được áp dụng cho 16 phép lai hỗn hợp, tập trung vào hai tính trạng kinh tế chính là khối lượng thân và tỷ lệ sống, đồng thời tích hợp thông tin đa dạng di truyền

thu được từ bốn dòng vật liệu ban đầu. Mục tiêu là lựa chọn 1.000 cá thể ưu tú nhất để hình thành quần đàn ban đầu G0, vừa có tiềm năng di truyền cao về sinh trưởng, vừa đảm bảo duy trì mức đa dạng di truyền cần thiết cho các thế hệ chọn giống tiếp theo. Quy trình chọn lọc được thực hiện theo ba cấp độ, bao gồm: (i) giữa các phép lai, (ii) giữa các gia đình trong từng phép lai và (iii) giữa các cá thể trong gia đình.

Chọn lọc giữa các phép lai là ưu tiên lựa chọn các phép lai có ảnh hưởng di truyền cộng gộp cao đối với tính trạng khối lượng thân, đồng thời có tỷ lệ sống không thấp hơn giá trị trung bình của toàn bộ các phép lai trong quần đàn. Để đảm bảo quần đàn ban đầu có mức đa dạng di truyền cao, số lượng phép lai được chọn chiếm khoảng 65–80% tổng số phép lai, phù hợp với khuyến cáo của Gjedrem (2005). Số cá thể được phân bổ từ mỗi phép lai không cố định mà được ưu tiên cho các phép lai có (i) giá trị ảnh hưởng di truyền cộng gộp tối ưu và (ii) chứa các dòng thuần vật liệu ban đầu có mức đa dạng di truyền cao hơn.

Chọn lọc giữa các gia đình trong phép lai là trong từng phép lai đã được lựa chọn, các gia đình được sàng lọc dựa trên tiêu chí khối lượng thân trung bình cao nhất, đồng thời tỷ lệ sống không thấp hơn giá trị trung bình của phép lai tương ứng. Số lượng gia đình được giữ lại để tham gia thành lập quần đàn G0 chiếm khoảng 65–80% tổng số gia đình trong mỗi phép lai, nhằm hạn chế nguy cơ suy giảm đa dạng di truyền và tránh thiên lệch chọn lọc quá mức (Gjedrem, 2005).

Chọn lọc giữa các cá thể trong gia đình là lựa chọn các cá thể có khối lượng thân cao nhất trong từng gia đình đã được chọn, đồng thời đảm bảo cân đối số lượng cá thể giữa các gia đình và giữa các phép lai. Mỗi gia đình lựa chọn từ 10–30 cá thể được đánh mã số truy xuất phả hệ, sao cho đóng góp di truyền của mỗi gia đình không vượt quá 5–8% tổng quần đàn. Việc phân bổ số cá thể được kiểm soát nhằm tránh hiện tượng một số gia đình đóng góp quá lớn vào quần đàn ban đầu. Toàn bộ cá thể được chọn đều được ghi nhận và lưu trữ đầy đủ thông tin phả hệ, làm cơ sở cho quản lý cận huyết và ước tính giá trị giống ở các thế hệ tiếp theo.

Thông qua quy trình chọn lọc ba cấp này, tổng số 1.000 cá thể bố mẹ G0 được hình thành, đảm bảo vừa nâng cao tiềm năng di truyền đối với tính trạng sinh trưởng, vừa duy trì biến dị di truyền ở mức cao trong quần đàn ban đầu. Đây là nền tảng quan

trọng cho việc xây dựng và vận hành chương trình chọn giống hàu sữa sinh trưởng nhanh bền vững trong dài hạn.

2.4. Phương pháp đánh giá khả năng di truyền và biểu hiện sinh trưởng hàu sữa cho chọn giống thế hệ G1

2.4.1. Nuôi vỗ thành thực và sinh sản hàu sữa bố mẹ G0

Phương pháp nuôi vỗ hàu bố mẹ tương tự ở Mục 2.3.2, Trang 35. Thời gian nuôi vỗ từ tháng 6-7/2023.

2.4.2. Phương pháp ghép phôi và ương nuôi gia đình hàu sữa chọn giống thế hệ G1

Phương pháp ghép phôi các gia đình G1 là phôi thứ bậc tránh cận huyết dựa vào phả hệ để sản xuất gia đình cùng cha khác mẹ (half-sib) và cùng cha cùng mẹ (full-sib) thế hệ G1 (Gjedrem, 2005) bằng kỹ thuật thụ tinh nhân tạo. Tinh của 01 con đực thành thực được thụ tinh cho 02 con cái để tạo thành ít nhất hai gia đình half-sib, trong khi các gia đình full-sib được tạo ra khi chỉ một con cái tạo gia đình thành công với con đực. Số lượng bố mẹ được sử dụng ghép phôi thành công các gia đình G1 là 124 con (44 đực và 80 cái) từ 1.000 con hàu bố mẹ quần đàn ban đầu G0. Số lượng gia đình G1 ghép phôi và ương nuôi thành công tới kích cỡ đánh dấu là 80 gia đình (44 gia đình cùng cha cùng mẹ - fullsib và 36 gia đình cùng cha khác mẹ - halfsib).

Hàu bố mẹ thành thực đạt tiêu chuẩn (khối lượng thân >50g, chiều cao vỏ >7 cm) và được gây mê mở vỏ hàu, sử dụng dung dịch $MgSO_4$ 8%, thu mẫu sản phẩm sinh dục để kiểm tra mức độ thành thực và xác định giới tính, các cá thể phù hợp được giữ lại cho ghép cặp gia đình, các cá thể không phù hợp được giữ lại nuôi vỗ tiếp tục cho lần sinh sản tiếp theo. Mỗi cá thể đực sử dụng dao phẫu thuật sắc tách riêng buồng tinh, chia đều thành hai phần bằng nhau sau đó trộn riêng từng phần của buồng tinh với 01 buồng trứng con cái (01 đực $\times$ 02 cái) trong các xô nhựa (20L) riêng biệt chứa nước biển lọc sạch (độ mặn 30–32‰, nhiệt độ 27–29°C). Quá trình thụ tinh được khuấy nhẹ nhàng để đảm bảo sự tiếp xúc đồng đều giữa trứng và tinh trùng. Sau 30–60 phút, trứng thụ tinh được rửa sạch và chuyển vào bể ấp có sục khí nhẹ, theo dõi đến giai đoạn ấu trùng chữ D.

Kỹ thuật ương nuôi các giai đoạn phát triển tới kích cỡ đánh dấu: tương tự Mục 2.3.4.1 và 2.3.4.2, Trang 37 và 38. Thời gian ương nuôi các giai đoạn từ ấu trùng chữ D tới kích cỡ đánh dấu từ tháng 06-09/2023. Tỷ lệ sống trung bình giai đoạn ấu trùng chữ D đến 5 mm đạt $21,11 \pm 1,23\%$ (khoảng 63.325 ± 3.960 con giống/gia đình). Tỷ lệ sống giai đoạn ương từ 5 mm đến 3 cm đạt cao là $81,07 \pm 6,92\%$ (khoảng 1.621 ± 138 con/gia đình). Số lượng con giống từng gia đình thu được các giai đoạn phát triển đảm bảo số lượng cá thể đủ lớn cho đánh dấu cá thể nuôi đánh giá sinh trưởng, đồng thời khẳng định khả năng thích nghi tốt của hàu G1.

2.4.3. Phương pháp đánh dấu cá thể và nuôi đánh giá sinh trưởng hàu sữa thể hệ G1

Đánh dấu gia đình tương tự Mục 2.3.5, Trang 39.

Đánh dấu cá thể: áp dụng phương pháp đánh dấu ngoài (Evans et al., 2016), dấu nhựa kích thước 4×8 mm đánh số thứ tự được dán bên ngoài vỏ hàu bằng keo chuyên dụng để phân biệt từng cá thể (Phụ lục 18). Tổng số hàu thể hệ G1 từ 80 gia đình (44 gia đình fullsibs và 36 gia đình halfsib) được đánh dấu là 16.000 hàu giống/2 địa điểm, chia đều nuôi đánh giá G×E tại 02 địa điểm nuôi, 8.000 con giống/địa điểm, 100 con/gia đình/địa điểm nuôi. Thời gian đánh dấu từ 13/8-04/9/2023.

Tại thời điểm thả nuôi đánh giá sinh trưởng, khối lượng thân (TagW, g), chiều cao vỏ (TagSH, mm), chiều dài vỏ (TagSL, mm) và chiều rộng vỏ (TagSW, mm) của từng cá thể hàu được thu thập (Phụ lục 18). Trung bình khối lượng thân, chiều cao, chiều dài và chiều rộng vỏ con giống G1 lần lượt là $2,28 \pm 1,99$ g; $26,49 \pm 7,77$ mm; $19,67 \pm 5,74$ mm và $8,96 \pm 3,64$ mm (Bảng 2.3). Số lượng nuôi đánh giá G×E dựa trên mức ý nghĩa phục vụ việc xác định các thông số di truyền. Con giống trước khi đem thả nuôi phải đạt các tiêu chuẩn chất lượng khoẻ mạnh, màu sắc đen đục, kích cỡ đồng đều, hình dáng tròn hoặc như cái muỗng.

Phương pháp nuôi đánh giá sinh trưởng là nuôi hàu đơn treo rủ trên bè (In et al., 2017) tại hai địa điểm Long Sơn, Vũng Tàu (Bà Rịa – Vũng Tàu) và Long Hòa, Cần Giỏi (TP Hồ Chí Minh), với diện tích 200 m^2 /địa điểm và thời gian nuôi từ

09/2023-03/2024. Mỗi cá thể từ một gia đình được thả chung trong một túi lưới (50×50 cm, mắt lưới 0,5 cm), giảm ảnh hưởng ngẫu nhiên của môi trường lên sinh trưởng của gia đình. Túi lưới sau đó được cố định trong rổ nhựa phủ kín lưới trên miệng ($25 \times 60 \times 60$ cm, có lỗ ~ 3 cm) và treo lên bè để đảm bảo an toàn và lưu thông dòng chảy tốt (Phụ lục 19). Túi lưới được duy trì trong 3 tháng đầu, sau đó, loại bỏ khi hàu đạt kích cỡ vỏ khoảng 5 cm và nuôi trực tiếp hàu trong rổ cho đến khi thu hoạch. Định kỳ 5 - 7 ngày vệ sinh túi lưới và rổ để loại bỏ mảng bám và duy trì điều kiện tối ưu cho sinh trưởng. Thời gian nuôi là 6 tháng đến khi hàu đạt kích cỡ thương phẩm với trọng lượng thân trung bình khi thu hoạch khoảng 50 g. Kết quả đánh giá nuôi sinh trưởng nuôi thực địa tại các vùng nuôi khác nhau được sử dụng cho ước tính các thông số di truyền phục vụ chọn lọc 1.000 con hàu bố mẹ sinh trưởng nhanh thế hệ G1 cho chọn giống thế hệ tiếp theo.

Bảng 2.3. Số lượng, khối lượng thân và kích thước vỏ của 80 gia đình hàu sữa G1 tại thời điểm đánh dấu và thả nuôi đánh giá sinh trưởng ở hai địa điểm

Chỉ tiêu	Long Sơn	Long Hòa
SL gia đình	80	80
SL đánh dấu/gia đình G1 (con)	100	100
SL đánh dấu/thế hệ G1 (con)	8.000	8.000
W (g)	$2,28 \pm 1,99$	$2,27 \pm 2,07$
SH (mm)	$26,49 \pm 7,77$	$26,10 \pm 7,78$
SL (mm)	$19,67 \pm 5,74$	$19,25 \pm 5,90$
SW (mm)	$8,96 \pm 3,64$	$9,20 \pm 3,73$
Thời gian đánh dấu	13/8-04/9/2023	

SL: Số lượng; W: Khối lượng thân; SH/SL/SW: Chiều cao/dài/ rộng vỏ; Giá trị trong bảng được thể hiện dưới dạng trung bình $\pm$ độ lệch chuẩn.

2.4.4. Phương pháp thu thập số liệu thế hệ G1

2.4.4.1. Đánh giá chất lượng nước và hàm lượng thực vật phù du

Tương tự Mục 2.3.6.1, Trang 40.

2.4.4.2. Đánh giá sinh trưởng và tỷ lệ sống

Ở từng môi trường, giai đoạn sinh sản thu thập dữ liệu: ngày đẻ, số lượng

trứng, tỷ lệ thụ tinh, tỷ lệ nở, mã số từng cá thể bố mẹ. Giai đoạn đánh dấu thả nuôi thu thập dữ liệu: mã dấu cá thể, ngày đánh dấu, ngày thả nuôi, khối lượng và kích thước vỏ. Các chỉ tiêu sinh trưởng tại thời điểm thả nuôi và thu hoạch được xác định (Phụ lục 18 và Phụ lục 20) lần lượt bao gồm: khối lượng thân (TagW và W, $\pm 0,1$ g), bằng cân điện tử; chiều cao vỏ (TagSH và SH, $\pm 0,1$ mm), chiều dài vỏ (TagSL và SL, $\pm 0,1$ mm) và chiều rộng vỏ (TagSW và SW, $\pm 0,1$ mm), bằng thước kẹp điện tử. Tỷ lệ sống (Surv, %) từng gia đình được xác định và các cá thể sống đến thu hoạch ghi nhận là 1 và đã chết là 0 phục vụ cho xử lý số liệu ước tính các thông số di truyền thế hệ G1. Các chỉ tiêu này thu thập đầy đủ cho từng môi trường nuôi.

2.4.5. Phương pháp xử lý số liệu và ước tính các thông số di truyền hậu sữa chọn giống thế hệ G1

Số liệu được quản lý và kiểm tra bằng phần mềm Microsoft Excel 2021. Các phương sai thành phần và thông số di truyền được ước tính bằng phần mềm ASRemL phiên bản 4.2 (Gilmour et al., 2022). Dữ liệu phả hệ cho xử lý số liệu được truy xuất đến quần đàn ban đầu. Ước tính các thông số di truyền bao gồm hệ số di truyền ước tính cho từng tính trạng (khối lượng thân và tỷ lệ sống); tương quan di truyền giữa các tính trạng này cho từng môi trường nuôi; tương tác kiểu gen và môi trường (G×E) thông qua ước tính tương quan di truyền cho cùng tính trạng ở 2 môi trường nuôi khác nhau cho thế hệ G1.

2.4.5.1. Ước tính phương sai và hệ số di truyền

Đối với tính trạng sinh trưởng, đại diện là khối lượng thân (W), sử dụng mô hình tuyến tính cá thể hỗn hợp (animal linear mixed model). Ảnh hưởng cố định thử nghiệm đưa vào mô hình toán gồm khối lượng thân hậu mẹ (g) và hậu bố (g), khối lượng thân lúc đánh dấu (TagW, g), thời gian ương từ khi sinh sản đến đánh dấu/thả nuôi (NurseAge, ngày), thời gian nuôi sinh trưởng G1 từ lúc đánh dấu/thả nuôi đến thời điểm thu hoạch đánh giá sinh trưởng (GrowAge, ngày), tổng thời gian ương nuôi từ khi sinh sản đến thu hoạch nuôi đánh giá sinh trưởng (TotalAge, ngày). Những ảnh hưởng không có ý nghĩa thống kê trong mô hình toán được loại bỏ. Mô hình còn giữ lại các yếu tố ảnh hưởng là TagW và GrowAge cho khối lượng thân là:

$$Y_{ij} = \mu + \beta_1 \times TagW_i + \beta_2 \times GrowAge_i + ID_i + Dam_j + e_{ij} \quad (4)$$

Trong đó, Y_{ij} là khối lượng thân của cá thể i khi thu hoạch, μ là trung bình của quần đàn, β_1 là hệ số hồi quy của hiệp biến khối lượng thân cá thể lúc đánh dấu $TagW_i$; β_2 là hệ số hồi quy của hiệp biến $GrowAge_i$, ID_i là ảnh hưởng ngẫu nhiên di truyền cộng gộp của cá thể i , Dam_j là ảnh hưởng ngẫu nhiên của môi trường ương nuôi riêng rẽ đến đánh dấu (ảnh hưởng con mẹ) và e_{ij} là ảnh hưởng sai số ngẫu nhiên.

Phương sai thành phần ước tính tương ứng với các ảnh hưởng ngẫu nhiên này gồm σ_A^2 là phương sai di truyền cộng gộp, σ_C^2 là phương sai môi trường ương nuôi riêng rẽ đến đánh dấu (ảnh hưởng ngẫu nhiên con mẹ), σ_E^2 là phương sai sai số ngẫu nhiên. Phương sai kiểu hình (σ_P^2) được ước tính theo công thức: $\sigma_P^2 = \sigma_A^2 + \sigma_C^2 + \sigma_E^2$.

Đối với tính trạng khối lượng thân, hệ số di truyền (h^2) được ước tính theo công thức: $h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_A^2 + \sigma_C^2 + \sigma_E^2}$. Ảnh hưởng của môi trường ương nuôi riêng rẽ (c^2) được ước tính theo công thức: $c^2 = \frac{\sigma_C^2}{\sigma_A^2 + \sigma_C^2 + \sigma_E^2}$.

Đối với tính trạng tỷ lệ sống, các ảnh hưởng cố định được thử nghiệm trong mô hình toán như mô hình (4), nhưng chỉ có biến $TagW_i$ là ảnh hưởng có ý nghĩa thống kê nên được giữ lại. Các phương sai thành phần của tỷ lệ sống được ước tính như mô hình (5):

$$Y_{ij} = \mu + \beta_1 TagW_i + ID_i + Dam_j + e_{ij} \quad (5)$$

Trong đó, Y_{ij} là ước tính tuyến tính của tỷ lệ sống cá thể, β_1 là hệ số hồi quy của hiệp biến $TagW_i$, các ảnh hưởng ngẫu nhiên còn lại như mô hình (4). Hệ số di truyền (h^2) và ảnh hưởng của môi trường ương nuôi riêng rẽ (c^2) của tỷ lệ sống được ước tính như cho khối lượng thân, do mô hình Logic hay Probit khi áp dụng gặp khó khăn trong hội tụ (không converged được) và mô hình tuyến tính cá thể hỗn hợp vốn đã được nhiều nghiên cứu trong chọn giống thủy sản áp dụng thành công khi ước tính hệ số di truyền cho tính trạng tỷ lệ sống và kháng bệnh (Gitterle et al., 2006; Ødegård et al., 2007). Mô hình này cho phép phân tích phù hợp nhất với thực tế bộ dữ liệu hiện tại và kết quả ở các nghiên cứu trước đây, đồng thời vẫn đảm bảo độ tin cậy của các thông số di truyền được ước tính.

2.4.5.2. Ước tính tương quan di truyền

Tương quan di truyền (r_g) giữa các tính trạng sinh trưởng (khối lượng thân, chiều cao vỏ, chiều dài vỏ và chiều rộng vỏ) và tỷ lệ sống tại thời điểm thu hoạch trong từng môi trường được ước tính dựa trên các phương sai thành phần từ Mô hình (4) cho các tính trạng sinh trưởng và Mô hình (5) cho tỷ lệ sống, nhưng phân tích 2 biến (Bi-variate). Tương quan di truyền giữa các tính trạng sinh trưởng và tỷ lệ sống được ước tính theo công thức $r_g = \frac{\sigma_{12}}{\sqrt{\sigma_1^2} \times \sqrt{\sigma_2^2}}$, trong đó σ_{12} là hiệp phương sai của ảnh hưởng di truyền cộng gộp của hai tính trạng, σ_1^2 và σ_2^2 lần lượt là phương sai của ảnh hưởng di truyền cộng gộp của từng tính trạng (Falconer & Mackay, 1996).

2.4.5.3. Ước tính tương tác kiểu gen - môi trường

Tương tác kiểu gen - môi trường (G×E) cho các tính trạng sinh trưởng và tỷ lệ sống ở 2 môi trường nuôi được ước tính thông qua tương quan di truyền (r_g) cùng tính trạng giữa 2 môi trường theo mô hình từng cặp 2 biến giống mô hình (4) và mô hình (5), ngoại trừ có khác là bao gồm ảnh hưởng của môi trường nuôi ($n = 2$) cho tất cả các tính trạng và không bao gồm ảnh hưởng ngẫu nhiên của hậu mẹ do mô hình không hội tụ (converged) được cho tỷ lệ sống. Do mỗi cá thể hậu chỉ được nuôi trong một môi trường duy nhất, nên hiệp phương sai của sai số ngẫu nhiên (σ_{12}) giữa 2 môi trường được quy định là 0. Để đánh giá mức độ G×E, một cách tiếp cận phổ biến là ước tính hệ số tương quan di truyền (r_g) giữa cùng một tính trạng ở các môi trường khác nhau. Hệ số tương quan di truyền được tính theo công thức $r_g = \frac{\sigma_{12}}{\sqrt{\sigma_1^2} \times \sqrt{\sigma_2^2}}$, trong

đó, σ_{12} là hiệp phương sai của ảnh hưởng di truyền cộng gộp của cùng tính trạng cho 2 môi trường, σ_1^2 và σ_2^2 lần lượt là phương sai của ảnh hưởng di truyền cộng gộp của cùng tính trạng ở 2 môi trường (Falconer & Mackay, 1996).

2.4.5.4. Ước tính giá trị giống

Để ước tính giá trị giống (EBV) cho sinh trưởng của hậu sữa thế hệ chọn giống G1, tính trạng khối lượng thân (W) được lựa chọn. Sau khi thu thập dữ liệu về các chỉ tiêu này, bước tiếp theo là tính toán EBV cho từng cá thể trong quần đàn. Theo

Cameron (1997), công thức ước tính EBV khối lượng thân sử dụng phương pháp chọn lọc gia đình và chọn lọc cá thể trong gia đình là:

$$\widehat{EBV}_i = (EBV_i - \overline{EBV}_{Pop}) = h^2 \times (P - \bar{P}_{Pop})$$

Trong đó, EBV_i là giá trị giống ước tính từng cá thể; $\bar{P}_{Pop}$ và $\overline{EBV}_{Pop}$ là giá trị trung bình kiểu hình và di truyền cộng gộp của cả quần đàn; P là giá trị kiểu hình của cá thể; h^2 là hệ số di truyền ước tính chung cho khối lượng thân. Tuy nhiên, trong nghiên cứu này, việc chọn lọc mới chỉ được thực hiện thế hệ đầu tiên nên $\overline{EBV}_{Pop} = 0$. Vì vậy, EBV_i từng cá thể được ước tính theo công thức: $\widehat{EBV}_i = h^2 \times (P - \bar{P}_{Pop})$.

2.4.5.5. Ước tính hiệu quả chọn lọc

Hiệu quả chọn lọc (R) ước tính cho khối lượng thân thế hệ G1 dựa trên công thức sau: $R = i \times h^2 \times \sigma_p$. Trong đó: R là hiệu quả chọn lọc ước tính, tức là sự thay đổi mong đợi của tính trạng trong quần đàn sau mỗi thế hệ; i là cường độ chọn lọc, được tra bảng theo tỷ lệ chọn lọc p (%) (Gjedrem, 2005, trang 335); h^2 là hệ số di truyền ước tính khối lượng thân của quần thể G1, phản ánh mức độ di truyền của tính trạng đối với kiểu hình của nó; σ_p là độ lệch chuẩn của giá trị đo đặc tính trạng khối lượng thân, phản ánh sự biến động của tính trạng trong quần đàn.

2.4.6. Phương án chọn lọc và đề xuất chiến lược chọn giống hầu sữa sinh trưởng nhanh thế hệ G1

Căn cứ vào kết quả ước tính các thông số di truyền ở thế hệ G1, đặc biệt là hệ số di truyền và giá trị giống ước tính (EBV) của các tính trạng sinh trưởng và tỷ lệ sống, phương án chọn lọc được xây dựng theo nguyên lý chọn lọc di truyền hiện đại (Gjedrem, 2005), với mục tiêu hình thành quần đàn bố mẹ chọn giống G1 khoảng 1.000 cá thể sinh trưởng nhanh và duy trì đa dạng di truyền ổn định.

Trong phương án này, khối lượng thân (W) là tính trạng chọn lọc chính, phản ánh trực tiếp mục tiêu cải thiện sinh trưởng của chương trình chọn giống. Tỷ lệ sống (Surv) không được tích hợp vào chỉ số chọn lọc, mà được sử dụng như tiêu chí giới hạn bắt buộc (selection constraint) nhằm đảm bảo các cá thể và gia đình được lựa chọn có khả năng sinh trưởng tốt nhưng không làm suy giảm tỷ lệ sống và sức chống chịu của quần đàn. Toàn bộ cá thể G1 được ước tính EBV bằng mô hình hỗn hợp

BLUP, sử dụng đồng thời thông tin phả hệ và dữ liệu kiểu hình thu thập từ hai môi trường nuôi Long Sơn và Long Hòa. EBV được xác định ở hai cấp độ: EBV trung bình của gia đình (EBV family) và EBV cá thể trong gia đình (EBV individual). Việc so sánh EBV giữa hai môi trường nhằm đánh giá mức độ ổn định biểu hiện di truyền và hạn chế ảnh hưởng của tương tác kiểu gen $\times$ môi trường ($G \times E$).

Quá trình chọn lọc được tiến hành theo trình tự hai bước. Trước hết, các gia đình được xếp hạng dựa trên EBV khối lượng thân, trong đó nhóm 65–80% gia đình có EBV khối lượng thân cao nhất được ưu tiên xem xét. Ở bước tiếp theo, trong mỗi gia đình được giữ lại, 10–15% cá thể có EBV khối lượng thân cao nhất và khối lượng thân thực tế lớn hơn trung bình quần đàn được lựa chọn. Đối với tỷ lệ sống, chỉ các gia đình và cá thể có EBV tỷ lệ sống dương mới được đưa vào quần đàn chọn lọc, đóng vai trò như một ngưỡng sàng lọc nhằm loại bỏ các tổ hợp di truyền có nguy cơ ảnh hưởng bất lợi đến khả năng sống. Trên cơ sở các tiêu chí này, quần đàn bố mẹ G1 dự kiến được hình thành từ khoảng 50–65 gia đình có EBV khối lượng thân cao và EBV tỷ lệ sống không âm. Trong mỗi gia đình, lựa chọn 10–30 cá thể, tất cả đều được đánh mã số cá thể và lưu trữ đầy đủ thông tin phả hệ. Số lượng cá thể được phân bổ giữa các gia đình được kiểm soát chặt chẽ, sao cho đóng góp di truyền của mỗi gia đình không vượt quá 5–8% quy mô quần đàn, nhằm hạn chế nguy cơ cận huyết và đảm bảo sự tham gia cân đối của các dòng vật liệu ban đầu.

Phương án chọn lọc này cho phép tối ưu hóa đáp ứng di truyền đối với tính trạng sinh trưởng, đồng thời duy trì tỷ lệ sống ở mức chấp nhận được thông qua cơ chế giới hạn, qua đó bảo tồn biến dị di truyền cần thiết cho các thế hệ tiếp theo. Cách tiếp cận này phù hợp với giai đoạn đầu của chương trình chọn giống hầu sữa trong điều kiện nhiệt đới và tạo nền tảng vững chắc cho việc tiếp tục cải thiện di truyền ở các thế hệ sau trong dài hạn.

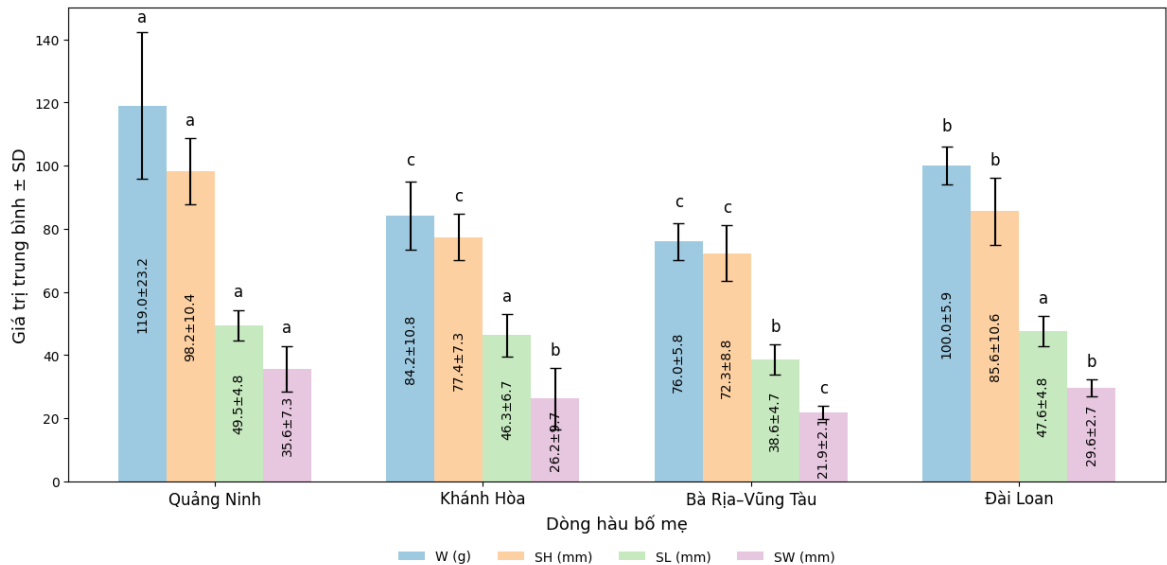
CHƯƠNG 3

KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đa dạng di truyền các dòng hầu sữa vật liệu ban đầu

3.1.1. Kích thước, khối lượng thân và tỷ lệ giới tính hầu sữa bố mẹ vật liệu ban đầu

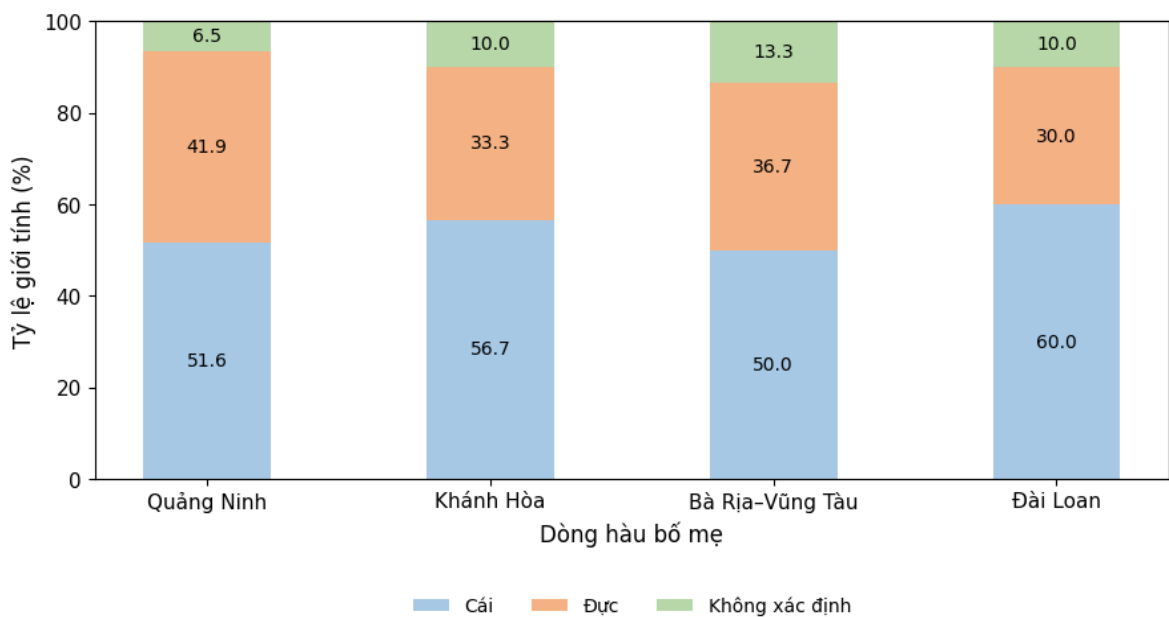
Bốn dòng hầu bố mẹ vật liệu ban đầu (VLBD) cho thấy sự khác biệt đáng kể về đặc điểm hình thái, đặc biệt là khối lượng thân và kích thước vỏ. Số lượng 350 con/dòng và tất cả 4 dòng vật liệu thu thập được đều được tầm soát sạch bệnh OsHV-1 (Phụ lục 9). Dòng Quảng Ninh có khối lượng thân trung bình lớn nhất, đạt $119,02 \pm 23,20$ g, kế đến là dòng Đài Loan với $100,00 \pm 5,89$ g. Cả hai dòng này có khối lượng thân cao hơn có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$) so với hai dòng Khánh Hòa ($84,18 \pm 10,75$ g) và Bà Rịa - Vũng Tàu ($75,99 \pm 5,78$ g).



Hình 3.1. Trung bình khối lượng thân và kích thước của hầu sữa bố mẹ vật liệu ban đầu. Giá trị trình bày là trung bình $\pm$ độ lệch chuẩn; giá trị trong các cột cùng màu có chữ cái khác nhau thì khác biệt có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$); Q: Quảng Ninh; K: Khánh Hòa; V: Bà Rịa - Vũng Tàu; T: Đài Loan; SL: Số lượng; W: Khối lượng thân; SH: Chiều cao; SL: Chiều dài; SW: Chiều rộng vỏ.

Các chỉ tiêu kích thước vỏ (chiều cao, chiều dài và chiều rộng) cũng khác biệt rõ rệt giữa các dòng. Cụ thể, kích thước lớn nhất ghi nhận ở dòng Quảng Ninh, tiếp

theo là Đài Loan, Khánh Hòa và thấp nhất ở dòng Bà Rịa – Vũng Tàu (Hình 3.1). Sự khác biệt về kích thước giữa các dòng còn có thể bị ảnh hưởng bởi độ tuổi sinh học như dòng Quảng Ninh có độ tuổi 8 tháng, dòng Đài Loan là 6 tháng, trong khi dòng Khánh Hòa và Bà Rịa – Vũng Tàu chỉ 5 tháng tuổi, tương ứng với khối lượng thân và kích thước nhỏ hơn. Những khác biệt đáng kể về khối lượng thân và kích thước vỏ giữa các dòng VLBD phản ánh sự đa dạng kiểu hình vốn có liên quan đến nguồn gốc địa lý, điều kiện sinh thái nơi thu mẫu và độ tuổi sinh học, đồng thời cho thấy tiềm năng di truyền ban đầu phong phú để xây dựng quần đàn chọn giống.



Hình 3.2. Tỷ lệ giới tính của các dòng hào sữa bố mẹ vật liệu ban đầu

Tỷ lệ giới tính của hào bố mẹ tại các điểm thu mẫu thể hiện sự dao động đáng kể giữa các dòng (Hình 3.2). Trong tất cả các dòng khảo sát, tỷ lệ cá thể cái dao động từ 50% đến 60%, luôn cao hơn so với tỷ lệ cá thể đực (30,00 - 41,94%). Cụ thể, dòng Đài Loan ghi nhận tỷ lệ cái cao nhất (60%) và tỷ lệ đực thấp nhất (30%), trong khi dòng Quảng Ninh có tỷ lệ đực cao nhất (41,94%) và dòng Bà Rịa – Vũng Tàu có tỷ lệ cái thấp nhất (50%). Tỷ lệ nhỏ ở cả bốn dòng không xác định được giới tính dao động từ 6,45% (dòng Khánh Hòa) đến 13,33% (dòng Bà Rịa – Vũng Tàu). Sự lệch giới tính này nhìn chung không bất thường ở các loài thuộc chi *Crassostrea*, vốn có cơ chế xác định giới tính linh hoạt và chịu tác động bởi điều kiện môi trường, đặc biệt là nhiệt độ và nguồn dinh dưỡng, yếu tố được ghi nhận có thể làm tăng tỷ lệ cá thể

cái trong giai đoạn thành thực (Guo et al., 1998; Vaschenko et al., 2013). Mặc dù vẫn có một tỷ lệ nhỏ cá thể chưa xác định giới tính (6,45–13,33%), mức này được xem là bình thường do sự khác biệt về mức độ phát triển tuyến sinh dục tại thời điểm kiểm tra và không làm thay đổi xu hướng chung của phân bố giới tính.

Các kết quả này tương đồng với dữ liệu được ghi nhận trong nghiên cứu về sinh học sinh sản của hàu sữa tại ở khu vực cận nhiệt đới. Tại đảo Bành Hồ, Đài Loan, môi trường tự nhiên của hàu sữa, trong thời gian tháng 4 và 5 năm 2006, tỷ lệ cá thể cái phổ biến cao hơn 50%, với tỷ lệ cá thể đực, cái và không xác định lần lượt là 37,21%, 52,09% và 10,7% (Vaschenko et al., 2013). Sự nhất quán này phản ánh xu hướng phổ biến về sự phân bố giới tính, sự ổn định về đặc điểm sinh học sinh sản của loài hàu sữa được nghiên cứu giữa hai khu vực cận nhiệt đới châu Á trước đây là nhiệt đới Nam Bộ trong nghiên cứu này.

3.1.2. Đa dạng di truyền hàu sữa vật liệu ban đầu bằng chỉ thị microsatellite

3.1.2.1. Đa dạng di truyền qua dữ liệu microsatellite

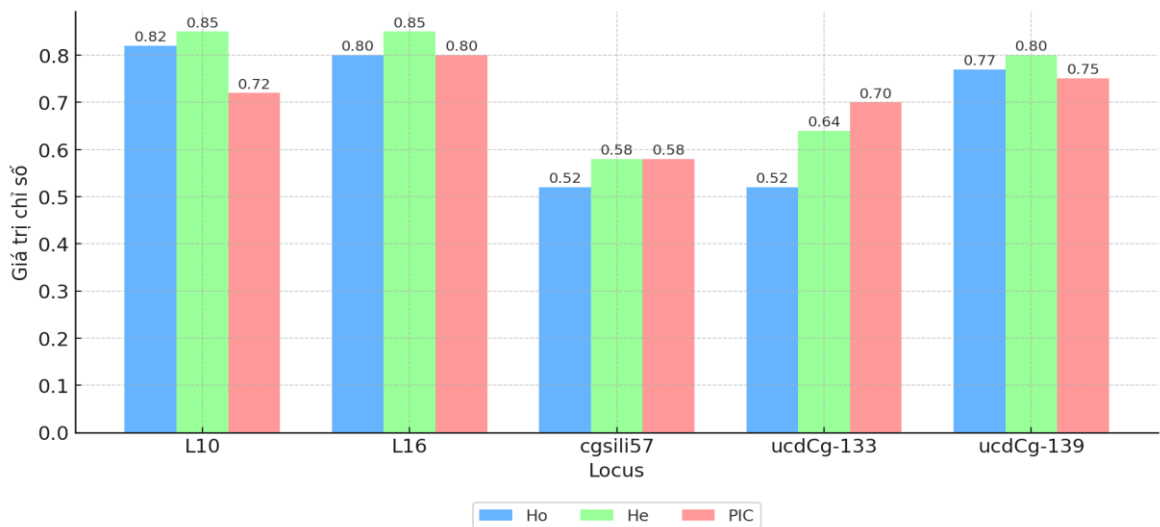
Mức độ đa dạng di truyền đạt cao ở cả năm locus microsatellite được khảo sát (**Bảng 3.1**). Số lượng alen trên mỗi locus (N_a) dao động từ 5 đến 17, với giá trị trung bình là $13,20 \pm 4,82$, phản ánh mức độ đa hình cao trong các locus. Tần suất alen ảo (F_{null}) trung bình ở mức thấp ($-0,051 \pm 0,050$), cho thấy sai số ghi nhận kiểu gen do hiện tượng alen ảo là không đáng kể và không ảnh hưởng đến độ chính xác của phân tích. Đồng thời, không phát hiện bằng chứng rõ ràng về hiện tượng mất alen lớn (large allele dropout) hay lỗi do xuất hiện các đỉnh phụ trong quá trình phân tích.

Bảng 3.1. Chỉ số đa dạng di truyền của các locus được khảo sát

Chỉ thị	N	N_a	F_{is}	F_{st}	F_{Null}	HWE
<i>L10</i>	80	16	0,032	0,054	-0,024	-
<i>L16</i>	77	17	0,153	0,061	-0,016	-
<i>cgsili57</i>	80	5	0,078	0,073	-0,031	-
<i>ucdCg-133</i>	74	15	0,204	0,042	-0,143	***
<i>ucdCg-139</i>	80	13	0,058	0,037	-0,042	-
Trung bình		$13,20 \pm 4,82$	$0,105 \pm 0,070$	$0,053 \pm 0,010$	$-0,051 \pm 0,050$	

N: số mẫu được xác định kiểu gen; *N_a*: số alen trên mỗi locus; *F_{is}*: hệ số cận huyết; *F_{st}*: mức độ phân hóa di truyền; *F_{null}*: tần suất alen ảo; *HWE*: mất cân bằng Hardy-Weinberg; ***: khác biệt ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$)

Chỉ số cận huyết F_{is} trung bình đạt $0,105 \pm 0,070$, phản ánh dấu hiệu ban đầu giao phối cận huyết, nhưng cũng cho thấy mức độ giao phối ngẫu nhiên tương đối tốt giữa các cá thể. Tuy nhiên, dấu hiệu ban đầu của ảnh hưởng cận huyết, có thể ảnh hưởng đến tính ổn định di truyền và sức khỏe của các dòng hàu nếu không có chiến lược kiểm soát phù hợp. Vì vậy, cần có chiến lược giao phối hợp lý để duy trì mức F_{is} dưới 0,10 để đảm bảo sự đa dạng và hạn chế nguy cơ suy thoái di truyền trong quần đàn chọn giống (Fernández et al., 2005; Gjedrem, 2012).



Hình 3.3. So sánh các giá trị H_o , H_e và PIC giữa các locus microsatellite. H_o và H_e là tần suất dị hợp tử quan sát và lý thuyết; PIC là chỉ số thông tin đa hình

Tần suất dị hợp tử quan sát (H_o) dao động từ 0,520 đến 0,823, trung bình $0,688 \pm 0,160$, trong khi dị hợp tử lý thuyết (H_e) nằm trong khoảng 0,576 đến 0,849, trung bình $0,743 \pm 0,130$. Chỉ số đa hình thông tin (PIC) tại tất cả các locus đều vượt ngưỡng 0,5, với giá trị trung bình $0,712 \pm 0,080$, cho thấy các chỉ thị có khả năng phân biệt kiểu gen tốt và phù hợp để đánh giá đa dạng di truyền trong các dòng hàu. Theo phân loại của Botstein et al. (1980), các locus có $PIC > 0,5$ được xem là có mức độ đa hình cao, thích hợp cho các nghiên cứu di truyền quần thể và chọn giống. Sự khác biệt đa dạng di truyền giữa các chỉ thị được thể hiện qua Hình 3.3, so sánh các giá trị H_o , H_e và PIC giữa các locus đã được xây dựng. Các chỉ thị L10, L16 và ucdCg-139 có mức độ dị hợp tử và đa hình cao hơn các chỉ thị còn lại, giá trị ứng dụng tốt hơn trong các nghiên cứu tiếp theo về phân tích di truyền quần thể và ứng dụng trong chọn giống.

3.1.2.2. Đa dạng di truyền các dòng hầu sữa dựa trên microsatellite

Phân tích dữ liệu từ năm chỉ thị microsatellite trên 80 mẫu từ bốn dòng hầu (Bảng 3.2) cho thấy tất cả đều có tính đa hình cao ($PIC = 0,593$ đến $0,939$; trung bình đạt $0,855$), phù hợp cho đánh giá đa dạng di truyền và phân hóa dòng. Tuy nhiên, locus ucdCg-133 nổi bật với một số bất thường cần được lưu ý. Chỉ thị này có F_{is} cao nhất ($0,204$) và mất cân bằng Hardy-Weinberg (HWE) có ý nghĩa thống kê ($P < 0,001$) (

Bảng 3.1), cho thấy khả năng tồn tại giao phối gần, áp lực chọn lọc hoặc hiện tượng thắt cổ chai di truyền trong quá trình chọn lọc giống. Đồng thời, tần suất alen ảo (null allele frequency) tại locus này đạt $0,269$, vượt ngưỡng cảnh báo phổ biến ($0,2$), có thể gây sai lệch trong ước tính dị hợp tử và các phân tích di truyền nếu không được hiệu chỉnh.

Bảng 3.2. Thông số đa dạng di truyền theo từng locus ở bốn dòng hầu sữa

Chỉ thị	k	N	H_o	H_e	PIC	F_{null}
L10	30	80	0,863	0,948	0,939	0,042
L16	24	77	0,727	0,944	0,935	0,125
ucdCg133	25	74	0,527	0,919	0,907	0,269
ucdCg139	17	80	0,788	0,913	0,900	0,069
cgsili57	6	80	0,500	0,631	0,593	0,096
Trung bình	20,40	78,20	0,681	0,871	0,855	0,120
Std.	9,30	2,68	0,160	0,135	0,147	0,089

k: số lượng alen; Std: độ lệch chuẩn

Mặc dù vậy, không phát hiện hiện tượng mất alen lớn hay lỗi do chồng lấp tín hiệu và các locus khác có F_{null} trong mức chấp nhận được ($0,042 - 0,125$). Kết quả kiểm tra tổng thể cũng phản ánh mức độ ảnh hưởng của alen ảo là không đáng kể và không phải là nguyên nhân chính gây mất cân bằng HWE (

Bảng 3.1). Do đó, ucdCg-133 cần được kiểm định thêm bằng các công cụ như Micro-Checker (Van Oosterhout et al., 2004) hoặc sử dụng thận trọng trong phân tích chọn giống. Nếu xác định được mối liên hệ với các tính trạng mục tiêu, locus này có thể hữu ích, nhưng đồng thời cũng cần giám sát để tránh làm sai lệch cấu trúc di truyền của quần đàn chọn giống. Vì vậy, với thực tế năm locus microsatellite được

sử dụng trong nghiên cứu này, các nhận định về cận huyết và cấu trúc di truyền có thể được là số liệu tham khảo định hướng, nên được kiểm chứng bằng các bộ chỉ thị với số lượng nhiều chỉ thị hơn hoặc chỉ thị mật độ cao hơn (SNP) trong các nghiên cứu tiếp theo.

Các thông số đa dạng di truyền ở cấp độ dòng (Bảng 3.3) cho thấy số alen trung bình (N_a) và hiệu quả (N_e) là lần lượt từ 7,80 đến 16,00 và 4,71 tới 11,20 và độ phong phú alen (A_r) lần lượt từ 7,54 tới 14,90. Dòng Bà Rịa – Vũng Tàu nổi bật với mức đa dạng alen cao nhất ($N_a = 16,00 \pm 3,31$; $N_e = 11,20 \pm 2,48$; $A_r = 14,90 \pm 6,73$). Số alen đặc hữu (P_a) nhiều nhất (17 alen) cho thấy dòng Bà Rịa – Vũng Tàu sở hữu nhiều biến thể di truyền chỉ xuất hiện riêng ở dòng này được nuôi trong điều kiện nhiệt đới gió mùa Nam Bộ, không hoặc rất hiếm gặp ở các dòng còn lại trong điều kiện cận nhiệt đới. Điều này phản ánh mức độ khác biệt di truyền cao và lịch sử hình thành quần thể tương đối độc lập, có thể liên quan đến điều kiện sinh thái đặc thù và quá trình thích nghi tại địa phương. Tuy nhiên, dòng này lại ghi nhận tỷ lệ dị hợp tử quan sát ($H_o = 0,63$) thấp hơn đáng kể so với dị hợp tử lý thuyết ($H_e = 0,89$) ($P < 0,05$; kiểm định Kruskal–Wallis), kèm hệ số cận huyết ($F_{is} = 0,3$) vượt ngưỡng cảnh báo ($F_{is} > 0,2$) và nhiều locus lệch HWE ($P < 0,05$).

Tình trạng này phản ánh sự thiếu hụt dị hợp tử đáng kể ở dòng Bà Rịa – Vũng Tàu, có thể liên quan đến giao phối gần, thắt cổ chai di truyền trong quá trình sản xuất giống nhân tạo hoặc tác động của các yếu tố ngẫu nhiên như biến động di truyền trong quần đàn nhỏ (Varney & Wilbur, 2020). Hiện tượng tương tự đã được ghi nhận ở nhiều loài nhuyễn thể biển khi sử dụng chỉ thị microsatellite (De Meeûs, 2018). Tuy nhiên, tần suất alen ảo cao ở một số locus, đặc biệt là ucdCg-133, cũng có thể góp phần gây ra sự thiếu hụt dị hợp tử (Yu et al., 2015). Do đó, dòng Bà Rịa – Vũng Tàu có khả năng cận huyết cao hơn, tuy nhiên cũng cần được khảo sát thêm với số lượng chỉ thị microsatellite nhiều hơn hoặc bằng dữ liệu đa dạng nucleotide cao hơn (ví dụ SNP) để có đánh giá chính xác và khách quan hơn trong tương lai.

Ba dòng còn lại (Quảng Ninh, Khánh Hòa và Đài Loan) không ghi nhận sự khác biệt có ý nghĩa thống kê ($P > 0,05$) giữa H_o và H_e , ngoại trừ dòng Quảng Ninh có hệ

số cận huyết tương đối cao ($F_{is} = 0,208 > 0,2$) và ba locus lệch HWE. Tuy nhiên, mức độ thiếu hụt dị hợp tử ở dòng Quảng Ninh thấp hơn so với dòng Bà Rịa – Vũng Tàu. Sự khác biệt này có thể liên quan đến lịch sử nguồn giống và quy mô quần đàn ban đầu. Dòng Bà Rịa – Vũng Tàu là dòng có lịch sử phát triển muộn hơn, diện tích nuôi nhỏ (~155 ha) so với Quảng Ninh, nhưng số lượng trại giống tăng nhanh trong 10 năm gần đây, nhiều khả năng chịu áp lực chọn lọc và sử dụng nguồn bố mẹ hạn chế dẫn đến thu hẹp đa dạng di truyền. Trong khi đó, dòng Quảng Ninh là nguồn giống được nhập từ Đài Loan từ năm 2007 với thời gian phát triển dài hơn, vùng nuôi rộng hơn và người nuôi sử dụng con giống đa dạng hơn từ các địa phương cũng như con giống có nguồn gốc Trung Quốc, ít chịu áp lực chọn lọc hơn so với Bà Rịa - Vũng Tàu, điều này phù hợp với kết quả phân tích cấu trúc di truyền (Hình 3.4) cho thấy dòng Quảng Ninh có dấu hiệu pha trộn giữa các cụm di truyền của Khánh Hòa, Bà Rịa – Vũng Tàu và Đài Loan. Nhìn chung, cả bốn dòng hầu thể hiện mức đa dạng di truyền tương đối cao, song dòng Bà Rịa – Vũng Tàu có mức độ thiếu hụt dị hợp tử cao hơn và cần được quản lý nguồn bố mẹ cẩn trọng hơn trong các thế hệ tiếp theo.

Bảng 3.3. Các thông số đa dạng di truyền trong bốn dòng hầu sữa được nghiên cứu dựa trên 5 microsatellite

Dòng	N	N_a	N_e	A_r	P_a	H_o	H_e	F_{is}	dHWE
Q	20	11,00 ± 1,92	6,64 ± 1,15	10,50 ± 3,91	3	0,67 ± 0,12	0,84 ± 0,05	0,208	3
K	20	8,60 ± 1,60	6,12 ± 1,23	8,35 ± 3,40	5	0,75 ± 0,08	0,80 ± 0,08	0,041	1
V	20	16,00 ± 3,31	11,20 ± 2,48	14,90 ± 6,73	17	0,63 ± 0,06 ^a	0,89 ± 0,06 ^b	0,300	3
T	20	7,80 ± 1,02	4,71 ± 0,69	7,54 ± 2,18	3	0,67 ± 0,10	0,78 ± 0,06	0,148	1
Tổng	80	10,90 ± 1,23	7,16 ± 0,90	10,30 ± 3,29	-	0,68 ± 0,04	0,80 ± 0,03	0,179	-

N_e: số lượng alen hiệu quả (± SD); A_r: độ phong phú alen (± SD); P_a: số lượng alen riêng (± SD); dHWE: số locus lệch Hardy-Weinberg; các ký tự chữ cái khác nhau trên cùng một hàng giữa hai cột H_o và H_e thể hiện sự khác biệt có ý nghĩa thống kê (Kruskal-Wallis, $P < 0,05$) và ngược lại.

Các nghiên cứu trước đây đã chứng minh nuôi trồng thủy sản thương phẩm dẫn đến giảm đa dạng di truyền trong các quần đàn nuôi, gây ảnh hưởng tiêu cực tới tính trạng và sức sống của vật nuôi (Gjedrem, 2005; Allendorf et al., 2013). Trong nghiên cứu này, năm chỉ thị microsatellite thể hiện mức độ đa hình cao trên tất cả các dòng (Bảng 3.3), trung bình khoảng $N_a = 10,90$ alen/locus, phù hợp với các nghiên cứu về các dòng hầu sữa ở miền Bắc Việt Nam (trung bình $N_a = 10,78 - 11,52$ alen/locus tùy

theo dòng) (Van In et al., 2017). Dị hợp tử quan sát và lý thuyết giữa các dòng Việt Nam và dòng tự nhiên Đài Loan không có sự khác biệt đáng kể ($P > 0,05$), ngoại trừ dòng Bà Rịa – Vũng Tàu ($P < 0,05$).

Ngược lại, dòng Bà Rịa – Vũng Tàu thể hiện sự thiếu hụt dị hợp tử đáng kể, với dị hợp tử quan sát thấp hơn so với lý thuyết ($P < 0,05$), hệ số cận huyết cao ($F_{is} > 0,2$) và nhiều locus lệch HWE. Hiện tượng này thường gặp trong các nghiên cứu di truyền quần thể nhuyễn thể biển khi sử dụng microsatellite (De Meeûs, 2018). Nguyên nhân có thể do sự xuất hiện của alen ảo (Yu et al., 2015) trong các dòng vật liệu ban đầu và hiện tượng thất cổ chai di truyền do sự hạn chế số lượng bố mẹ và áp lực chọn lọc bố mẹ trong sản xuất giống nhân tạo (Hillen et al., 2017) hoặc biến động di truyền trong dòng nuôi khép kín (Varney & Wilbur, 2020). Ngoài ra, các yếu tố trong quá trình thuần hóa, như ảnh hưởng giảm dị hợp tử (heterozygosity deficit - ảnh hưởng Wahlund) và giao phối không ngẫu nhiên, cũng có thể dẫn tới sự thiếu hụt dị hợp tử (Chen et al., 2017). Do có sự hạn chế với số lượng năm locus microsatellite, các kết luận về cận huyết và cấu trúc di truyền các quần đàn hào sứa trong nghiên cứu này là đánh giá bước đầu, song vẫn đủ để nhấn mạnh sự cần thiết kiểm soát nguồn bố mẹ và quy mô quần đàn qua các thế hệ để hạn chế hiện tượng thất cổ chai di truyền và giao phối gần, đảm bảo tính bền vững của chương trình chọn giống hào sứa trong dài hạn.

3.1.2.3. Biến động di truyền và cấu trúc quần thể giữa 4 dòng hào sứa

Kết quả phân tích phương sai phân tử AMOVA (Bảng 3.4) cho thấy phần lớn phương sai di truyền (76,89%) tập trung trong nội bộ các cá thể, trong khi phương sai giữa các cá thể trong cùng dòng chiếm 16,87% và chỉ 6,24% phương sai nằm giữa các dòng. Mặc dù tỷ lệ khác biệt di truyền giữa các dòng tương đối thấp, nhưng chỉ số $F_{st} = 0,062$ đạt ý nghĩa thống kê cao ($P < 0,001$), phản ánh mức độ phân hóa di truyền đáng kể giữa bốn dòng hào sứa được khảo sát. Theo phân loại của Wright (1978), giá trị F_{st} từ 0,05 đến 0,15 biểu thị mức độ phân hóa vừa phải, do đó kết quả này cho thấy các dòng hào có sự tách biệt di truyền rõ ràng nhưng vẫn tồn tại một mức độ dòng chảy gen nhất định. Xu hướng này tương tự các nghiên cứu trước đây

trên hầu TBD và hầu sữa, trong đó giá trị F_{st} dao động 0,04–0,08 phản ánh sự phân hóa theo vùng địa lý nhưng vẫn bị ảnh hưởng bởi quá trình di nhập và sản xuất giống nhân tạo mà không có sinh sản tự nhiên (Hedgewick & Sly, 1990; Van In et al., 2017).

Bảng 3.4. Phân tích phương sai phân tử (AMOVA) giữa 04 dòng hầu sữa khảo sát dựa trên 05 locus microsatellite

Nguồn biến thiên	DF	SS	Var	%Var	F_{ST}	P-value
Giữa các dòng	3	23,49	0,138	6,24		
Giữa cá thể trong cùng dòng	76	180,86	0,373	16,87	0,062	<0,001
Trong cá thể	80	133,50	1,702	76,89		
Tổng	159	337,85	2,214	100		

DF: độ tự do; SS: tổng bình phương; Var: thành phần phương sai; % Var: tỷ lệ thành phần phương sai; F_{ST} : chỉ số cố định.

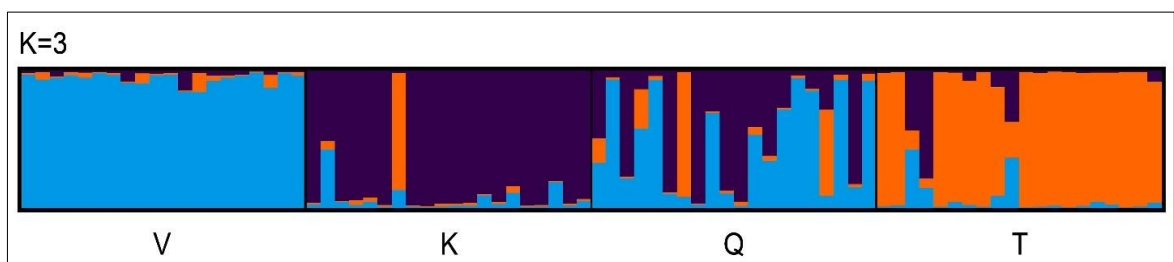
Phân tích F_{st} từng cặp dòng vật liệu ban đầu (Bảng 3.5) cũng khẳng định thêm sự phân hóa di truyền đáng kể giữa các dòng hầu sữa được khảo sát, với tất cả các giá trị F_{st} giữa các cặp đều đạt ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$). Mức phân hóa di truyền cao hơn giữa các cặp có liên quan đến dòng Đài Loan so với giữa các cặp dòng Việt Nam ($F_{st} = 0,068 - 0,093$), cao nhất là cặp dòng Đài Loan và Khánh Hòa, thấp nhất ($F_{st} = 0,043$) là cặp dòng Quảng Ninh và Bà Rịa - Vũng Tàu. Kết quả này cho thấy dòng Đài Loan vẫn duy trì được tính đặc trưng di truyền rõ nét, phản ánh quần thể tự nhiên có mức độ chọn lọc nhân tạo thấp và quy mô quần thể hiệu quả (N_e) lớn hơn. Điều này cũng phù hợp với các báo cáo trước đây, trong đó các quần thể tự nhiên thường có mức độ đa dạng di truyền và dị hợp tử cao hơn so với các dòng nuôi nhân tạo (Allendorf et al., 2013). Các kết quả này phản ánh rằng dù có mức phân hóa vừa phải, các dòng hầu vẫn duy trì sự khác biệt di truyền rõ rệt, đặc biệt giữa các dòng Việt Nam và Đài Loan. Điều này củng cố cơ sở khoa học cho việc lựa chọn đại diện từ các vùng địa lý khác nhau để thiết lập quần đàn ban đầu đa dạng di truyền cao phục vụ chương trình chọn giống.

Bảng 3.5. Phân tích F_{ST} các cặp dòng hầu sữa dựa trên 05 microsatellite

Dòng hầu	Quảng Ninh	Khánh Hòa	Bà Rịa-Vũng Tàu
Quảng Ninh	-	-	-
Khánh Hòa	0,053*	-	-
Bà Rịa-Vũng Tàu	0,043*	0,063*	-
Đài Loan	0,068*	0,093*	0,073*

* Mức ý nghĩa thống kê $P < 0,05$

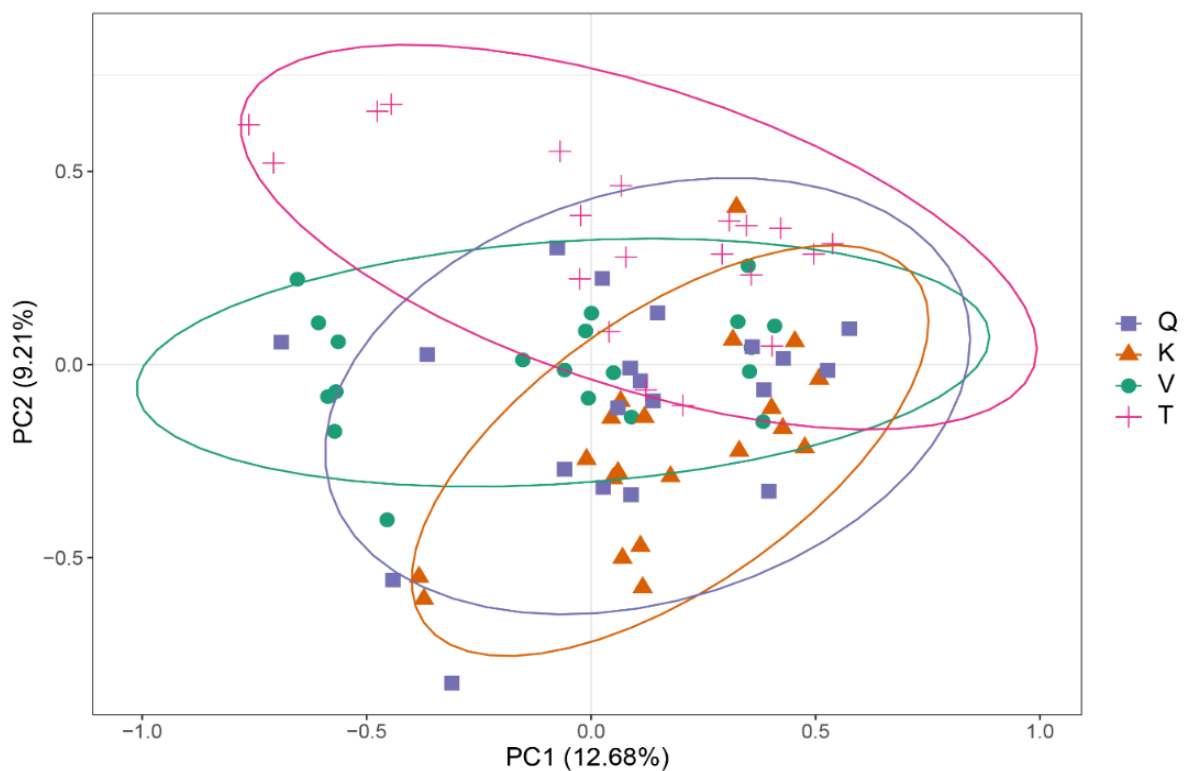
Cấu trúc quần thể được phân tích bằng phần mềm STRUCTURE (Hình 3.4) đã phân loại 80 mẫu hầu sữa từ bốn dòng thành ba cụm di truyền rõ rệt, phản ánh sự khác biệt về mặt địa lý và lịch sử giống. Hai dòng nuôi tại Việt Nam là Khánh Hòa và Bà Rịa – Vũng Tàu, cùng với dòng tự nhiên Đài Loan có sự phân tách di truyền rõ ràng và ổn định. Ngược lại, dòng Quảng Ninh biểu hiện mức độ pha trộn di truyền cao, với các cá thể mang thành phần di truyền từ cả ba cụm còn lại. Kết quả này củng cố nhận định rằng Quảng Ninh là khu vực từng nhập nhiều dòng giống từ Trung Quốc và Đài Loan phục vụ sản xuất (Le et al., 2023), dẫn đến hiện tượng lai tạp và ranh giới di truyền ban đầu giữa các dòng không còn rõ rệt. Mức độ pha trộn di truyền cao của dòng Quảng Ninh có thể làm giảm sự khác biệt di truyền giữa các vùng, đồng thời làm tăng nguy cơ suy giảm đa dạng di truyền do giao phối không kiểm soát và tái sử dụng nguồn bố mẹ có quan hệ gần.



Hình 3.4. Phân tích phân cụm sử dụng phần mềm STRUCTURE bằng 5 microsatellite. Mỗi cột dọc với màu sắc khác nhau biểu thị một cụm di truyền riêng biệt. Thành phần di truyền của từng cá thể từ bốn dòng được phân bổ vào ba cụm ($K=3$)

Phân tích tọa độ chính (PCoA) (Hình 3.5) trên cơ sở ma trận khoảng cách di truyền giữa các cá thể hầu sữa đã làm rõ hơn sự phân hóa và mức độ giao thoa di truyền giữa bốn dòng khảo sát. Trục tọa độ chính thứ nhất (PC1), chiếm 12,68% và

trục thứ hai (PC2), chiếm 9,21%, giải thích một tỷ lệ tương đối nhỏ của tổng phương sai. Điều này dẫn đến mức độ tách biệt giữa các dòng trên mặt phẳng hai chiều chưa thật sự rõ nét, với sự chồng lấn đáng kể giữa các nhóm cá thể. Sự trùng lặp này là phổ biến trong các phân tích PCoA đối với loài nhuyễn thể có mức độ dòng chảy gen cao và lịch sử di nhập giống phức tạp, cho thấy biến dị di truyền trong loài phân bố rộng và chịu ảnh hưởng mạnh của lai tạp giữa nguồn giống (Hedgecock & Sly, 1990). Mặc dù vậy, kết quả này đã phần nào thể hiện sự phân bố không đồng nhất giữa các cá thể theo nguồn gốc địa lý.



Hình 3.5. Tọa độ chính (PCoA) từ bốn dòng hầu sữa. Q: Quảng Ninh; K: Khánh Hòa; V: Bà Rịa – Vũng Tàu; T: Đài Loan

Cụ thể, các cá thể thuộc dòng Đài Loan tạo thành một nhóm riêng biệt về phía trên bên trái biểu đồ, cho thấy sự khác biệt di truyền rõ nét so với các dòng còn lại. Tương tự, các cá thể từ dòng Khánh Hòa và Bà Rịa – Vũng Tàu cũng có xu hướng tập trung thành hai nhóm riêng biệt, dù vẫn có một số mức độ chồng lấn nhất định giữa chúng. Ngược lại, các cá thể từ dòng Quảng Ninh có sự phân tán rộng khắp toàn bộ không gian biểu đồ, phân bố xen kẽ với các cá thể của ba dòng còn lại, phản ánh

rõ ràng sự pha trộn di truyền trong dòng này. Mặc dù không thể kết luận chắc chắn về sự ổn định di truyền chỉ từ biểu hiện phân tán này, nhưng kết quả phản ánh đặc điểm cấu trúc di truyền phức tạp và ít tính đặc trưng riêng biệt của dòng Quảng Ninh so với các dòng còn lại.

Kết quả phân tích STRUCTURE, F_{st} và PCoA cho thấy sự phân hóa di truyền rõ rệt giữa các dòng hầu sữa tại Việt Nam và Đài Loan, đồng thời phản ánh sự pha trộn di truyền đáng kể ở dòng Quảng Ninh. Xu hướng này phù hợp với kết quả của In et al. (2017), khi cả hai nghiên cứu đều ghi nhận sự lai tạp và du nhập phức tạp từ nhiều nguồn, đặc biệt từ Trung Quốc và Đài Loan, dẫn đến suy giảm tính đặc trưng di truyền của dòng Quảng Ninh. Tuy nhiên, việc bổ sung dữ liệu từ các dòng hầu tại miền Trung và miền Nam trong nghiên cứu hiện tại đã cung cấp cơ sở khoa học rõ ràng hơn về sự phân bố và phân hóa di truyền theo địa lý. Nhìn chung, các dòng hầu sữa ở Việt Nam có nguồn gốc từ các dòng nhập nội, nhưng quá trình sản xuất giống nhân tạo, thích nghi với điều kiện địa phương và chiến lược quản lý giống khác biệt giữa các vùng đã góp phần tạo ra cấu trúc di truyền đặc thù cho từng dòng khác biệt với dòng hầu có nguồn gốc tự nhiên nhập nội từ Đài Loan trong nghiên cứu này. Những kết quả này nhấn mạnh tầm quan trọng của việc giám sát và quản lý di truyền chặt chẽ trong các chương trình chọn giống, nhằm duy trì mức độ đa dạng di truyền cao và đảm bảo tính ổn định di truyền trong dài hạn.

Tóm lại, sự đa dạng di truyền dựa trên năm chỉ thị microsatellite đã cung cấp những thông tin ban đầu có giá trị về mức độ phân hóa và cấu trúc di truyền giữa bốn dòng hầu sữa đại diện cho các vùng sinh thái khác nhau. Tuy nhiên, số lượng chỉ thị được sử dụng trong nghiên cứu này vẫn còn thấp so với ở các nghiên cứu di truyền học quần thể. Việc chỉ sử dụng năm chỉ thị có thể chưa đủ để phản ánh chính xác toàn bộ biến dị di truyền hiện có và có thể bị ảnh hưởng bởi hiện tượng biến động di truyền hoặc các sai số ngẫu nhiên khi phân tích mối quan hệ giữa các cá thể và giữa các dòng (Guichoux et al., 2011; Hale et al., 2012). Các nghiên cứu gần đây khuyến cáo sử dụng ít nhất 8 - 10 chỉ thị microsatellite để đạt được độ tin cậy phân tích cấu trúc di truyền và tốt nhất nên mở rộng đến 15 - 20 chỉ thị tùy thuộc vào mục tiêu và thiết kế nghiên cứu (Peakall & Smouse, 2012). Việc sử dụng số lượng loci nhiều hơn sẽ giúp tăng độ phân giải trong việc xác định kiểu gen, phân biệt các nhóm di truyền nhỏ

trong các dòng hầu đánh giá và phát hiện chính xác hơn mức độ dị hợp tử, hệ số cận huyết và các thông số di truyền khác.

Dù vậy, dữ liệu phân tích đa dạng di truyền với năm chỉ thị microsatellite vẫn đóng vai trò rất quan trọng, không chỉ giúp hiểu biết rõ hơn hiện trạng đa dạng di truyền của các dòng hầu khảo sát, mà còn là cơ sở khoa học cho lựa chọn vật liệu ban đầu phục vụ chương trình chọn giống. Việc tích hợp dữ liệu đa dạng di truyền của 4 dòng vật liệu ban đầu với kết quả đánh giá dòng thông qua các phép lai hỗn hợp ($4 \times 4 = 16$ phép lai) cho phép đánh giá sự biểu hiện của các tính trạng kinh tế quan trọng như sinh trưởng và tỷ lệ sống trong mối tương quan với mức độ gần gũi di truyền giữa các dòng bố mẹ (như kết quả chi tiết ở mục 3.2 kế tiếp). Từ đó, nghiên cứu có thể xác định được các phép lai thể hiện ưu thế di truyền vượt trội, đồng thời vẫn đảm bảo mức độ dị biệt di truyền cần thiết nhằm duy trì tiềm năng chọn lọc lâu dài và giảm thiểu nguy cơ giao phối cận huyết trong các thế hệ tiếp theo (Gjedrem, 2005; Holtsmark et al., 2008). Việc xây dựng quần đàn ban đầu với sự đại diện của nhiều dòng có nguồn gốc sinh thái – địa lý khác nhau, kết hợp với thông tin đa dạng di truyền, đã tạo nền tảng khoa học vững chắc cho thiết kế 16 phép lai hỗn hợp cho đánh giá sinh trưởng nhằm xác định các tổ hợp lai ưu tú phục vụ thành lập quần đàn ban đầu G0 cho chương trình chọn giống hầu sữa tại Việt Nam.

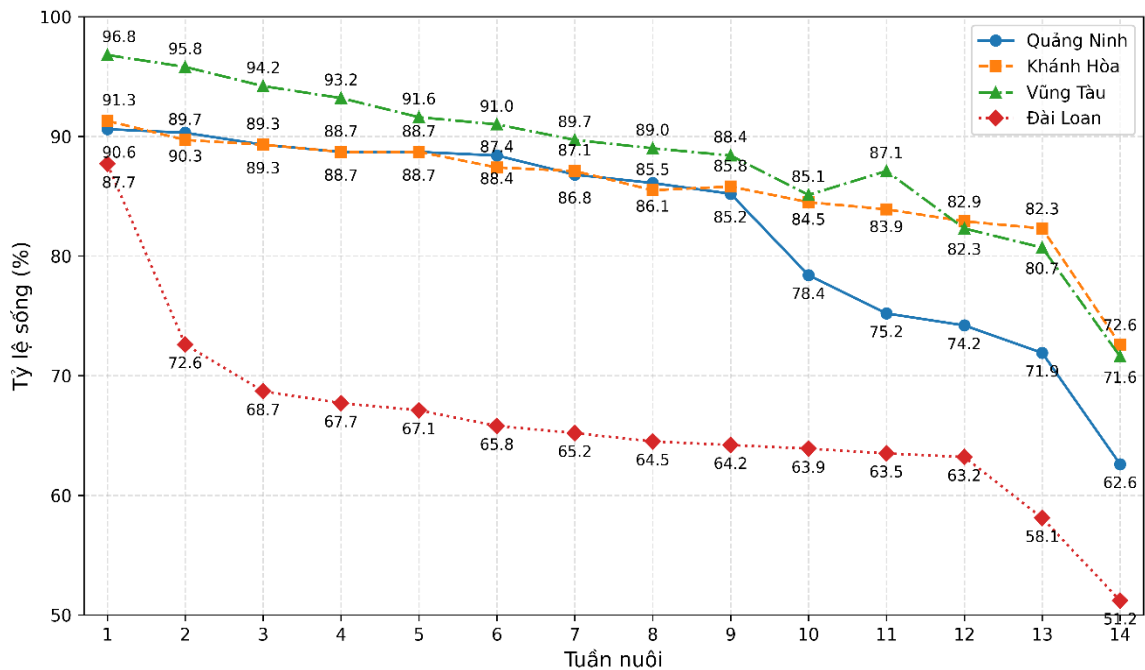
3.2. Sinh trưởng của hầu sữa từ 16 phép lai hỗn hợp phục vụ thành lập quần đàn ban đầu G0

3.2.1. Khả năng thành thực và sinh sản hầu sữa bố mẹ vật liệu ban đầu

3.2.1.1. Khả năng thành thực

Tỷ lệ sống của các dòng hầu vật liệu ban đầu (VLBD) sau giai đoạn nuôi vỗ ghi nhận sự dao động đáng kể giữa các dòng, phản ánh rõ rệt sự khác biệt về khả năng thích nghi của từng nguồn gốc di truyền. Kết quả cho thấy nhóm hầu thu thập từ ba địa phương trong nước (Quảng Ninh - Q, Khánh Hòa - K và Bà Rịa–Vũng Tàu - V) có tỷ lệ sống cao hơn đáng kể so với nhóm hầu nhập nội từ Đài Loan (T). Trong đó, dòng Bà Rịa–Vũng Tàu đạt tỷ lệ sống cao nhất (72,58%), tiếp đến là Khánh Hòa và Quảng Ninh, trong khi Đài Loan đạt tỷ lệ sống thấp nhất (51,29%) (Hình 3.6). Sự khác biệt này có thể xuất phát từ điều kiện thích nghi môi trường: các dòng trong

nước đã trải qua nhiều thế hệ nuôi dưỡng và khai thác trong điều kiện khí hậu và thủy văn đặc thù của Việt Nam, dẫn đến khả năng thích nghi tốt hơn so với dòng Đài Loan, vốn mới được thu thập từ tự nhiên và có thể cần thêm thời gian để thích nghi.

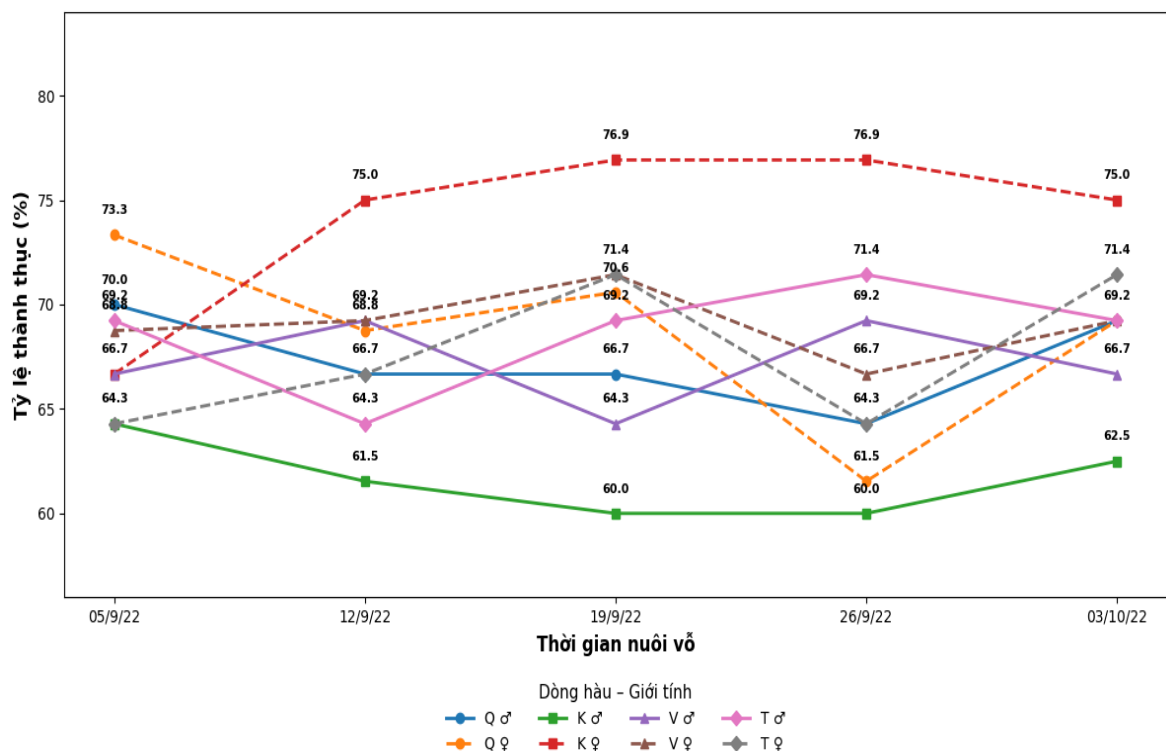


Hình 3.6. Tỷ lệ sống nuôi vỗ bốn dòng hầu sữa bố mẹ vật liệu ban đầu

Kết quả này tương đồng với các nghiên cứu trước về khả năng thích nghi của hầu nuôi trong điều kiện nội địa hóa. Vu et al. (2020a) khi nghiên cứu chọn giống hầu sữa ở miền Bắc Việt Nam đã chỉ ra rằng các dòng vật liệu đã trải qua nhiều thế hệ nuôi tại địa phương thường có tỷ lệ sống cao hơn so với các dòng mới nhập. Tương tự, các nghiên cứu trên hầu TBD của Evans & Langdon (2006) và de Melo et al. (2016) cũng cho thấy tỷ lệ sống có xu hướng cao hơn ở các quần đàn đã thích nghi với điều kiện môi trường nuôi so với các quần đàn nhập nội từ môi trường tự nhiên. Điều này đặc biệt đúng ở các vùng nhiệt đới và cận nhiệt đới, nơi điều kiện môi trường có nhiều biến động về nhiệt độ, độ mặn và nguồn thức ăn, làm gia tăng áp lực chọn lọc tự nhiên lên quần đàn.

Tỷ lệ thành thực sinh dục (tuyến sinh dục giai đoạn III–IV) ở bốn dòng hầu vật liệu ban đầu đạt mức cao và khá đồng đều, với giá trị 60,00–71,43% ở cá thể đực và 61,54–76,92% ở cá thể cái (Hình 3.7). Kết quả này cho thấy hầu sau 5 tuần nuôi vỗ

hoàn toàn có khả năng đáp ứng yêu cầu sinh sản trong điều kiện thí nghiệm. Các nghiên cứu tại Bồ Đào Nha của Massapina et al. (1999) và Anjos et al. (2017) cũng ghi nhận tỷ lệ thành thực 65–75% ở hầu sữa nuôi vỗ nhân tạo, tương đồng với kết quả thu được. Do đó, có thể khẳng định rằng các dòng vật liệu ban đầu đều sở hữu tiềm năng sinh sản tốt, phù hợp cho việc ghép phối gia đình, phép lai để thành lập quần đàn ban đầu G0 cho chương trình chọn giống.



Hình 3.7. Tỷ lệ thành thực nuôi vỗ bốn dòng hầu sữa bố mẹ vật liệu ban đầu. Q: Quảng Ninh; K: Khánh Hòa; V: Bà Rịa – Vũng Tàu; T: Đài Loan

3.2.1.2. Khả năng sinh sản

Khả năng sinh sản của bốn dòng hầu vật liệu ban đầu có sự khác biệt đáng kể giữa các dòng và các phép lai (Bảng 3.6). Sức sinh sản dao động từ $8,26$ đến $12,69 \times 10^6$ trứng/hầu mẹ, phản ánh sự biến thiên rõ rệt giữa các dòng. Dòng Khánh Hòa và Đài Loan thể hiện sức sinh sản cao và ổn định nhất, với giá trị trung bình từ $10,94$ đến $12,69 \times 10^6$ trứng, trong khi dòng Quảng Ninh – mặc dù có kích thước vỏ và khối lượng thân lớn nhất – lại cho sức sinh sản thấp hơn có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$), chỉ đạt $8,26$ – $9,43 \times 10^6$ trứng/hầu mẹ. Dòng Bà Rịa – Vũng Tàu cho thấy mức biến

động rộng, cho thấy có thể tồn tại tương tác di truyền giữa dòng bố và dòng mẹ. Kết quả này cho thấy kích thước cơ thể lớn không đảm bảo sức sinh sản cao ở hàu sữa, phù hợp với các nghiên cứu trước đây (Massapina et al. 1999; Anjos et al. 2017) ghi nhận rằng sức sinh sản chịu ảnh hưởng chủ yếu bởi kiểu gen, tuổi sinh học, tình trạng dinh dưỡng và hiệu quả nuôi vỗ hơn là kích thước hình thái.

Tỷ lệ thụ tinh và tỷ lệ nở của 16 phép lai đều đạt mức cao, lần lượt từ 89,35–95,66% và 78,60–88,74%, tương đương hoặc cao hơn so với báo cáo ở các nghiên cứu quốc tế trên hàu sữa nuôi vỗ nhân tạo (Massapina et al., 1999; Anjos et al., 2017). Điều này cho thấy chất lượng giao tử của các dòng bố mẹ trong nghiên cứu đều đạt yêu cầu, và quy trình kích thích sinh sản được thực hiện đúng kỹ thuật. Các phép lai có sự tham gia của dòng cái Khánh Hòa và Đài Loan không những có sức sinh sản cao mà còn duy trì tỷ lệ thụ tinh và tỷ lệ nở ổn định, nhấn mạnh vai trò quan trọng của di truyền dòng cái trong quyết định hiệu suất sinh sản ở hàu.

Bảng 3.6. Sức sinh sản, tỷ lệ thụ tinh và tỷ lệ nở của hàu sữa từ 16 phép lai

Phép lai (♀×♂)	SSS (×10 ⁶ trứng)	Tỷ lệ thụ tinh (%)	Tỷ lệ nở (%)
K × K	11,79±1,61 ^{ab}	95,66±1,02 ^a	88,74±3,84 ^a
Q × Q	9,43±1,76 ^{de}	90,37±2,23 ^{de}	82,65±4,94 ^{cd}
T × T	12,57±0,61 ^{ab}	95,49±1,40 ^a	88,45±1,96 ^{ab}
V × V	11,59±2,08 ^{abc}	92,84±1,36 ^{bc}	79,11±2,48 ^{de}
K × Q	8,33±0,73 ^e	89,35±1,36 ^e	81,76±5,13 ^{cde}
K × T	9,65±1,38 ^{de}	95,29±1,02 ^a	88,37±3,01 ^{ab}
K × V	9,44±1,32 ^{de}	92,04±1,90 ^{cd}	82,59±4,69 ^{cd}
Q × K	10,94±1,21 ^{bcd}	95,28±1,40 ^a	82,33±2,27 ^{cde}
Q × T	9,62±0,92 ^{de}	94,54±1,04 ^{ab}	82,06±4,18 ^{cde}
Q × V	9,46±0,89 ^e	92,62±1,80 ^{bc}	84,17±0,76 ^c
T × K	12,02±0,94 ^{ab}	93,53±1,78 ^{abc}	83,23±1,08 ^c
T × Q	8,26±0,70 ^e	93,52±2,00 ^{abc}	82,57±1,63 ^{cd}
T × V	9,34±1,03 ^{de}	92,73±2,34 ^{bc}	84,92±2,27 ^{bc}
V × K	12,69±2,56 ^a	95,29±1,04 ^a	78,79±3,40 ^{de}
V × Q	8,76±1,31 ^e	92,60±2,24 ^{bc}	78,60±3,50 ^e
V × T	9,99±0,88 ^{cde}	93,86±2,37 ^{abc}	83,81±2,60 ^c

Q: Quảng Ninh, K: Khánh Hòa, V: Bà Rịa – Vũng Tàu, T: Đài Loan; Giá trị trình bày là trung bình ± độ lệch chuẩn; các giá trị trong cùng một cột có các chữ cái khác nhau thì khác biệt có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$)

Sự khác biệt về khả năng sinh sản giữa các dòng có thể được lý giải dựa trên nhiều yếu tố sinh học và di truyền. Dòng Khánh Hòa và Đài Loan có thể sở hữu kiểu gen thuận lợi cho thành thực tuyến sinh dục và đầu tư năng lượng vào sinh sản, ngay cả khi kích thước vỏ nhỏ hơn. Ngược lại, dòng Quảng Ninh có tuổi sinh học lớn hơn và mức pha trộn di truyền cao, có thể ưu tiên năng lượng cho sinh trưởng vỏ thay vì sản xuất trứng. Dòng Bà Rịa – Vũng Tàu thể hiện sự biến động sinh sản lớn, gợi ý nguy cơ thất cổ chai di truyền hoặc giao phối gần ở các thế hệ trước, dẫn tới giảm ổn định tính trạng sinh sản.

Nhìn chung, kết quả nghiên cứu cho thấy cả bốn dòng vật liệu ban đầu đều có khả năng sinh sản đáp ứng yêu cầu sản xuất giống, nhưng dòng Khánh Hòa và Đài Loan nổi bật hơn về sự ổn định và hiệu suất tổng thể. Điều này khẳng định tính khả thi của việc sử dụng các dòng này trong việc thành lập quần đàn ban đầu G0 phục vụ chọn giống. Tuy nhiên, việc tiếp tục theo dõi đặc điểm sinh sản qua nhiều mùa vụ và điều kiện nuôi vỗ khác nhau là cần thiết nhằm tối ưu hóa chiến lược lựa chọn dòng bố mẹ, đồng thời tránh nguy cơ suy giảm sức sinh sản và đa dạng di truyền trong chương trình chọn giống dài hạn.

3.2.2. Khả năng sinh trưởng và tỷ lệ sống của hàu sữa từ 16 phép lai ở hai môi trường nuôi

3.2.2.1. Chất lượng nước và hàm lượng thực vật phù du

Các yếu tố chất lượng nước và thành phần thực vật phù du tại Long Sơn và Long Hòa đều nằm trong ngưỡng phù hợp cho nuôi hàu sữa (Bảng 3.7). Nhiệt độ và pH ổn định, phản ánh điều kiện khí hậu nhiệt đới gió mùa tương đồng trong suốt thời gian thí nghiệm. Việc không phát hiện NH_4/NH_3 và NO_2^- cho thấy môi trường nuôi đạt tiêu chuẩn cho sinh trưởng phát triển của hàu sữa.

Sự khác biệt nổi bật giữa hai khu vực thể hiện ở độ mặn, oxy hòa tan và nguồn thức ăn tự nhiên. Long Sơn có độ mặn (31,17‰) và DO (6,23 ppm) cao hơn rõ rệt so với Long Hòa (24,00‰ và 5,32 ppm), phản ánh đặc trưng của môi trường ven biển mở, giúp giảm stress thẩm thấu và tạo điều kiện thuận lợi cho các quá trình sinh lý và sinh trưởng của hàu. Đồng thời, Long Sơn ghi nhận mật độ tảo cao vượt trội (7.031,25

$\pm 7.370,13$ tế bào/L so với $350,00 \pm 158,75$ tế bào/L tại Long Hòa), cùng với số loài tảo và hàm lượng *Chlorophyll a* cao hơn, cho thấy nguồn thức ăn tự nhiên dồi dào hơn. Ngược lại, Long Hòa có mật độ tảo rất thấp và TSS biến động mạnh hơn, phản ánh môi trường của sông kém ổn định, nhiều khả năng chịu ảnh hưởng của độ đục cao và hệ sinh thái rừng ngập mặn.

Bảng 3.7. Chất lượng nước và thành phần thực vật phù du ở hai địa điểm nuôi

Chỉ tiêu	Long Sơn	Long Hòa
Nhiệt độ (°C)	$29,75 \pm 0,70^b$	$29,54 \pm 0,75^b$
Độ mặn (ppt)	$31,17 \pm 0,83^a$	$24,00 \pm 1,54^b$
pH	$7,83 \pm 0,17^b$	$7,76 \pm 0,17^b$
DO (ppm)	$6,23 \pm 0,09^a$	$5,32 \pm 0,39^b$
NH ₄ /NH ₃ (mg/L)	-	-
NO ₂ ⁻ (mg/L)	-	-
TSS (mg/L)	$20,31 \pm 14,34^a$	$23,44 \pm 28,49^a$
<i>Chlorophyll a</i> (mg/L)	$11,35 \pm 9,89^a$	$10,56 \pm 6,27^a$
Thành phần loài (loài/L)	$14,75 \pm 7,57^a$	$11,63 \pm 4,00^a$
Mật độ tảo (tế bào/L)	$7.031,25 \pm 7.370,13^a$	$350,00 \pm 158,75^b$

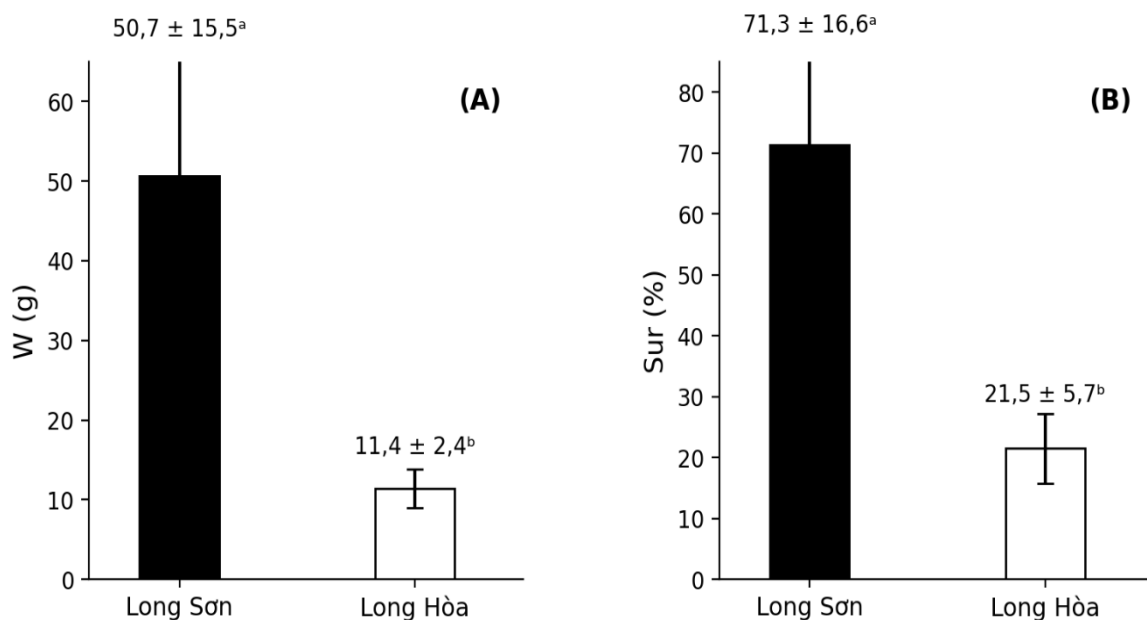
Các giá trị được trình bày dưới dạng trung bình $\pm$ độ lệch chuẩn; các giá trị trung bình trong cùng một hàng mang các chữ cái khác nhau thể hiện sự khác biệt có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$); -: không phát hiện

Nhìn chung, Long Sơn cung cấp điều kiện sinh thái ổn định và thuận lợi hơn cho sinh trưởng của hàu sữa, trong khi Long Hòa đại diện cho môi trường biến động, thích hợp để đánh giá khả năng thích nghi và duy trì tỷ lệ sống, qua đó làm cơ sở phân tích ảnh hưởng môi trường và tương tác kiểu gen $\times$ môi trường trong chương trình chọn giống hàu sữa ở vùng nhiệt đới Nam Bộ.

3.2.2.2. Khả năng sinh trưởng và tỷ lệ sống của hàu sữa từ 16 phép lai

Khối lượng thân và tỷ lệ sống của hàu sữa giữa các phép lai cũng như giữa hai môi trường nuôi Long Sơn và Long Hòa có sự khác biệt rõ rệt (Hình 3.8). Trung bình khối lượng thân tại Long Sơn đạt $50,74 \pm 15,50$ g và tỷ lệ sống $71,28 \pm 16,56\%$, trong khi tại Long Hòa chỉ đạt $11,39 \pm 2,37$ g và $21,47 \pm 5,72\%$ ở toàn bộ các phép lai. Sự khác biệt này khẳng định vai trò quan trọng của yếu tố môi trường đến khối lượng thân và tỷ lệ sống của hàu sữa, tương đồng với nhận định của Gjerdem (2005) và

Evans & Langdon (2006) rằng biến động môi trường là một trong những yếu tố quyết định đến sự biểu hiện kiểu hình trong các loài nhuyễn thể.

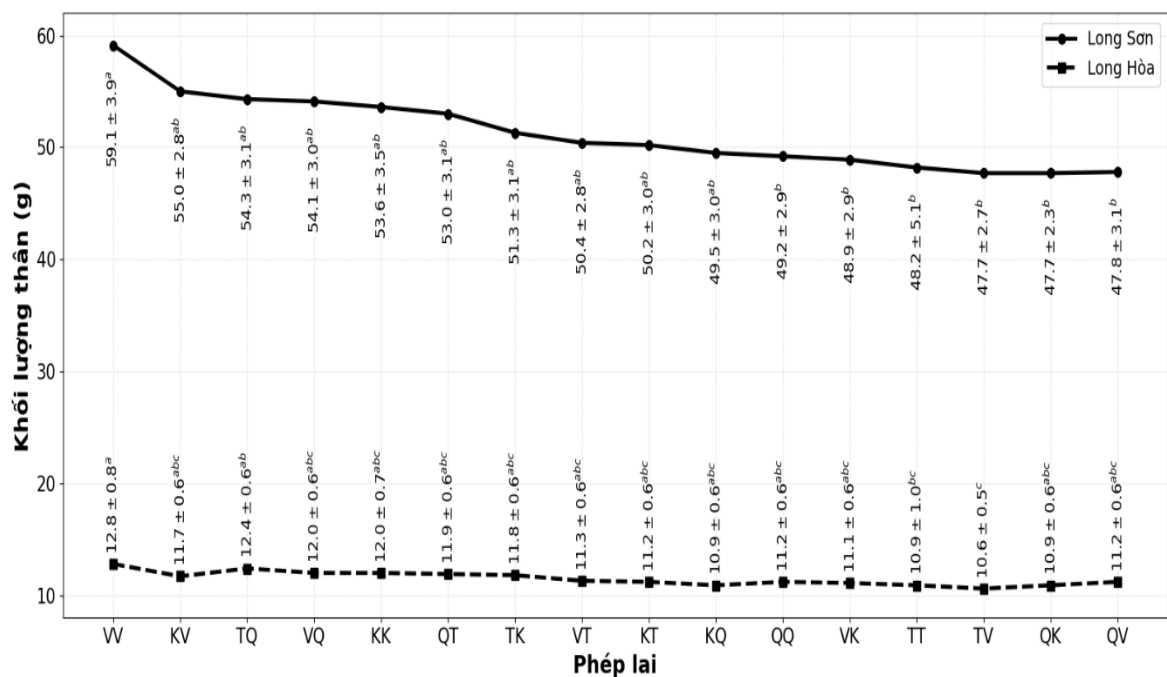


Hình 3.8. Khối lượng thân - W (A) và tỷ lệ sống – Sur (B) của quần thể hào sữa từ 16 phép lai tại hai môi trường nuôi ở thời điểm thu hoạch. Các giá trị được trình bày là trung bình ± độ lệch chuẩn; các giá trị trung bình cùng tính trạng chứa các chữ cái khác nhau là khác biệt có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$).

Khối lượng thân và tỷ lệ sống trung bình của từng phép lai ở hai môi trường được thể hiện trong Hình 3.9 và **Hình 3.10**. Tại Long Sơn, các phép lai VV, VQ và KK đạt khối lượng thân cao nhất (59,08 g; 54,14 g; 53,65 g) và tỷ lệ sống dao động 73,37–75,11%, cho thấy tiềm năng duy trì tốc độ sinh trưởng vượt trội trong điều kiện môi trường phù hợp và ổn định. Ngược lại, tại Long Hòa, khối lượng thân của tất cả các phép lai rất thấp (10,58–12,77 g). Một số phép lai khác dòng như QK, KQ và TQ ghi nhận tỷ lệ sống cao nhất (25,65%; 24,67%; 24,85%), phản ánh khả năng thích nghi tốt hơn trong điều kiện bất lợi và biến động cao. Các phép lai TV, TT và KV có tỷ lệ sống thấp (<20%) ở cả hai môi trường, cho thấy rằng chúng này ít phù hợp cho thể hệ chọn giống tiếp theo.

Sự khác biệt về sinh trưởng và tỷ lệ sống của hào sữa giữa hai môi trường nuôi có thể được giải thích chủ yếu bởi sự khác nhau về nguồn dinh dưỡng tự nhiên và

mức độ ổn định sinh thái, phản ánh qua các chỉ tiêu chất lượng nước và thực vật phù du (Bảng 3.7). Các thông số chất lượng nước cơ bản tại Long Sơn và Long Hòa tương đối ổn định và không khác biệt lớn, cho thấy chất lượng nước không phải là yếu tố giới hạn chính. Tuy nhiên, sự khác biệt rõ rệt được ghi nhận ở mật độ thực vật phù du, trong đó Long Sơn có mật độ tảo cao và biến động lớn (7.031 ± 7.370 tế bào/mL), trong khi Long Hòa duy trì mật độ tảo rất thấp ($350 \pm 158,7$ tế bào/mL). Mật độ thực vật phù du thấp và kém ổn định tại Long Hòa phản ánh nguồn thức ăn tự nhiên hạn chế, dẫn đến các giai đoạn thiếu hụt dinh dưỡng kéo dài, từ đó ảnh hưởng tiêu cực đến tốc độ sinh trưởng và khả năng sống sót của hàu. Kết quả này phù hợp với nhận định của Gangnery et al. (2003), cho rằng sự ổn định và đầy đủ của nguồn thực vật phù du là yếu tố then chốt quyết định hiệu suất sinh trưởng và tỷ lệ sống của hàu nuôi trong điều kiện tự nhiên.

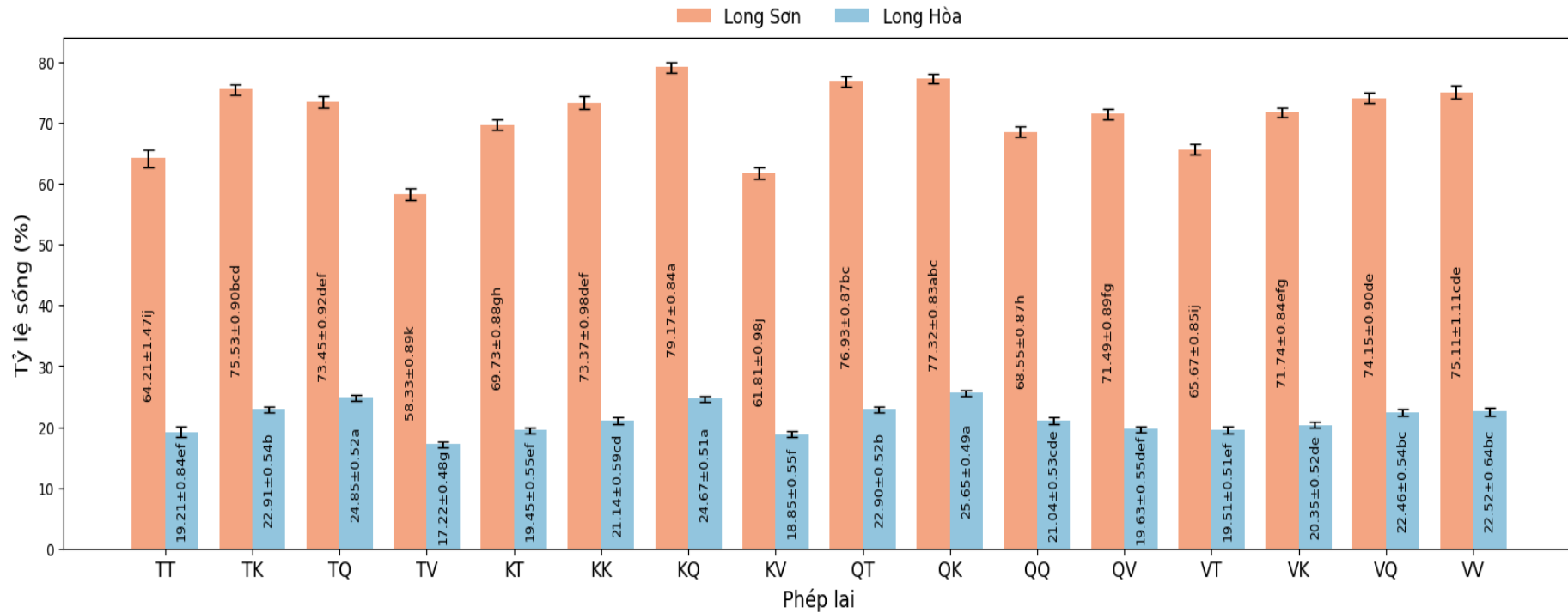


Hình 3.9. Trung bình bình phương tối thiểu (LSM) của khối lượng thân của hàu sữa từ 16 phép lai ở hai môi trường nuôi tại thời điểm thu hoạch. Giá trị được trình bày là trung bình ± sai số chuẩn; các giá trị trung bình chứa chữ cái khác nhau trong cùng một môi trường là khác biệt có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$).

So với Long Sơn, điều kiện môi trường tại Long Hòa rõ ràng ít thuận lợi hơn, tương tự như các kết quả của Evans & Langdon (2006) và Chi et al. (2021) về tác

động bất lợi của môi trường không ổn định lên tỷ lệ sống của hàu *C. gigas*. Điều này cũng được phản ánh rõ qua khác biệt hình thái vỏ của hàu thu hoạch ở hai địa điểm. Hàu nuôi tại Long Hòa (Cần Giẻ) phát triển vỏ dày, cứng, mép tù và uốn cong vào trong như dạng chiếc muỗng, thể hiện cơ chế thích nghi với dòng chảy mạnh và điều kiện thủy động lực cao, nơi mà thực tế hiện nay hàu cửa sông với vỏ dày và cứng, sức chống chịu tốt đang được nuôi với sản lượng lớn. Ngược lại, hàu nuôi tại Long Sơn có vỏ mỏng hơn, mép vỏ mảnh sắc và mở rộng ra ngoài, đây là đặc trưng của môi trường nước có dòng chảy nhẹ và ổn định hơn của vùng vịnh như Vân Đồn, Khánh Hòa, Vũng Tàu, là ba khu vực có nghề nuôi hàu sữa phát triển nhất cả nước (Phụ lục 21). Ở các điều kiện dòng chảy nhẹ, cho phép hàu tập trung năng lượng cho tăng trưởng mô mềm. Sự đối lập này cho thấy hàu nuôi tại Long Hòa phải đầu tư nhiều năng lượng để gia cố vỏ, dẫn đến giảm tốc độ sinh trưởng tổng thể. Tuy nhiên, chính môi trường khắc nghiệt tại Long Hòa cũng tạo ra một áp lực chọn lọc tự nhiên mạnh, giúp phát hiện các dòng có khả năng chống chịu và duy trì tỷ lệ sống ổn định hơn. Trong nghiên cứu này, các dòng như QK, KQ, TK, TQ, QT, VV và KK thể hiện tỷ lệ sống cao ở cả hai Long Sơn và Long Hòa, cho thấy tiềm năng cải thiện di truyền cho chương trình chọn giống trong điều kiện nhiệt đới gió mùa Nam Bộ.

Ngoài ra, các đặc điểm sinh thái tại Long Hòa có khả năng tác động tiêu cực đến sự phát triển và tỷ lệ sống của hàu sữa. Khu vực này nằm trong hệ sinh thái rừng ngập mặn đặc trưng với dòng chảy mạnh phức tạp, tốc độ nước mạnh và áp lực sấn mồi cao từ các loài bản địa như cua, ốc và cá nóc. Những yếu tố này làm gia tăng nguy cơ tổn thương cơ học đối với hàu sữa vốn có vỏ mỏng và nhẹ, đồng thời ảnh hưởng đến khả năng đóng mở vỏ, hiệu quả lọc nước và mức độ hấp thu dinh dưỡng, dẫn đến suy giảm tăng trưởng và tỷ lệ sống. Nhận định này phù hợp với các thảo luận của Haws & Ellis (2000) và Helm et al. (2004), trong đó nhấn mạnh sự nhạy cảm của hàu (đặc biệt là hàu sữa và hàu TBD) trước biến động nguồn thức ăn, tốc độ dòng chảy và áp lực sinh học.



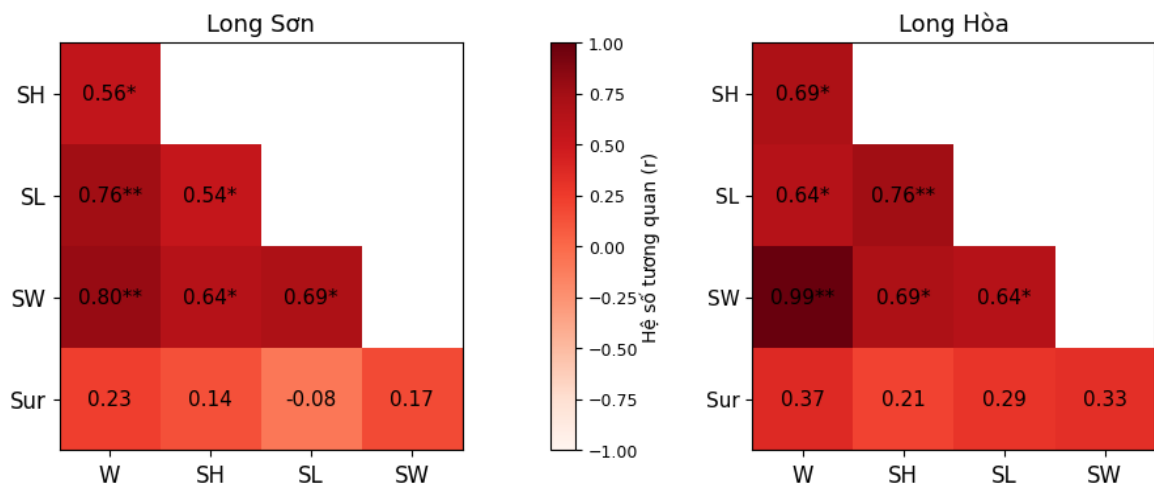
Hình 3.10. Trung bình bình phương tối thiểu (LSM) tính trạng tỷ lệ sống của hậu sữa từ 16 phép lai ở hai môi trường nuôi tại thời điểm thu hoạch. Các giá trị được trình bày dưới dạng trung bình $\pm$ sai số chuẩn; các giá trị trung bình kèm các chữ cái khác nhau trong các cột cùng màu biểu thị sự khác biệt có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$).

So với các nghiên cứu trước đây, kết quả đánh giá sinh trưởng hầu sữa ở Long Sơn có hiệu suất vượt trội dù thời gian nuôi ngắn hơn. Batista (2007) ghi nhận tại Bồ Đào Nha chỉ đạt khối lượng thân 20 g và tỷ lệ sống 40–54,5% sau 250 ngày. Han et al. (2022) báo cáo tại Trung Quốc đạt khối lượng thân 14,05–31,13 g sau 12 tháng. Trong khi đó, In et al. (2017) và Vu et al. (2020a) ghi nhận kết quả tương đồng tại miền Bắc Việt Nam đạt khối lượng thân 55,74 g (15,71–69,90 g) nhưng thời gian nuôi dài hơn (270 ngày). Điều này cho thấy Long Sơn có điều kiện nuôi dưỡng thuận lợi, giúp hầu sữa đạt tốc độ sinh trưởng nhanh và tỷ lệ sống cao hơn so với nhiều vùng nuôi khác trong và ngoài nước và Long Hòa, tăng trưởng chậm, tỷ lệ sống rất thấp, ít phù hợp hơn.

Nhìn chung, kết quả sinh trưởng và tỷ lệ sống của 16 phép lai hầu sữa ở hai môi trường giúp phát hiện các dòng hầu có biểu hiện tính trạng sinh trưởng nhanh. Long Sơn phù hợp hơn để đánh giá các tính trạng liên quan đến tốc độ sinh trưởng và lưu giữ quần đàn bố mẹ, trong khi Long Hòa có thể là môi trường thích hợp để phát hiện các dòng có khả năng duy trì tỷ lệ sống cao trong điều kiện ít phù hợp cho sinh trưởng nhanh. Từ kết quả đánh giá này, kết hợp kết quả đánh giá các thành phần di truyền (cộng gộp và không cộng gộp) ước tính ở mục 3.2.4, trang 77 bên dưới để làm cơ sở thành lập quần đàn ban đầu G0 đáp ứng mục tiêu chọn giống.

3.2.3. Tương quan kiểu hình giữa sinh trưởng và tỷ lệ sống của hầu sữa từ 16 phép lai

Phân tích hệ số tương quan LSM giữa các tính trạng sinh trưởng của 16 phép lai tại hai môi trường Long Sơn và Long Hòa cho thấy mối tương quan thuận và có ý nghĩa thống kê ($r = 0,54–0,99$) giữa khối lượng thân (W) và các đặc trưng hình thái vỏ (chiều cao - SH, chiều dài - SL, chiều rộng - SW) (Hình 3.11). Mức độ tương quan giữa khối lượng thân và các chỉ tiêu kích thước vỏ tại cả hai môi trường đều ở mức cao, trong đó chặt chẽ nhất với chiều rộng vỏ ($r = 0,8$ tại Long Sơn và $r = 0,99$ tại Long Hòa), tiếp theo với chiều dài và thấp nhất với chiều cao vỏ. Điều này phản ánh rằng những cá thể hầu có khối lượng thân cao thường đồng thời sở hữu kích thước vỏ lớn hơn, đặc biệt chiều rộng vỏ. Kết quả này phù hợp với các nghiên cứu trước đây trên hầu TBD và phương Đông (Batista et al., 2007; Dégremont et al., 2015), cho thấy chiều rộng vỏ có khả năng dự đoán tốt nhất cho khối lượng thân.



Hình 3.11. Tương quan giữa các tính trạng của hàu sữa từ 16 phép lai ở các môi trường nuôi. W/SH/SL/SW/Sur: khối lượng thân/chiều cao/chiều dài/chiều rộng vỏ/tỷ lệ sống lúc thu hoạch; * và **: Tương quan có ý nghĩa thống kê $P < 0,05$ và $P < 0,01$.

Sự gia tăng đồng thời giữa khối lượng thân và chiều rộng vỏ mang ý nghĩa sinh học quan trọng, vì thể tích vỏ lớn hơn sẽ tạo điều kiện thuận lợi cho sự phát triển mô mềm bên trong, từ đó góp phần cải thiện chất lượng thịt hàu – yếu tố then chốt quyết định giá trị thương phẩm và thị hiếu tiêu dùng (Brake et al., 2003). Các kết quả này cũng nhất quán với các công bố trước đây cho thấy tương quan di truyền cao giữa khối lượng thân với kích thước vỏ (0,65–0,85) cũng như giữa các tính trạng kích thước vỏ với nhau ($r_g > 0,9$) ở các loài hàu khác (de Melo et al., 2016; Gutierrez et al., 2018). Ở hàu sữa, mối quan hệ này có thể phản ánh chiến lược phát triển hình thái, trong đó cá thể sinh trưởng nhanh có xu hướng mở rộng kích thước vỏ sớm để tạo không gian cho khối lượng mô mềm tăng dần (Li et al., 2011; Vu et al., 2021a). Ngược lại, mối tương quan giữa tỷ lệ sống với các tính trạng sinh trưởng nhìn chung ở mức thấp và không ổn định ở hai môi trường, dao động trong khoảng -0,08 tới 0,37 (Hình 3.11). Trong số này, tương quan giữa tỷ lệ sống với khối lượng thân là cao nhất, tiếp theo là với chiều rộng vỏ, trong khi thấp hơn đáng kể với chiều cao và chiều dài vỏ. Đặc biệt, tại môi trường Long Sơn, tương quan nghịch thấp giữa tỷ lệ sống và chiều dài vỏ, nghĩa là chiều dài vỏ lớn hơn không chắc đồng thời cải thiện tỷ lệ sống, tương đồng với mức độ tương quan thấp (0,25–0,38) giữa tỷ lệ sống với khối lượng thân cũng được báo cáo trên hàu *C. gigas* (de Melo et al., 2016). Kết quả này cũng được củng cố thêm trong nghiên cứu của Rybovich et al. (2016) khi tác giả cho rằng

những cá thể hàu có vỏ dài, có thể chịu tác động lớn hơn từ môi trường (áp lực từ dòng chảy mạnh hoặc địch hại).

Các kết quả này nhấn mạnh vai trò trung tâm của tính trạng khối lượng thân trong chương trình chọn giống hàu sữa với mục tiêu sinh trưởng nhanh. Việc lựa chọn các phép lai có đồng thời khối lượng thân và chiều rộng vỏ lớn sẽ mang lại hiệu quả sản xuất tối ưu cho cả hiệu suất nuôi lẫn giá trị thương mại (BIM, 1996; Brake et al., 2003; Walton et al., 2012; Leavitt et al., 2015). Trong khi đó, tỷ lệ sống cao cũng cần được cân nhắc kết hợp trong quá trình chọn lọc để tránh các tác động tiêu cực lên khả năng sống sót của hàu. Địa điểm nuôi Long Sơn, với đặc điểm môi trường thuận lợi, thích hợp cho việc đánh giá tiềm năng sinh trưởng. Ngược lại, địa điểm nuôi Long Hòa, với điều kiện nuôi ít phù hợp, là môi trường lý tưởng để đánh giá khả năng thích nghi và chống chịu. Việc tích hợp kết quả đánh giá từ cả hai môi trường sẽ góp phần lựa chọn chính xác các dòng hàu phù hợp để xây dựng quần đàn ban đầu cho chương trình chọn giống thế hệ tiếp theo.

3.2.4. Các thành phần di truyền ước tính sinh trưởng và tỷ lệ sống của hàu sữa từ 16 phép lai

Từ kết quả tương quan LSM cao giữa các tính trạng sinh trưởng (khối lượng thân, chiều cao vỏ, chiều dài vỏ và chiều rộng vỏ) (Hình 3.11) cho thấy việc phân tích các thành phần di truyền tập trung ước tính trên hai tính trạng chính khối lượng thân và tỷ lệ sống làm cơ sở thành lập quần đàn ban đầu G0. Kết quả phân tích phương sai (ANOVA) bằng mô hình GLM (SAS Inc., 2009) cho thấy các yếu tố như địa điểm/môi trường nuôi (E), kiểu gen/phép lai (G) và tương tác kiểu gen với môi trường ($G \times E$) đều ảnh hưởng có ý nghĩa thống kê ($P < 0,01$) đến cả khối lượng thân và tỷ lệ sống của các phép lai hàu sữa (Phụ lục 22), phản ánh sự khác biệt di truyền giữa các phép lai trong cùng môi trường và giữa hai môi trường nuôi, là cơ sở cho việc lựa chọn các dòng có tiềm năng sinh trưởng và tỷ lệ sống vượt trội.

3.2.4.1. Ảnh hưởng di truyền cộng gộp ước tính

Ảnh hưởng di truyền cộng gộp (A) đối với khối lượng thân và tỷ lệ sống của các dòng hàu biểu hiện sự khác biệt rõ rệt trong cùng môi trường nuôi (Bảng 3.8). Chỉ một nhóm phép lai nhất định thể hiện ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương đồng

thời và ổn định ở cả hai môi trường. Điều này cho phép phân nhóm rõ ràng các phép lai theo giá trị ứng dụng chọn giống, bao gồm: (i) nhóm phép lai ưu tiên cho xây dựng quần đàn ban đầu G0 nhằm chọn lọc dài hạn và (ii) nhóm phép lai cần hạn chế hoặc chỉ sử dụng với vai trò duy trì đa dạng di truyền. Ở Long Sơn, ảnh hưởng di truyền cộng gộp biểu hiện tích cực hơn ở hầu hết các dòng thuần và dòng lai cho cả hai tính trạng so với ở Long Hòa. Số lượng dòng thuần và dòng lai biểu hiện ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương chiếm 50% và ngược lại ở cả hai môi trường.

Ảnh hưởng di truyền cộng gộp đối với khối lượng thân ở các dòng thuần có sự thay đổi đáng kể và có xu hướng tương đồng giữa hai môi trường. Dòng Bà Rịa – Vũng Tàu (V) có ảnh hưởng di truyền cộng gộp tích cực nhất (13,269%) ở Long Sơn và thấp hơn ở Long Hòa (9,581%) và ở cả hai môi trường là 13,035% ($P < 0,05$). Dòng Khánh Hòa (K) có ảnh hưởng di truyền cộng gộp cho khối lượng thân dương thấp hơn (2,460 - 2,778%; $P > 0,05$). Cả hai dòng này cho thấy tiềm năng cải thiện sinh trưởng nhanh trong chương trình chọn giống. Ngược lại, các dòng Quảng Ninh và Đài Loan có ảnh hưởng di truyền cộng gộp âm đối với khối lượng thân (-4,575 tới -8,406%; $P < 0,05$) ở cả hai môi trường, phản ánh những tác động tiêu cực đến sinh trưởng của hầu.

Ảnh hưởng di truyền cộng gộp đối với tỷ lệ sống giữa các dòng thuần có sự phân hóa rõ rệt ở hai môi trường. Trong đó, dòng Bà Rịa – Vũng Tàu tiếp tục nổi bật với ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương, ổn định và tương đối cân bằng giữa hai môi trường Long Sơn và Long Hòa, với giá trị lần lượt là 7,058% và 7,234%, trung bình đạt 7,892%. Tương tự, dòng Khánh Hòa cũng cho thấy ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương ở cả hai môi trường, mặc dù mức độ không đồng đều, với giá trị dương cao 13,343% tại Long Sơn và thấp hơn 3,872% tại Long Hòa. Kết quả này phản ánh nền tảng di truyền ổn định và khả năng thích nghi tốt của hai dòng này trong điều kiện nuôi nhiệt đới phía Nam. Ngược lại, hai dòng Quảng Ninh và Đài Loan đều thể hiện ảnh hưởng di truyền cộng gộp âm cho tỷ lệ sống. Dòng Đài Loan có ảnh hưởng di truyền cộng gộp âm rõ rệt nhất và ổn định ở cả hai môi trường (-11,792% và -13,300%), với trung bình -9,070%. Những kết quả này cho thấy hai dòng này có thể không phù hợp chọn làm bố mẹ nếu mục tiêu là cải thiện khả năng thích nghi với môi

trường. Tuy nhiên, việc kết hợp các dòng có ảnh hưởng di truyền cộng gộp khác nhau có thể tạo ra tái tổ hợp di truyền có lợi giúp nâng cao hiệu quả chọn lọc (Gjedrem, 2005). Việc chọn lọc các cá thể tốt nhất với mức độ tối thiểu từ các dòng có ảnh hưởng di truyền cộng gộp thấp (kể cả dòng nuôi và hoang dã), giúp duy trì đa dạng di truyền cao cho quần đàn ban đầu. Vì vậy, hai dòng thuần Quảng Ninh và Đài Loan vẫn đóng vai trò quan trọng trong thành lập quần đàn ban đầu phục vụ chọn giống.

Các dòng lai cho thấy ảnh hưởng di truyền cộng gộp biến động đáng kể đối với cả khối lượng thân và tỷ lệ sống giữa hai môi trường nuôi. Sự biến động này phản ánh tính phức tạp của quá trình tái tổ hợp di truyền khi lai tạo các dòng thuần có nền tảng di truyền khác nhau. Đồng thời, những khác biệt quan sát được cũng cho thấy mức độ tương thích di truyền giữa các dòng, qua đó quyết định khả năng biểu hiện tích cực hay tiêu cực của ảnh hưởng di truyền cộng gộp trong từng phép lai.

Cụ thể, phép lai chéo giữa hai dòng thuần Khánh Hòa và Bà Rịa – Vũng Tàu, là các dòng có ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương, đã thể hiện tiềm năng cải thiện đồng thời cả hai tính trạng mục tiêu. Phép lai này cho thấy mức tăng khối lượng thân dao động từ 6,180% đến 7,864% và cải thiện tỷ lệ sống từ 5,553% đến 10,201% ở cả hai môi trường nuôi. Kết quả này khẳng định hiệu quả của việc kết hợp các dòng thuần có ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương, đồng thời xác định phép lai KV là ứng viên ưu tiên cho việc xây dựng quần đàn ban đầu trong chương trình chọn giống hầu sữa, hướng tới nâng cao đồng thời sinh trưởng và tỷ lệ sống.

Ngược lại, các phép lai chéo giữa các dòng thuần Quảng Ninh và Đài Loan cho thấy ảnh hưởng di truyền cộng gộp âm rõ rệt đối với cả khối lượng thân, dao động từ -6,180% đến -7,864%, và tỷ lệ sống, từ -5,553% đến -10,201%, với sự khác biệt có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$) ở cả hai môi trường nuôi. Kết quả này cho thấy khi lai tạo các dòng thuần có ảnh hưởng di truyền cộng gộp thấp hoặc mức độ tương thích di truyền kém, hiệu quả cải thiện di truyền cộng gộp bị suy giảm đáng kể, dẫn đến sự sụt giảm đồng thời về sinh trưởng và tỷ lệ sống. Hiện tượng này phù hợp với các kết quả đã được ghi nhận trên cá rô phi vằn, trong đó các dòng không tương thích di truyền không mang lại cải thiện rõ rệt đối với các tính trạng chọn lọc

(Bentsen et al., 1998). Trên cơ sở đó, phép lai QT không được khuyến nghị sử dụng trong giai đoạn xây dựng quần đàn ban đầu G0.

Xét từ góc độ chiến lược chọn giống, các dòng thuần V và K không chỉ nổi bật về giá trị ảnh hưởng di truyền cộng gộp riêng lẻ mà còn đóng vai trò là nguồn gen cộng gộp chủ đạo trong chương trình chọn giống. Phần lớn các phép lai có sự tham gia của hai dòng này, bao gồm KV, VK, QV, VQ, VT và TV, đều biểu hiện ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương đối với khối lượng thân và trong một số trường hợp là cả tỷ lệ sống. Điều này cho thấy ảnh hưởng di truyền cộng gộp của các dòng thuần có thể dự báo xu hướng biểu hiện của các dòng lai, qua đó cung cấp cơ sở khoa học quan trọng cho việc lựa chọn bố mẹ trong giai đoạn xây dựng quần đàn ban đầu G0 của chương trình chọn giống hậu sữa.

Ở các phép lai giữa các dòng còn lại, không bao gồm các phép lai KV và QT, ảnh hưởng di truyền cộng gộp thể hiện mức độ nhất quán cao hơn đối với tính trạng khối lượng thân so với tính trạng tỷ lệ sống khi so sánh giữa hai môi trường nuôi Long Sơn và Long Hòa. Cụ thể, các phép lai QV, VT, QK và KT đều biểu hiện giá trị ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương cho khối lượng thân ở cả hai môi trường nuôi. Sự nhất quán này cho thấy biểu hiện của tính trạng khối lượng thân ít bị chi phối bởi sự thay đổi của điều kiện môi trường và phản ánh tương đối ổn định tiềm năng di truyền vốn có của từng phép lai, qua đó khẳng định vai trò quan trọng của thành phần di truyền cộng gộp đối với tính trạng sinh trưởng.

Ngược lại, đối với tính trạng tỷ lệ sống, ảnh hưởng di truyền cộng gộp thể hiện sự biến động rõ rệt hơn giữa hai môi trường nuôi, cả về chiều hướng tác động lẫn mức độ ảnh hưởng. Một số phép lai có ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương trong điều kiện nuôi tại Long Sơn nhưng lại chuyển sang giá trị âm tại Long Hòa. Kết quả này cho thấy tỷ lệ sống phụ thuộc mạnh vào điều kiện môi trường cụ thể và phản ánh sự tương tác rõ rệt giữa kiểu gen và môi trường đối với tính trạng này, cao hơn so với tính trạng khối lượng thân. Điều này đồng thời nhấn mạnh rằng việc đánh giá tỷ lệ sống trong một môi trường đơn lẻ là chưa đủ để phản ánh đầy đủ tiềm năng di truyền và khả năng thích nghi của các phép lai.

Bảng 3.8. Ảnh hưởng di truyền cộng gộp ước tính đối với khối lượng thân và tỷ lệ sống của hậu sữa từ 16 phép lai ở hai môi trường

	Khối lượng thân						Tỷ lệ sống					
	Long Sơn		Long Hòa		2 môi trường		Long Sơn		Long Hòa		2 môi trường	
	Est.	%	Est.	%	Est.	%	Est.	%	Est.	%	Est.	%
Trung bình	50,74		11,39		41,56		0,651		0,20		0,42	
Dòng thuần												
Q	-3,971	-7,826	-0,521	-4,575	-3,007	-7,234	-0,056*	-8,609	0,004*	2,194	-0,019*	-4,358
K	1,248*	2,459	0,316*	2,778	1,083	2,605	0,087	13,343	0,008*	3,872	0,024	5,536
V	6,733	13,269	1,091	9,581	5,417	13,035	0,046	7,058	0,014*	7,234	0,034	7,892
T	-4,010	-7,902	-0,886	-7,784	-3,493	-8,406	-0,077	-11,792	-0,026*	-13,300	-0,039	-9,070
Dòng lai												
QK	-1,362	-2,683	-0,102*	-0,899	-0,962	-2,315	0,015*	2,367	0,006*	3,033	0,003*	0,589
QV	1,381	2,722	0,285	2,503	1,205	2,900	-0,005*	-0,775	0,009*	4,714	0,008*	1,767
QT	-3,991	-7,864	-0,704	-6,180	-3,250	-7,820	-0,066	-10,201	-0,011*	-5,553	-0,029	-6,714
KV	3,991	7,864	0,704	6,180	3,250	7,820	0,066	10,201	0,011*	5,553	0,029	6,714
KT	-1,381	-2,722	-0,285	-2,503	-1,205	-2,900	0,005*	0,775	-0,009*	-4,714	-0,008*	-1,767
VT	1,362	2,683	0,102*	0,899	0,962	2,315	-0,015*	-2,367	-0,006*	-3,033	-0,003*	-0,589

Q: Quảng Ninh; K: Khánh Hòa, V: Bà Rịa – Vũng Tàu; T: Đà Loan; Est. (Estimate): giá trị ước tính; *: không có ý nghĩa thống kê ($P > 0,05$) và ngược lại ($P < 0,05$).

Việc phân tích đồng thời ảnh hưởng di truyền cộng gộp của cả hai tính trạng trên toàn bộ 16 phép lai cho thấy khối lượng thân là tính trạng chịu chi phối mạnh và ổn định hơn bởi di truyền cộng gộp, trong khi tỷ lệ sống chịu tác động đáng kể của tương tác kiểu gen và môi trường. Trên cơ sở đó, các phép lai có ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương và ổn định đối với khối lượng thân nhưng biến động đối với tỷ lệ sống, bao gồm các phép lai QV, VT, QK và KT, vẫn có giá trị trong chương trình chọn giống hướng tới sinh trưởng nhanh. Tuy nhiên, các phép lai này cần được đánh giá bổ sung trong nhiều điều kiện môi trường nuôi khác nhau trước khi đưa vào chọn lọc với cường độ cao, nhằm đảm bảo tính ổn định di truyền và hiệu quả ứng dụng trong thực tiễn sản xuất.

Kết quả nghiên cứu này cũng phù hợp với các công bố trước đây trên các loài thủy sản khác. Trên cá rô phi vằn, Bentsen et al. (1998) báo cáo có sự phân bố rõ rệt ảnh hưởng di truyền cộng gộp giữa các dòng, với 36/64 dòng biểu hiện ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương và 28/64 dòng biểu hiện ảnh hưởng di truyền cộng gộp âm. Tương tự, kết quả nghiên cứu của Thoa et al. (2016) cho thấy 2/4 dòng thuần và 3/4 dòng lai thể hiện ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương đối với cả khối lượng thân và tỷ lệ sống ở các môi trường khác nhau. Trên tôm càng xanh, Thanh et al. (2010) và Pillai et al. (2011) công bố 2/3 dòng thuần và 1/3 dòng lai biểu hiện ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương đối với các tính trạng sinh trưởng. Trên hàu sữa ở miền Bắc Việt Nam, In et al. (2017) cũng chỉ ra rằng 1/3 dòng thuần và 2/3 dòng lai có ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương cho khối lượng thân, tuy nhiên ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương cũng chỉ xuất hiện trong một số dòng lai nhất định, tác giả cũng nhấn mạnh sự phụ thuộc của ảnh hưởng di truyền cộng gộp vào sự tương tác di truyền giữa các dòng và bị tác động bởi các môi trường. Chen et al. (2021) báo cáo 3/6 dòng lai biểu hiện ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương cho khối lượng thân trên trai ngọc (*Pinctada fucata*). Các nghiên cứu trên cũng đều cho thấy ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương có thể mang lại cải thiện về khối lượng thân và tỷ lệ sống, nhưng không

phải tất cả các dòng lai đều thể hiện cải thiện đồng đều, do đó sự kết hợp giữa ảnh hưởng di truyền cộng gộp của dòng thuần và dòng lai rất quan trọng.

Các kết quả nghiên cứu phân tích ảnh hưởng di truyền cộng gộp cho thấy tiềm năng của các phép lai trong việc cải thiện khối lượng thân và tỷ lệ sống của hậu sữa. Dòng Bà Rịa – Vũng Tàu và Khánh Hòa thể hiện tiềm năng cải thiện khối lượng thân và tỷ lệ sống, đặc biệt là dòng Bà Rịa – Vũng Tàu với ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương cao và ổn định ở cả hai môi trường, là ứng viên nổi bật cho chọn lọc sinh trưởng nhanh. Dòng Khánh Hòa, tuy ảnh hưởng di truyền cộng gộp khối lượng thân thấp hơn, nhưng giá trị này lại cao nhất đối với tỷ lệ sống tại Long Sơn, phù hợp để cải thiện sức sống. Hai dòng Quảng Ninh và Đài Loan có ảnh hưởng di truyền cộng gộp âm ở cả hai tính trạng nhưng vẫn đóng vai trò quan trọng nhằm duy trì mức độ đa dạng di truyền cao (Mục 3.1.2.2, Trang 56) và có thể tạo ra tái tổ hợp di truyền có lợi trong chọn lọc dài hạn phục vụ chọn giống.

Vì vậy, việc lựa chọn phép lai tối ưu khi xây dựng quần đàn ban đầu G0 để đạt được mục tiêu chọn giống cần dựa trên kết quả ảnh hưởng di truyền cộng gộp của cả hai tính trạng khối lượng thân và tỷ lệ sống. Trong đó, các phép lai có ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương và ổn định từ các dòng thuần V, K và dòng lai như KV, VK, QV, VQ, VT, TV cần được ưu tiên chọn lựa nhằm tối đa hóa hiệu quả chọn lọc cho sinh trưởng nhanh. Đồng thời, sự cần thiết vẫn duy trì một tỉ lệ cá thể từ các dòng ảnh hưởng di truyền cộng gộp âm như Q và T và dòng lai từ hai dòng này như QK, KQ, KT và TK để bảo tồn đa dạng di truyền và tạo cơ hội xuất hiện tái tổ hợp có lợi trong các thế hệ sau. Cách tiếp cận này giúp quần đàn G0 vừa đạt mục tiêu cải thiện di truyền trong ngắn hạn vừa tạo nền tảng vững chắc cho hiệu quả sản xuất và chọn giống dài hạn cho nhiều môi trường khác nhau.

3.2.4.2. Ảnh hưởng con mẹ

Ảnh hưởng con mẹ (M) đối với hai tính trạng khối lượng thân và tỷ lệ sống có sự khác biệt đáng kể giữa các dòng thuần và dòng lai trong cả hai môi trường nuôi (Bảng 3.9). Trong số bốn dòng thuần, dòng Quảng Ninh và Đài Loan biểu hiện ảnh

hưởng con mẹ dương đối với khối lượng thân ở cả hai môi trường nuôi và cao nhất ở Long Sơn lần lượt là 3,472% và 1,815% ($P < 0,05$), cho thấy vai trò tích cực của cá thể mẹ trong cải thiện sinh trưởng. Ngược lại, dòng Khánh Hòa và Bà Rịa – Vũng Tàu biểu hiện ảnh hưởng con mẹ âm (-0,861 tới -3,592%), riêng dòng Khánh Hòa dương nhẹ (0,513%) ($P > 0,05$) ở Long Hòa. Điều này phù hợp với báo cáo trước đây trên cá rô phi vằn, trong đó ảnh hưởng con mẹ có thể thay đổi theo dòng và điều kiện môi trường, chỉ ra ảnh hưởng tiêu cực của dòng mẹ đến sự phát triển của thể hệ con (Bentsen et al., 1998; Thoa et al., 2016).

Ảnh hưởng con mẹ là khác biệt lên khối lượng thân và tỷ lệ sống. Kết quả cả hai môi trường thì dòng Khánh Hòa và Đài Loan biểu hiện ảnh hưởng con mẹ dương (5,476 tới 8,325%), tuy nhiên chỉ có dòng Khánh Hòa dương ở cả hai môi trường, trong khi dòng Đài Loan dương ở Long Sơn nhưng âm ở Long Hòa. Hai dòng Quảng Ninh và Bà Rịa – Vũng Tàu biểu hiện ảnh hưởng con mẹ âm ở kết quả tổng hợp hai môi trường, âm lớn nhất là ở tỷ lệ sống (-11,033%) của dòng Bà Rịa – Vũng Tàu, đặc biệt ở môi trường Long Sơn (-11,394%), phản ánh nguy cơ giảm tỷ lệ sống khi sử dụng dòng này làm mẹ. Đáng chú ý, dòng Quảng Ninh có ảnh hưởng con mẹ dương đối với khối lượng thân, lại âm đối với tỷ lệ sống và không đồng nhất giữa Long Sơn (âm) và Long Hòa (dương), cho thấy tính trạng này chịu ảnh hưởng phức tạp và không đồng nhất từ dòng mẹ.

Ở các dòng lai, sự biểu hiện của ảnh hưởng con mẹ cho thấy tính định hướng rõ rệt phụ thuộc vào sự kết hợp dòng thuần. Các dòng lai ở các phép lai xuôi ngược QK, KQ, QT, TQ và KT, TK được kết hợp giữa dòng Quảng Ninh hoặc Đài Loan với dòng Khánh Hòa, đều cho ảnh hưởng con mẹ dương ở cả hai tính trạng khối lượng thân và tỷ lệ sống, trong đó QT, TQ đạt giá trị cao nhất lần lượt là 2,644% và 1,354%. Ngược lại, phép lai KT, TK có biểu hiện ảnh hưởng con mẹ dương trung bình với khối lượng thân nhưng dương cao nhất đối với tỷ lệ sống (6,901%). Điều này khẳng định vai trò tích cực của dòng mẹ Quảng Ninh và Đài Loan trong việc cải thiện cả sinh trưởng và tỷ lệ sống khi phối với dòng có tiềm năng di truyền cộng gộp tốt như dòng Khánh Hòa.

Bảng 3.9. Ảnh hưởng con mẹ đối với khối lượng thân và tỷ lệ sống của hậu sữa từ 16 phép lai ở hai môi trường nuôi

	Khối lượng thân						Tỷ lệ sống					
	Long Sơn		Long Hòa		2 môi trường		Long Sơn		Long Hòa		2 môi trường	
	Est.	%	Est.	%	Est.	%	Est.	%	Est.	%	Est.	%
Trung bình	50,74		11,39		41,56		0,651		0,20		0,42	
Dòng thuần												
Q	1,762	3,472	0,175*	1,535	1,377	3,313	-0,024*	-3,739	0,003*	1,262	-0,012*	-2,768
K	-0,861*	-1,696*	0,058*	0,513	-0,683*	-1,644	0,053	8,078	0,013*	6,629	0,035	8,325
V	-1,823	-3,592	-0,354	-3,105	-1,399	-3,365	-0,074	-11,394	-0,014*	-7,124	-0,047	-11,033
T	0,921*	1,815*	0,12*	1,057	0,705*	1,696	0,046	7,056	-0,002*	-0,768	0,023	5,476
Dòng lai												
QK	0,451*	0,888*	0,117*	1,024	0,347*	0,835	0,014*	2,169	0,008*	3,946	0,012	2,778
QV	-0,03*	-0,06*	-0,089*	-0,785	-0,011*	-0,026	-0,049	-7,567	-0,006*	-2,931	-0,029	-6,901
QT	1,342	2,644	0,148*	1,296	1,041	2,504	0,011*	1,658	0*	0,247	0,006*	1,354
KV	-1,342	-2,644	-0,148*	-1,296	-1,041	-2,504	-0,011*	-1,658	0*	-0,247	-0,006*	-1,354
KT	0,030*	0,060*	0,089*	0,785	0,011*	0,026	0,049	7,567	0,006*	2,931	0,029	6,901
VT	-0,451*	-0,888*	-0,117*	-1,024	-0,347*	-0,835	-0,014*	-2,169	-0,008*	-3,946	-0,012	-2,778

Q: Quảng Ninh; K: Khánh Hòa, V: Bà Rịa – Vũng Tàu; T: Đà Loan; Est. (Estimate): giá trị ước tính; *: không có ý nghĩa thống kê ($P > 0,05$) và ngược lại ($P < 0,05$).

Các kết quả này cũng cho thấy việc lựa chọn dòng mẹ có ảnh hưởng con mẹ tích cực là yếu tố quan trọng trong thiết kế phép lai. Ngược lại, các phép lai sử dụng dòng Bà Rịa – Vũng Tàu như QV, QV và VT, TV đều có ảnh hưởng con mẹ âm đối với cả hai tính trạng, cho thấy dòng này không phải là lựa chọn tối ưu cho vai trò dòng mẹ trong chọn giống hầu sữa. Phép lai KV, VK (có ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương cao nhất) cũng đáng lưu ý khi thể hiện ảnh hưởng con mẹ âm lớn nhất (-2,504% đối với khối lượng thân và -1,354% đối với tỷ lệ sống) ở tất cả các môi trường, phản ánh sự kết hợp giữa hai dòng có ảnh hưởng con mẹ âm có thể làm suy giảm đáng kể hiệu quả sinh trưởng và tỷ lệ sống của thế hệ con.

Khi so sánh kết quả này với các loài thủy sản khác, xu hướng tương tự cũng được ghi nhận. Ví dụ, trên cá rô phi vằn (*O. niloticus*), Thoa et al. (2016) ghi nhận ảnh hưởng con mẹ dương chỉ xuất hiện ở một số dòng, trong khi phần lớn các dòng thể hiện ảnh hưởng con mẹ âm cho tỷ lệ sống. Trên trai ngọc (*Pinctada fucata*) ở Trung Quốc và hầu sữa miền Bắc (Việt Nam), ảnh hưởng con mẹ cũng cho thấy sự biến động lớn giữa các dòng và môi trường nuôi (Chen et al., 2021; In et al., 2017), điều này làm nổi bật vai trò của tương tác kiểu gen và môi trường trong đánh giá ảnh hưởng con mẹ.

Từ kết quả nghiên cứu ảnh hưởng di truyền cộng gộp và ảnh hưởng con mẹ cho thấy những mối quan hệ không đồng nhất. Dòng Khánh Hòa và Bà Rịa – Vũng Tàu có ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương cao đối với khối lượng thân nhưng ảnh hưởng con mẹ âm và ngược lại ở dòng Quảng Ninh và Đài Loan. Gjerdem (2005) đã chỉ ra rằng ảnh hưởng di truyền cộng gộp là yếu tố chủ đạo cho biểu hiện của tính trạng bền vững qua thế hệ, nhưng ảnh hưởng con mẹ bao gồm cả thành phần di truyền không cộng gộp như chất lượng trứng, năng lực sinh sản hoặc khả năng truyền dưỡng chất cũng đóng góp vào cải thiện chất lượng con giống. Do đó, ảnh hưởng con mẹ nên được xem là yếu tố hỗ trợ trong thiết kế phép lai, thay vì là

chỉ tiêu chọn lọc chính. Sự kết hợp giữa ảnh hưởng con mẹ tích cực và ảnh hưởng di truyền cộng gộp cao ở các dòng bố mẹ cho thấy tiềm năng cải thiện biểu hiện kiểu hình ở thế hệ lai, tuy nhiên mức độ đóng góp của thành phần di truyền không cộng gộp vẫn chưa rõ ràng. Do đó, việc phân tích ưu thế lai trong các phép lai này là cần thiết để làm rõ cơ chế di truyền chi phối hiệu quả lai tạo để có thể kế hoạch hiệu quả trong xây dựng quần đàn ban đầu G0 cho chương trình chọn giống

3.2.4.3. Ảnh hưởng ưu thế lai

Ưu thế lai (D) (Bảng 3.10) có tương quan trực tiếp với ảnh hưởng di truyền cộng gộp (Bảng 3.8), thể hiện qua sự thiếu đồng nhất giữa hai thành phần di truyền này. Trong đó các phép lai có ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương không đồng thời biểu hiện ưu thế lai dương, đặc biệt đối với tính trạng khối lượng thân. Điều này cho thấy di truyền cộng gộp và không cộng gộp đóng vai trò khác nhau và có thể không đồng thời đóng góp tích cực trong quần thể nghiên cứu, cần được ước tính tách biệt, ước tính rõ ràng trong quá trình triển khai chương trình chọn giống.

Ưu thế lai biểu hiện âm rõ rệt đối với khối lượng thân ở toàn bộ các dòng thuần và dòng lai và dương ở một số ít dòng đối với tỷ lệ sống khi ước tính riêng rẽ và gộp chung cho cả hai môi trường nuôi Long Sơn và Long Hòa (Bảng 3.10). Giá trị ưu thế lai đối với khối lượng thân dao động từ $-0,337$ đến $-11,477\%$ ở tất cả các dòng khảo sát. Đối với tỷ lệ sống, giá trị ưu thế lai chủ yếu mang giá trị âm ($-19,907$ đến $-1,414\%$) ở 3/4 dòng thuần và 4/6 dòng lai; chỉ ghi nhận giá trị dương ở 1/4 dòng thuần và 2/6 dòng lai, với biên độ từ $1,092$ đến $21,128\%$. Các kết quả này phản ánh mức ưu thế lai thấp, không ổn định và thiếu nhất quán giữa các phép lai, cho thấy hiệu quả lai tạo ngắn hạn đối với sinh trưởng và khả năng sống sót của thế hệ con lai F1 là hạn chế trong điều kiện nghiên cứu.

Bảng 3.10. Ảnh hưởng ưu thế lai đối với khối lượng thân và tỷ lệ sống của hậu sữa từ 16 phép lai ở hai môi trường nuôi

	Khối lượng thân						Tỷ lệ sống					
	Long Sơn		Long Hòa		2 môi trường		Long Sơn		Long Hòa		2 môi trường	
	Est.	%	Est.	%	Est.	%	Est.	%	Est.	%	Est.	%
Trung bình	50,74	-	11,39	-	41,56	-	0,651	-	0,20	-	0,42	-
Dòng thuần							0					
Q	-1,860	-3,666	-0,162*	-1,425	-1,231*	-2,963	0,044*	6,806	0,028*	14,06	0,018*	4,123
K	-4,420	-8,709	-0,707	-6,208	-3,299	-7,937	-0,015	-2,318	0,012	5,938	-0,022	-5,157
V	-6,320	-12,454	-0,920	-8,078	-4,770	-11,477	-0,079	-12,138	-0,008	-4,228	-0,066	-15,602
T	-2,002*	-3,945	-0,038*	-0,337	-1,149*	-2,764	0,007*	1,092	0,020*	10,264	-0,015*	-3,494
Dòng lai												
QK	-5,323	-10,489	-0,957	-8,406	-4,029	-9,693	0,072	11,038	0,042	21,128	0,036	8,363
QV	-2,821	-5,560	-0,182*	-1,598	-1,921	-4,623	0,017	2,602	0,012*	6,153	-0,009*	-2,120
QT	-1,408*	-2,776	0,132*	1,155	-0,751*	-1,807	0,03*	4,684	0,034*	17,091	0,008*	1,767
KV	-3,743	-7,376	-0,601	-5,273	-2,783	-6,697	-0,096	-14,711	-0,011	-5,722	-0,072	-16,886
KT	-2,946	-5,805	-0,247*	-2,166	-2,001	-4,815	0,024	3,614	0,012*	6,280	-0,006*	-1,414
VT	-5,661	-11,156	-0,886	-7,783	-4,187	-10,076	-0,111	-17,065	-0,012	-5,880	-0,084	-19,907

Q: Quảng Ninh; K: Khánh Hòa, V: Bà Rịa – Vũng Tàu; T: Đà Loan; Est. (Estimate): giá trị ước tính; *: không có ý nghĩa thống kê ($P > 0,05$) và ngược lại ($P < 0,05$).

So sánh với các nghiên cứu trước đây cho thấy giá trị ưu thế lai trong nghiên cứu này thấp hơn rõ rệt so với nhiều loài thủy sản khác. Trên bào ngư *Haliotis discus hannai*, Deng et al. (2010) ghi nhận ưu thế lai khối lượng thân dao động rộng từ -1,7 đến 44,8%, trong đó phần lớn các phép lai biểu hiện ưu thế lai dương. Trong nghiên cứu trên hàu sữa tại miền Bắc Việt Nam, In et al. (2017) cũng báo cáo ưu thế lai khối lượng thân chủ yếu mang giá trị dương (3,03–8,60%), trong khi các giá trị âm chỉ xuất hiện ở một số ít phép lai và với biên độ nhỏ. Ở cá rô phi vằn (*Oreochromis niloticus*), Bentsen et al. (1998) cho thấy đa số các dòng lai có ưu thế lai dương với giá trị trung bình khoảng 0–10%. Tuy nhiên, một số nghiên cứu cũng ghi nhận sự biến động lớn và tồn tại ưu thế lai âm, như trên cá rô phi (Thoa et al., 2016) hoặc cá rô hu (*Labeo rohita*) (Gjerde et al., 2002). Đối với tôm càng xanh (*Macrobrachium rosenbergii*), các nghiên cứu của Thanh et al. (2010) và Pillai et al. (2021) cho thấy ưu thế lai chỉ ở mức thấp đến trung bình (3–9%) và thấp hơn so với ảnh hưởng di truyền cộng gộp.

So với các nghiên cứu đã công bố, ưu thế lai quan sát được trong nghiên cứu này không chỉ thấp về mặt giá trị tuyệt đối mà còn thiếu tính ổn định giữa các phép lai, đặc biệt đối với tính trạng khối lượng thân. Cụ thể, ưu thế lai âm được ghi nhận đồng loạt ở cả sáu cặp phép lai xuôi – ngược đối với khối lượng thân, cho thấy hiện tượng dị hợp tử vượt trội không đóng vai trò đáng kể trong việc cải thiện sinh trưởng của hàu sữa trong điều kiện nghiên cứu. Đáng chú ý, nhiều phép lai trong số này vẫn thể hiện ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương, phản ánh rằng tiềm năng sinh trưởng chủ yếu được quyết định bởi giá trị di truyền cộng gộp của các dòng bố mẹ, thay vì bởi các hiệu ứng di truyền không cộng gộp phát sinh ở thế hệ lai.

Kết quả này cho thấy sinh trưởng của hàu sữa chịu chi phối chủ yếu bởi các alen có tác động cộng gộp, vốn có thể được tích lũy và duy trì ổn định qua các thế hệ thông qua chọn lọc, trong khi ảnh hưởng tính trội ưu thế lai không ổn định và không lặp lại giữa các phép lai. Do đó, việc sử dụng ưu thế lai làm tiêu chí chính để lựa chọn các phép lai ưu tiên trong sản xuất hoặc làm cơ sở cho chiến lược chọn giống dài hạn là

không phù hợp. Thay vào đó, các chương trình chọn giống hầu sữa nên tập trung vào việc khai thác và tích lũy giá trị di truyền cộng gộp thông qua chọn lọc gia đình hoặc chọn lọc kết hợp, nhằm đạt được cải thiện sinh trưởng bền vững và có khả năng dự báo cao trong các thế hệ tiếp theo.

Một nguyên nhân quan trọng có thể xuất phát từ đặc điểm di truyền nội tại của vật liệu bố mẹ, trong đó các dòng có mức độ phân hóa di truyền thấp và nguồn gốc địa lý tương đối gần, làm hạn chế khả năng biểu hiện dị hợp tử vượt trội. Bên cạnh đó, điều kiện sinh thái nhiệt đới gió mùa của Nam Bộ nhiều khả năng đóng vai trò quyết định trong việc làm suy giảm và không ổn định biểu hiện ưu thế lai. Hầu sữa tại khu vực này phải đối mặt với nhiệt độ nước cao quanh năm, biên độ dao động nhiệt và độ mặn lớn theo mùa, nguồn thực vật phù du biến động mạnh, cùng với áp lực sinh học cao từ địch hại và mầm bệnh. Các yếu tố này có thể làm gia tăng các yếu tố bất lợi của môi trường, qua đó làm suy giảm biểu hiện của các ảnh hưởng di truyền không cộng gộp. Các biểu hiện ưu thế lai này phù hợp với các nhận định của Falconer & Mackay (1996) và Gjedrem (2005), theo đó ưu thế lai thường biểu hiện rõ hơn trong các hệ thống có mức phân hóa di truyền cao và môi trường ổn định, trong khi ở các điều kiện môi trường biến động mạnh, ảnh hưởng di truyền cộng gộp có xu hướng chi phối biểu hiện kiểu hình. Do đó, việc ghi nhận ưu thế lai thấp và không ổn định trong nghiên cứu này không chỉ phản ánh đặc điểm di truyền của quần thể bố mẹ, mà còn cho thấy sự khác biệt mang tính hệ thống giữa điều kiện sinh thái nhiệt đới Nam Bộ và các vùng ôn đới, cận nhiệt đới, nơi ưu thế lai thường được báo cáo rõ ràng hơn.

Từ 16 phép lai được đánh giá, trái ngược với kết quả ảnh hưởng di truyền cộng gộp ổn định ở một nhóm dòng thuần và dòng lai, không tồn tại một nhóm phép lai có ưu thế lai ổn định cho cả sinh trưởng và tỷ lệ sống cho mục đích sản xuất thương mại. Điều này khẳng định rằng chiến lược phát triển hầu sữa tại điều kiện nhiệt đới Nam Bộ không nên theo hướng sản xuất dựa trên con lai F1, mà cần tập trung vào chọn

lọc trong quần đàn nền dựa trên di truyền cộng gộp, nhằm đảm bảo hiệu quả di truyền bền vững qua nhiều thế hệ.

Tổng hợp các kết quả trên cho thấy, trong điều kiện tại vùng nhiệt đới gió mùa Nam Bộ, ưu thế lai không phải là cơ chế di truyền chủ đạo đối với sinh trưởng và tỷ lệ sống của hàu sữa. Ngược lại, chiến lược chọn giống dựa trên khai thác ảnh hưởng di truyền cộng gộp thông qua chọn lọc gia đình và cá thể được xem là hướng tiếp cận phù hợp và bền vững hơn, so với việc kỳ vọng vào ưu thế lai, một cơ chế có biểu hiện không ổn định và dễ bị suy giảm bởi biến động môi trường. Do đó, từ các phân tích mối liên hệ giữa ảnh hưởng di truyền cộng gộp, ưu thế lai và ảnh hưởng con mẹ giúp nghiên cứu không chỉ mang ý nghĩa giải thích số liệu, mà còn là cơ sở khoa học trực tiếp để thiết kế phương án chọn lọc quần đàn ban đầu G0 và định hình chiến lược chọn lọc dài hạn ưu tiên chọn lọc dòng và gia đình dựa trên ảnh hưởng di truyền cộng gộp thay vì khai thác ưu thế lai ngắn hạn trong điều kiện nhiệt đới gió mùa Nam Bộ.

3.2.5. Chọn lọc quần đàn ban đầu hàu sữa G0

Từ các kết quả nghiên cứu và thảo luận, quần đàn ban đầu G0 được xây dựng dựa trên tổng hợp ảnh hưởng di truyền cộng gộp của các dòng thuần và dòng lai, kết hợp với thông tin đa dạng và cấu trúc di truyền của vật liệu ban đầu. Phương án chọn lọc hướng tới ba mục tiêu chính: (i) cải thiện khối lượng thân và duy trì tỷ lệ sống ổn định, (ii) duy trì đa dạng di truyền dài hạn và (iii) giảm thiểu nguy cơ cận huyết và thất cổ chai di truyền, phù hợp với các khuyến nghị trong các chương trình chọn giống nhuyễn thể (Bentsen et al., 1998; Evans & Langdon, 2006; Dégremont et al., 2007; Thoa et al., 2016).

Trong bốn dòng thuần, dòng Bà Rịa – Vũng Tàu được xác định là dòng trụ cột nhờ ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương cao nhất cho cả hai tính trạng chính, với giá trị 13,3% đối với khối lượng thân và 7,9% đối với tỷ lệ sống, nhất quán trong tất cả các phép lai và ở cả hai môi trường nuôi. Đồng thời, dòng này sở hữu nguồn alen phong phú nhất ($P_a = 17$), cho thấy tiềm năng lớn trong cải thiện sinh trưởng. Mặc dù có dấu hiệu thiếu hụt dị hợp tử và hệ số cận huyết tương đối cao ($F_{is} = 0,30$), ưu thế vượt trội về ảnh hưởng di truyền cộng gộp khiến dòng Bà Rịa – Vũng Tàu được ưu

tiên tỷ lệ đóng góp cao nhất (35%) trong quần đàn G0 nhằm đáp ứng mục tiêu trọng tâm là tăng trưởng nhanh trong điều kiện nhiệt đới gió mùa Nam Bộ.

Dòng Khánh Hòa thể hiện ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương và ổn định cho cả khối lượng thân (2,6%) và tỷ lệ sống (5,5%), đồng thời có hệ số cận huyết thấp nhất trong bốn dòng ($F_{is} = 0,04$) và mức dị hợp tử quan sát và kỳ vọng cân bằng. Cấu trúc di truyền ổn định và sự khác biệt di truyền rõ rệt với các dòng khác giúp dòng này đóng vai trò nền tảng di truyền vững chắc cho chương trình chọn giống. Do đó, dòng Khánh Hòa được duy trì tỷ lệ đóng góp 30% trong quần đàn G0.

Dòng Đài Loan có ảnh hưởng di truyền cộng gộp âm đối với cả khối lượng thân (-8,4%) và tỷ lệ sống (-9,1%), nhưng lại có mức phân hóa di truyền cao hơn so với các dòng khác ($F_{st} = 0,068-0,093$) và hệ số cận huyết thấp. Với nguồn gốc nhập nội từ vùng cận nhiệt đới, dòng này mang đặc điểm di truyền khác biệt, có giá trị trong việc bổ sung biến dị di truyền và duy trì tính phong phú alen trong dài hạn. Vì vậy, dòng Đài Loan được đề xuất duy trì tỷ lệ đóng góp trung bình (20%) trong G0.

Dòng Quảng Ninh có ảnh hưởng di truyền cộng gộp âm cho sinh trưởng (-7,2%) và tỷ lệ sống (-4,4%), nhưng lại thể hiện ảnh hưởng con mẹ dương cao nhất đối với khối lượng thân (~3,5%) và mức đa dạng di truyền tương đối tốt. Dòng này có dấu hiệu pha trộn di truyền với các dòng còn lại, đóng vai trò như một cầu nối di truyền, góp phần hạn chế phân mảnh quần đàn. Do đó, dòng Quảng Ninh được duy trì tỷ lệ đóng góp thấp nhất (15%), vừa bổ sung alen đa dạng vừa tận dụng ảnh hưởng con mẹ có lợi.

Bên cạnh các dòng thuần, một số dòng lai khác dòng được ưu tiên bổ sung vào quần đàn G0 dựa trên ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương và biểu hiện vượt trội về khối lượng thân và/hoặc tỷ lệ sống. Đặc biệt, các phép lai giữa Khánh Hòa × Bà Rịa – Vũng Tàu (KV/VK) và Quảng Ninh × Bà Rịa – Vũng Tàu (QV/VQ) cho thấy ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương cao và ổn định trong cả hai môi trường nuôi, được lựa chọn với số lượng cá thể lớn. Một số phép lai khác, dù chỉ cải thiện một tính trạng (sinh trưởng hoặc tỷ lệ sống), vẫn được giữ lại nhằm cân bằng hiệu suất sản xuất và

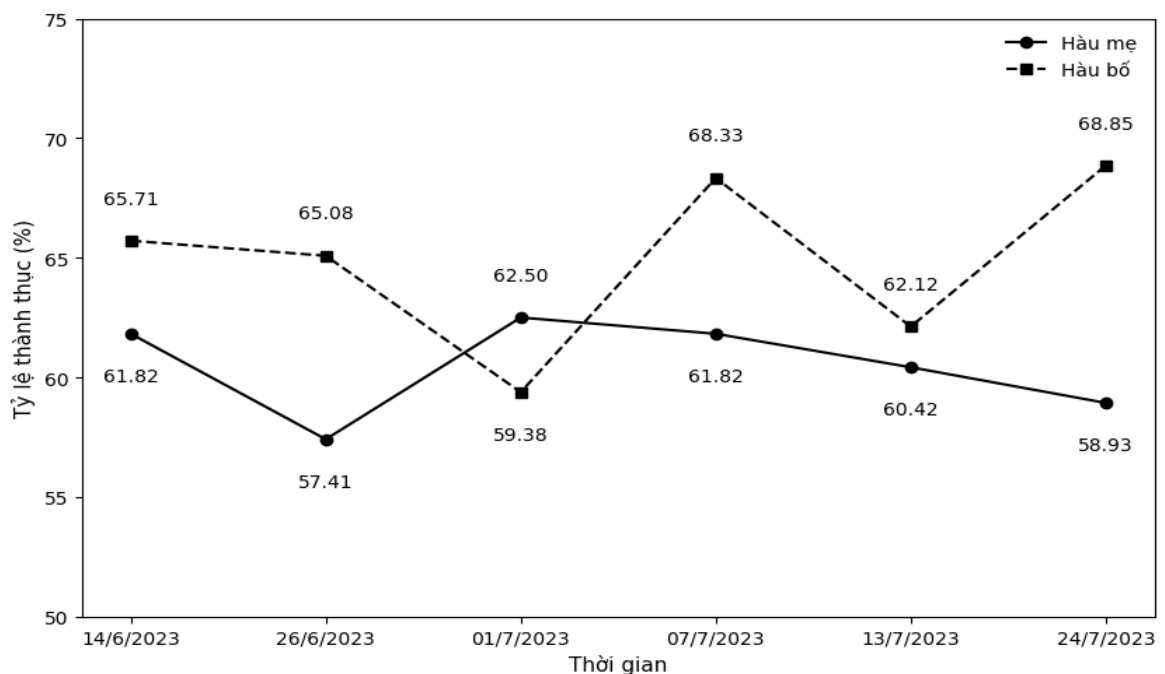
duy trì biến dị di truyền, trong khi các phép lai có ảnh hưởng di truyền cộng gộp âm rõ rệt cho cả hai tính trạng chính không được đưa vào G0.

Tổng hợp lại, quần đàn ban đầu G0 được thành lập từ 1.000 cá thể có khối lượng thân cao nhất, bao gồm bốn dòng thuần và các dòng lai được chọn lọc, với tỷ lệ đóng góp lần lượt là 35% Bà Rịa – Vũng Tàu, 30% Khánh Hòa, 20% Đài Loan và 15% Quảng Ninh từ tất cả các phép phối nội dòng và phép lai khác dòng được chọn lựa. Cấu trúc này cho phép khai thác tối đa ảnh hưởng di truyền cộng gộp của các dòng ưu tú, đồng thời bảo tồn và cân bằng đa dạng di truyền, tạo nền tảng vững chắc và bền vững cho phối ghép các gia đình chọn giống thế hệ G1.

3.3. Khả năng di truyền và biểu hiện sinh trưởng hầu sữa chọn giống thế hệ G1

3.3.1. Khả năng thành thực và sinh sản hầu sữa bố mẹ thế hệ G0

Tổng cộng 124 cá thể hầu bố mẹ G0 (44 con đực và 80 con cái) được ghép phối thành công, tạo ra 80 gia đình full-sib và half-sib G1 và nuôi đến kích cỡ đủ điều kiện đánh dấu. Khối lượng thân và kích thước vỏ của hầu bố mẹ G0 đạt tiêu chuẩn làm bố mẹ cho chọn giống G1, cho thấy các cá thể này đáp ứng đầy đủ tiêu chuẩn hình thái sử dụng làm hầu bố mẹ trong sản xuất giống.



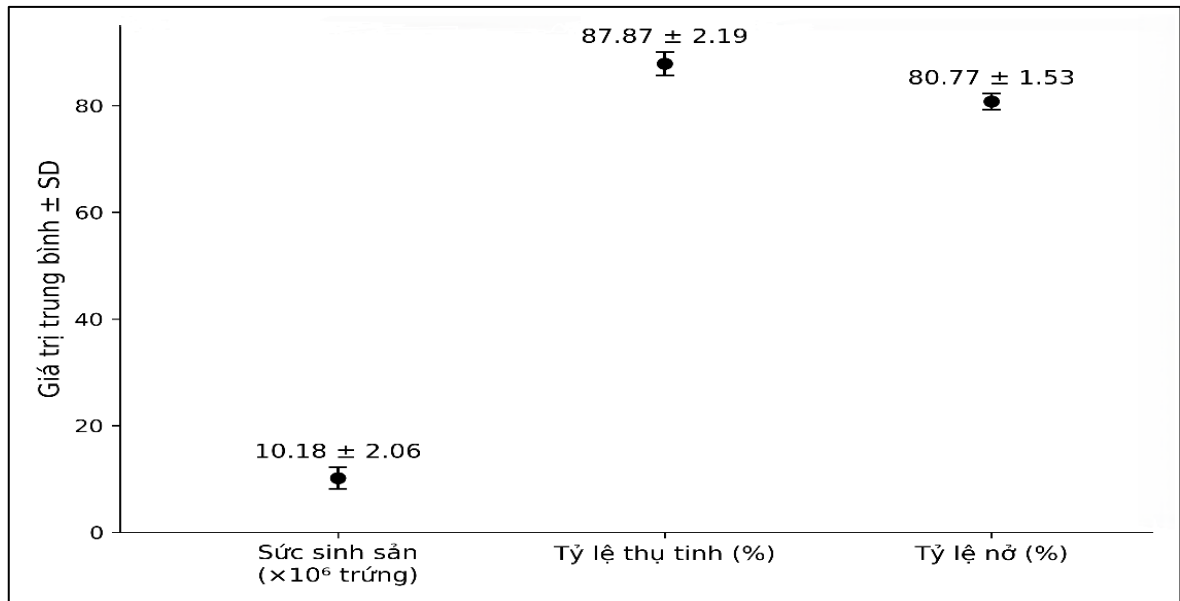
Hình 3.12. Tỷ lệ thành thực của hầu sữa bố mẹ G0

Tỷ lệ thành thực sinh dục của hầu bố mẹ G0 sau giai đoạn nuôi vỗ đạt từ 57,41–62,50% ở hầu cái và 59,38–68,85% ở hầu đực (Hình 3.12). Các giá trị này tương đồng với kết quả trước đó ghi nhận trên hầu bố mẹ vật liệu ban đầu (VLBD) sử dụng cho sản xuất thế hệ G0, với tỷ lệ thành thực đạt khoảng 60–70% (Mục 3.2.1.1, Trang 65 ở trên). Kết quả này cũng phù hợp với các nghiên cứu trước đây trên hầu sữa nuôi vỗ trong điều kiện nhân tạo tại Bồ Đào Nha (55–72%) (Massapina et al., 1999; Anjos et al., 2017). Điều này cho thấy quy trình nuôi vỗ áp dụng trong nghiên cứu này đảm bảo được điều kiện dinh dưỡng và môi trường phù hợp để kích thích sự phát triển tuyến sinh dục và đạt được tỷ lệ thành thực ổn định, tương đương với các nghiên cứu quốc tế.

Về khả năng sinh sản hầu bố mẹ G0 (Hình 3.13), hầu cái có sức sinh sản đạt $10,18 \pm 2,06$ triệu trứng/con, tương đương với sức sinh sản đã được ghi nhận trước đó trên hầu bố mẹ các dòng vật liệu ban đầu (Mục 3.2.1.2, Trang 67 của Nội dung 1 ở trên) và phù hợp với các nghiên cứu về đặc điểm sinh sản của hầu sữa nuôi vỗ trong điều kiện nhân tạo ở các nước châu Âu. Massapina et al. (1999) báo cáo sức sinh sản của hầu cái dao động từ 8–12 triệu trứng/con, trong khi Anjos et al. (2017) ghi nhận giá trị trung bình 9,5–11,8 triệu trứng/con. Ngoài ra, kết quả này cao hơn đáng kể so với nghiên cứu của Huvet et al. (2002) trên hầu *C. gigas* nuôi tại Pháp, nơi sức sinh sản trung bình chỉ đạt khoảng $7,2 \pm 1,5$ triệu trứng/con, có thể do sự khác biệt về loài, điều kiện môi trường nuôi vỗ và chế độ dinh dưỡng.

Tỷ lệ thụ tinh ($87,87 \pm 2,19\%$) và tỷ lệ nở ($80,77 \pm 1,53\%$) cao và ổn định ở hầu bố mẹ G0 phản ánh chất lượng giao tử tốt và hiệu quả của quy trình nuôi vỗ và quản lý sinh sản trong chương trình chọn giống. Việc các chỉ tiêu này tương đồng với hầu bố mẹ vật liệu ban đầu cho thấy quá trình chọn lọc và hình thành quần đàn G0 không làm suy giảm khả năng sinh sản, một yếu tố then chốt đối với tính bền vững của chương trình chọn giống dài hạn. So sánh với các nghiên cứu trước đây, tỷ lệ thụ tinh và tỷ lệ nở ghi nhận trong nghiên cứu này nằm ở ngưỡng cao của phổ giá trị đã được báo cáo cho hầu sữa và các loài hầu liên quan. Massapina et al. (1999) và Anjos et al. (2017) ghi nhận tỷ lệ thụ tinh đạt 85–90% và tỷ lệ nở 75–84% ở hầu sữa tại Bồ Đào Nha. Các giá trị này cũng cao hơn so với tỷ lệ nở 70–75% ghi nhận ở hầu TBD

tại Pháp (Huvet et al., 2002). Sự tương đồng và vượt trội này cho thấy khả năng sinh sản của hàu G0 được duy trì tốt ngay cả khi tập trung chọn lọc theo hướng cải thiện sinh trưởng và tỷ lệ sống, qua đó hạn chế nguy cơ đánh đổi bất lợi giữa các tính trạng sinh trưởng và sinh sản.



Hình 3.13. Khả năng sinh sản của hàu sữa bố mẹ G0

Các kết quả này cho thấy không có dấu hiệu suy giảm sức sinh sản do cận huyết ở giai đoạn G0, nhiều khả năng nhờ chiến lược xây dựng quần đàn ban đầu dựa trên đa dòng, đa nguồn gốc và tỷ lệ đóng góp cân bằng, phù hợp với các khuyến nghị trong chọn giống nhuyễn thể. Tỷ lệ nở cao còn phản ánh khả năng phát triển phôi tốt và sự phù hợp của quy trình kỹ thuật với điều kiện nuôi vỗ và ấp nở của hàu sữa trong môi trường nhiệt đới gió mùa Nam Bộ.

3.3.2. Sinh trưởng và tỷ lệ sống các gia đình hàu sữa thế hệ G1 ở hai môi trường nuôi

3.3.2.1. Đánh giá chất lượng nước và hàm lượng thực vật phù du

Kết quả các chỉ tiêu chất lượng nước và thành phần thực vật phù du tại hai địa điểm nuôi cho thấy sự phù hợp cho hàu sữa sinh trưởng và phát triển (Bảng 3.11). Nhiệt độ nước tại cả hai địa điểm Long Sơn và Long Hòa đều ổn định và tương đương nhau (29,27–29,47°C), trong khoảng thích hợp cho sinh trưởng của hàu. Tại Long Sơn, độ mặn cao và ổn định hơn (31,6‰; CV = 3,93% so với 25,67‰); pH trung

bình cao hơn và ít biến động hơn (7,98 so với 7,67) và hàm lượng oxy hòa tan (DO) cũng cao hơn (6,31 ppm so với 5,46 ppm) so với ở Long Hòa. Hàm lượng NH_4/NH_3 và NO_2^- đều không phát hiện ở cả hai địa điểm.

Bảng 3.11. Chất lượng nước tại hai môi trường nuôi đánh giá sinh trưởng hầu sữa G1

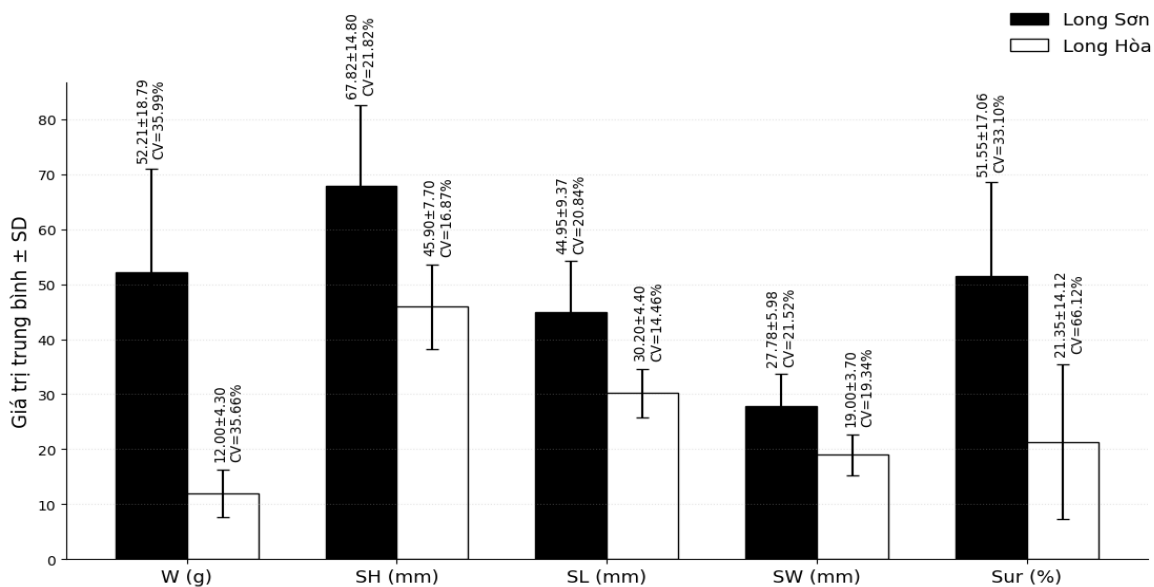
Chỉ tiêu	Long Sơn		Long Hòa	
	TB $\pm$ SD	CV	TB $\pm$ SD	CV
Nhiệt độ ($^{\circ}\text{C}$)	29,47 $\pm$ 0,67 ^b	2,26	29,27 $\pm$ 0,59 ^b	2,03
Độ mặn (‰)	31,60 $\pm$ 1,24 ^a	3,93	25,67 $\pm$ 1,18 ^b	4,58
pH	7,98 $\pm$ 0,08 ^b	0,97	7,67 $\pm$ 0,18 ^b	2,33
DO (ppm)	6,31 $\pm$ 0,11 ^a	1,74	5,46 $\pm$ 0,33 ^b	5,99
NH_4/NH_3	--	-	--	-
NO_2^-	--	-	--	-
TSS (mg/L)	31,26 $\pm$ 20,02 ^b	64,06	40,35 $\pm$ 34,76 ^a	86,14
<i>Chlorophyll a</i> ($\mu\text{g/L}$)	16,93 $\pm$ 9,62 ^b	56,85	11,22 $\pm$ 9,64 ^b	85,94
Thành phần tảo (loài)	10,64 $\pm$ 3,14 ^b	29,51	10,36 $\pm$ 3,29 ^b	31,79
Mật độ tảo (tb/L)	1.377,27 $\pm$ 2,549,55 ^a	185,12	1.886,36 $\pm$ 4.955,73 ^a	262,71

TB: Trung bình; SD: độ lệch chuẩn; CV: hệ số biến thiên (%); tb/L: tế bào/Lít; -: không phát hiện, các giá trị trong cùng 1 hàng chứa chữ cái khác nhau là khác biệt có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$).

Thành phần thực vật phù du được xác định khác biệt giữa hai vùng. Tại Long Sơn, giá trị trung bình tổng chất rắn lơ lửng (TSS = 31,26 mg/L, CV = 64,06%) và mật độ tảo (1.377,27 tb/L, CV = 185,12%) thấp hơn, nhưng ổn định hơn ở Long Hòa (TSS = 40,35 mg/L, CV = 86,14%; mật độ tảo = 1.886,36 tb/L, CV = 262,71%). Hàm lượng *Chlorophyll a* ở Long Sơn (16,93 $\mu\text{g/L}$, CV = 56,85%) lại cao hơn và cũng ổn định hơn so với Long Hòa (11,22 $\mu\text{g/L}$, CV = 85,94%). Số loài tảo trung bình tương đương nhau ở cả hai địa điểm (10,64 và 10,36 loài). Mật độ tảo tại Long Hòa cao hơn nhưng hàm lượng *Chlorophyll a* lại thấp hơn, nhiều khả năng do kích thước tế bào tảo tại Long Sơn lớn hơn so với Long Hòa, dẫn đến hàm lượng diệp lục tố trên đơn vị sinh khối cao hơn.

3.3.2.2. Sinh trưởng và tỷ lệ sống các gia đình hàu sữa thể hệ G1

Sinh trưởng và tỷ lệ sống của các gia đình hàu sữa thể hệ G1 sau 183 ngày nuôi cho thấy sự khác biệt rõ rệt giữa hai môi trường nuôi Long Sơn và Long Hòa (Hình 3.14). Tại Long Sơn, tổng số hàu thu hoạch đạt 4.124 cá thể với tỷ lệ sống trung bình 51,55%, trong khi tại Long Hòa chỉ thu được 1.708 cá thể với tỷ lệ sống rất thấp, chỉ đạt 21,35%. Sự chênh lệch này phản ánh rõ rệt sự khác biệt về điều kiện môi trường và khả năng thích nghi của hàu sữa với từng địa điểm nuôi. Hệ số biến thiên (CV) của tỷ lệ sống tại Long Hòa đạt 66,12%, cao hơn đáng kể so với Long Sơn, cho thấy sự biến động lớn giữa các gia đình và nhấn mạnh tính bất ổn định của môi trường tại Long Hòa.



Hình 3.14. Sinh trưởng và tỷ lệ sống của 80 gia đình hàu sữa G1 khi thu hoạch ở hai môi trường nuôi. Các giá trị được trình bày là trung bình ± sai số chuẩn; CV (%): hệ số biến thiên; W/SH/SL/SW/Sur: khối lượng thân/chiều cao/dài/rộng vỏ/tỷ lệ sống lúc thu hoạch.

Khối lượng thân trung bình của hàu tại Long Hòa đạt 12,0 g/con, thấp hơn gần 4,4 lần so với Long Sơn (52,21 g/con). Các chỉ tiêu kích thước vỏ bao gồm chiều cao vỏ, chiều dài vỏ và chiều rộng vỏ tại Long Hòa (45,9 mm, 30,2 mm, 19,0 mm) đều thấp hơn đáng kể so với Long Sơn (67,8 mm, 44,9 mm, 27,8 mm). Hệ số biến thiên cho khối lượng thân tại cả hai môi trường duy trì ở mức phổ biến (35,66–35,99%), trong khi các tính trạng kích thước vỏ có CV dao động từ 14,46 - 21,82%, phản ánh

sự ổn định tương đối của các tính trạng hình thái so với khối lượng thân. Kết quả sinh trưởng tại Long Sơn tương đồng, trong khi Long Hòa thấp hơn nhiều so với nghiên cứu trên hàu sữa của Vu et al. (2021b) nuôi tại Vân Đồn và Cát Bà đạt khối lượng thân 48,14 - 69,41 g/con sau 270 ngày, tùy thuộc vào thể hệ chọn lọc và điều kiện môi trường.

Tương tự như khả năng sinh trưởng và tỷ lệ sống của 16 phép lai ở Mục 3.2.2.2, Trang 69 ở trên, sự khác biệt về sinh trưởng và tỷ lệ sống giữa hai địa điểm nuôi có mối liên hệ chặt chẽ với các yếu tố môi trường đặc thù. Mặc dù Long Hòa ghi nhận mật độ tảo trung bình cao hơn, nhưng mức độ biến động rất lớn ($CV = 262,71\%$) dẫn đến những giai đoạn quá dư thừa và thiếu hụt tảo nghiêm trọng trong thời gian nuôi. Điều này ảnh hưởng trực tiếp đến khả năng lọc thức ăn hằng ngày, sinh trưởng và tỷ lệ sống của hàu. Đặc biệt đối với loài hàu sữa vốn có nhu cầu dinh dưỡng cao để đạt tốc độ sinh trưởng nhanh và không phải là loài bản địa nên khả năng chịu đựng kém dưới các điều kiện bất lợi của môi trường Long Hòa. Ngược lại, Long Sơn có mật độ tảo trung bình thấp hơn nhưng hàm lượng *Chlorophyll a* cao hơn và ít biến động, phản ánh nguồn thức ăn tự nhiên dồi dào và ổn định hơn. Đây điều kiện thuận lợi cho hàu duy trì tốc độ lọc và hấp thu dinh dưỡng ổn định hàng ngày, dẫn đến sinh trưởng vượt trội và tỷ lệ sống cao hơn. Ngoài tác động từ nguồn thức ăn lên sinh trưởng và tỷ lệ sống của hàu sữa G1, các kết quả về tăng trưởng, tỷ lệ sống và hình thái vỏ giữa hai địa điểm nuôi cũng thể hiện xu hướng tương tự như ở quần đàn hàu giai đoạn đánh giá 16 phép lai (Mục 3.2.2.2, Trang 70). Sự nhất quán này khẳng định rằng các điều kiện sinh thái tại Long Hòa, đặc biệt là tốc độ dòng chảy mạnh đặc trưng vùng cửa sông rừng ngập mặn, đã gây ảnh hưởng rất lớn đến khả năng chống chịu và sự phát triển của hàu sữa.

Các kết quả này cho thấy Long Sơn là môi trường thích hợp để đánh giá tiềm năng sinh trưởng trong chương trình chọn giống nhờ điều kiện nuôi ổn định và nguồn thức ăn dồi dào. Ngược lại, Long Hòa có thể đóng vai trò là môi trường thử thách (stressful environment) nhằm sàng lọc những dòng có khả năng duy trì tỷ lệ sống cao trong điều kiện bất lợi. Cách tiếp cận này tương tự với chiến lược đánh giá đa môi

trường được áp dụng trong các chương trình chọn giống thủy sản nhằm phát hiện các kiểu gen có khả năng thích nghi rộng hoặc thích nghi đặc thù (Gjedrem, 2005; Dunham, 2023). Việc sử dụng Long Sơn và Long Hòa như hai môi trường đánh giá đối lập sẽ cung cấp cơ sở khoa học để xác định các dòng hầu có tiềm năng di truyền vượt trội, phục vụ xây dựng quần đàn chọn giống hầu sữa bền vững, đáp ứng yêu cầu về năng suất và khả năng chống chịu với các điều kiện môi trường biến động.

3.3.3. Các thông số di truyền ước tính các tính trạng của hầu sữa thể hệ chọn giống G1

3.3.3.1. Các phương sai thành phần và hệ số di truyền ước tính

Kết quả phân tích phương sai thành phần đối với tính trạng khối lượng thân và tỷ lệ sống của hầu sữa thể hệ G1 cho thấy sự khác biệt rõ rệt giữa hai môi trường nuôi Long Sơn và Long Hòa (Bảng 3.12). Tại môi trường Long Sơn, hệ số di truyền (h^2) cao cho khối lượng thân đạt $0,46 \pm 0,12$, phản ánh khả năng di truyền tốt của tính trạng này. Tương tự, hệ số di truyền cho tỷ lệ sống đạt mức trung bình ($0,276 \pm 0,092$), có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$). Điều này cho thấy, nếu tiến hành chọn lọc theo khối lượng thân thì có thể đạt được hiệu quả chọn lọc cao, trong khi chọn lọc theo tỷ lệ sống cũng hứa hẹn mang lại hiệu quả cải thiện di truyền ở mức trung bình cho quần thể chọn giống G1 tại môi trường này.

So sánh với các nghiên cứu trước, hệ số di truyền của khối lượng thân tại Long Sơn đạt mức tiệm cận và có xu hướng cao hơn so với các báo cáo trên hầu sữa trong chương trình chọn lọc tại miền Bắc Việt Nam (Vu et al., 2020a) cũng như trên hầu *C. gigas* tại Brazil và Trung Quốc (Gomes et al., 2018; Chi et al., 2023), nơi hệ số di truyền được ghi nhận dao động trong khoảng 0,24–0,71. Điều này cho thấy trong điều kiện sinh thái ven biển nhiệt đới Nam Bộ, đặc biệt tại Long Sơn, khu vực có độ mặn ổn định, nguồn thức ăn tự nhiên dồi dào và biên độ dao động môi trường thấp, tiềm năng biểu hiện và khai thác biến dị di truyền cộng gộp của tính trạng sinh trưởng vẫn được duy trì ở mức cao, tương đương hoặc tiệm cận các vùng nuôi ôn đới và cận nhiệt đới đã được nghiên cứu trước đây.

Bảng 3.12. Phương sai thành phần và hệ số di truyền các tính trạng khối lượng thân và tỷ lệ sống của hàu sữa thể hệ G1

Môi trường/ tính trạng	σ_A^2	σ_C^2	σ_E^2	σ_P^2	h^2	c^2
<i>Môi trường Long Sơn</i>						
W	143,98	3,58	166,14	313,69	0,46±0,12	0,011±0,040
Sur	0,072	0,007	0,183	0,261	0,276±0,092	0,026±0,035
<i>Môi trường Long Hòa</i>						
W	7,63	2,92	28,87	39,42	0,19±0,07	0,074±0,030
Sur	0,073	0,003	0,184	0,259	0,280±0,081	0,011±0,030

W: Khối lượng thân; Sur: tỷ lệ sống; σ_A^2 : phương sai di truyền cộng gộp; σ_C^2 : phương sai ảnh hưởng môi trường nuôi riêng rẽ; σ_E^2 : phương sai sai số ngẫu nhiên và σ_P^2 : phương sai kiểu hình; h^2 : hệ số di truyền; c^2 : ảnh hưởng môi trường nuôi riêng rẽ; giá trị trình bày cho h^2 và c^2 là trung bình $\pm$ sai số chuẩn

Tỷ trọng phương sai thành phần di truyền cộng gộp ở cả hai tính trạng chiếm ưu thế, lần lượt đạt 143,98 cho khối lượng và 0,072 cho tỷ lệ sống, trong khi ảnh hưởng môi trường riêng rẽ ở mức rất thấp (0,011) đối với cả hai tính trạng và khác 0 không có ý nghĩa thống kê ($P > 0,05$), phản ánh ảnh hưởng của môi trường ương riêng rẽ là không đáng kể tạo ra sự khác biệt giữa các gia đình tại Long Sơn. Kết quả này đặc biệt có ý nghĩa trong bối cảnh nuôi hàu tại vùng nhiệt đới, nơi các yếu tố môi trường thường được cho là chi phối mạnh biểu hiện kiểu hình; tuy nhiên, tại Long Sơn, điều kiện sinh thái tương đối ổn định đã giúp biểu hiện rõ ràng hơn phương sai di truyền của tính trạng sinh trưởng. Các kết quả này khẳng định rằng chương trình chọn giống ở Long Sơn có tiềm năng mang lại cải thiện di truyền cao đối với khối lượng thân và trung bình đối với tỷ lệ sống.

Ngược lại, tại môi trường Long Hòa, hệ số di truyền ở mức thấp cho khối lượng thân ($0,19 \pm 0,07$), thấp hơn so với ở Long Sơn và ở mức trung bình cho tỷ lệ sống ($0,280 \pm 0,081$) bằng với ở Long Sơn. Phương sai di truyền cộng gộp của khối lượng chỉ đạt 7,63, thấp hơn gần 20 lần và ảnh hưởng môi trường riêng rẽ của khối lượng thân ($0,074 \pm 0,030$) lại cao hơn so đáng kể với Long Sơn, nghĩa là khả năng di truyền của tính trạng khối lượng thân thấp đáng kể và ảnh hưởng môi trường đóng góp nhiều hơn vào tổng phương sai kiểu hình ở Long Hòa. Điều này chỉ ra rằng môi

trường Long Hòa làm gia tăng sự khác biệt do điều kiện nuôi, làm giảm hiệu quả chọn lọc.

Trong điều kiện sinh thái nhiệt đới gió mùa đặc trưng của Nam Bộ, khu vực Long Hòa chịu tác động đồng thời của biến động mạnh về độ mặn, dòng chảy cửa sông, chất lượng nước và áp lực địch hại, những yếu tố này làm gia tăng phương sai môi trường và làm suy giảm tỷ trọng phương sai di truyền cộng gộp trong tổng phương sai kiểu hình. Điều này giải thích vì sao hệ số di truyền của khối lượng thân tại Long Hòa thấp hơn đáng kể so với ở Long Sơn và các nghiên cứu trên hàu sữa và hàu TBD (0,25–0,71) trong điều kiện ôn đới hoặc cận nhiệt đới ổn định hơn (Vu et al., 2020a; Chi et al., 2023).

Đáng chú ý, tỷ lệ sống ở Long Hòa cũng rất thấp (21,35%) và hệ số biến thiên rất cao ($CV = 66,12\%$), chứng tỏ biến động môi trường ảnh hưởng mạnh mẽ đến khả năng sống sót và sinh trưởng hiệu quả ở môi trường bất lợi hơn. Trong bối cảnh nhiệt đới, tỷ lệ sống thường là tính trạng chịu tác động môi trường mạnh hơn so với sinh trưởng, đặc biệt tại các vùng cửa sông chịu dao động lớn, khác biệt rõ rệt so với các vùng nuôi ôn đới nơi nhiệt độ, độ mặn và nguồn thức ăn tương đối ổn định. Điều này nhấn mạnh rằng các giá trị h^2 trung bình của tỷ lệ sống ước tính được trong nghiên cứu này không chỉ phản ánh nền tảng di truyền của quần thể mà còn phản ánh mức độ ảnh hưởng mạnh của môi trường nuôi nhiệt đới tại Nam Bộ.

Tóm lại, kết quả phân tích cho thấy hệ số di truyền cao đối với khối lượng thân tại Long Sơn (0,46), thấp tại Long Hòa (0,19) và trung bình đối với tỷ lệ sống ở cả hai môi trường (0,28). Điều này cho thấy nếu chọn lọc tính trạng khối lượng thân được thực hiện tại Long Sơn, chương trình chọn giống có khả năng đạt hiệu quả di truyền cao hơn do phần lớn sự khác biệt kiểu hình xuất phát từ các yếu tố di truyền cộng gộp. Ngược lại, tại Long Hòa, hệ số di truyền cho khối lượng thân thấp, phản ánh tỷ trọng phương sai di truyền cộng gộp nhỏ và ảnh hưởng môi trường lớn. Giá trị khối lượng thân trung bình rất thấp tại thời điểm thu hoạch (chỉ khoảng 12 g) cho thấy môi trường nuôi tại Long Hòa chưa phù hợp để đánh giá chính xác tiềm năng di truyền của các gia đình hàu G1, đặc biệt trong điều kiện nhiệt đới có biến động môi

trường mạnh. Hơn nữa, giá trị khối lượng thân trung bình thấp tại thời điểm thu hoạch (chỉ khoảng 12 g), cho thấy môi trường nuôi tại Long Hòa chưa phù hợp để đánh giá chính xác tiềm năng di truyền của các gia đình hàu G1. Sự khác biệt rõ rệt về biểu hiện sinh trưởng và cấu trúc phươg sai di truyền giữa hai môi trường cho thấy tương tác kiểu gen $\times$ môi trường ($G \times E$) là yếu tố then chốt trong chương trình chọn giống hàu sữa tại Nam Bộ, khác biệt so với các nghiên cứu tại vùng ôn đới và cận nhiệt đới trước đây và có thể ảnh hưởng đến việc xếp hạng giá trị giống giữa các gia đình. Vấn đề này được phân tích và thảo luận chi tiết hơn tại mục 3.3.3.3, trang 105, làm cơ sở cho các thiết kế chương trình chọn giống phù hợp với điều kiện nhiệt đới gió mùa.

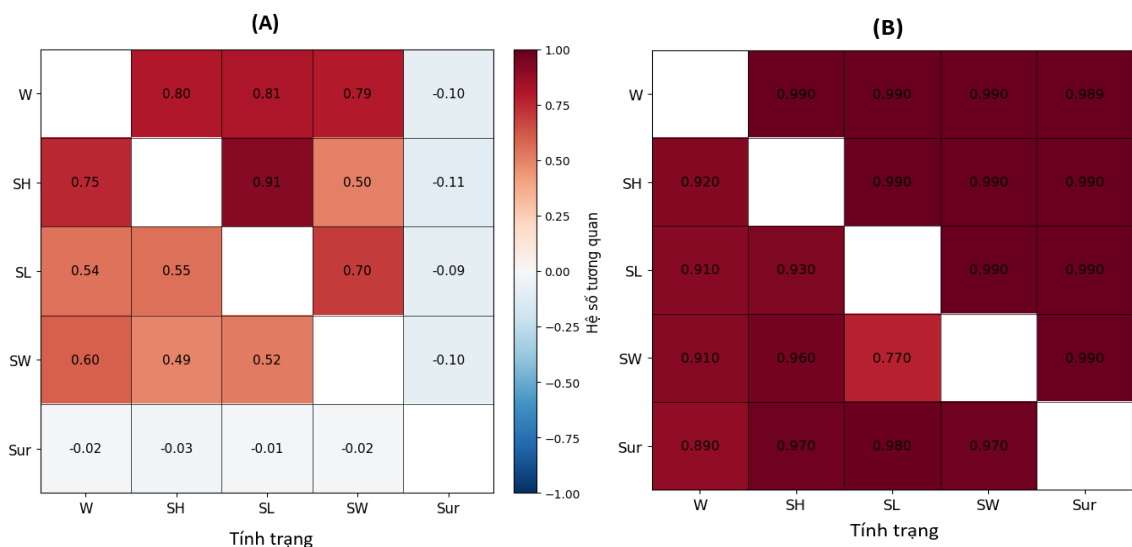
3.3.3.2. Tương quan di truyền

Kết quả phân tích tương quan di truyền (r_g) và tương quan kiểu hình (r_p) ở hai môi trường (Hình 3.15) cho thấy các tính trạng sinh trưởng bao gồm khối lượng thân (W), chiều cao vỏ (SH), chiều dài vỏ (SL) và chiều rộng vỏ (SW) tại môi trường Long Sơn đều có tương quan di truyền ở mức cao hơn so với tương quan kiểu hình. Điều này phù hợp với lý thuyết di truyền số lượng khi ảnh hưởng môi trường làm giảm giá trị tương quan kiểu hình so với tương quan di truyền thực tế (Falconer & Mackay, 1996). Tương quan di truyền thuận và cao giữa các tính trạng sinh trưởng, dao động trong khoảng từ 0,70 đến 0,91, ngoại trừ giữa chiều dài và chiều rộng vỏ ở mức trung bình (0,50, $P < 0,05$). Kết quả này cho thấy khi áp dụng chọn lọc đối với tính trạng khối lượng thân đồng thời cải thiện các tính trạng hình thái vỏ từ trung bình tới cao, đặc biệt là chiều cao và chiều dài vỏ.

Tương quan di truyền giữa các tính trạng sinh trưởng (0,80) tại Long Sơn là cao hơn nhiều nghiên cứu trước đây trên hàu sữa và tương đương trên hàu TBD. Vu et al. (2020a) báo cáo tương quan trong khoảng từ 0,23 đến 0,71 giữa các tính trạng sinh trưởng qua ba thế hệ chọn lọc thử nghiệm hàu sữa tại miền Bắc Việt Nam với quy mô 95–133 gia đình/thế hệ. Tương tự, Han et al. (2022) báo cáo tương quan di truyền là 0,67 giữa khối lượng thân và chiều cao vỏ ở 30 gia đình được ghép phối thứ bậc 1 đực $\times$ 3 cái thu từ tự nhiên sau 12 tháng nuôi tại vịnh Futou (Phúc Kiến, Trung Quốc). Chi et al. (2021) báo cáo tương quan di truyền rất cao (0,96) giữa chiều cao

và chiều dài vỏ trên 49 gia đình hàu *C. gigas* ở thế hệ G1 và trung bình tới cao (0,52–0,84) ở thế hệ G2 giữa các tính trạng sinh trưởng (Chi et al., 2023).

Ngược lại, các phân tích về tương quan di truyền giữa tỷ lệ sống với các tính trạng sinh trưởng ghi nhận xu hướng tương quan nghịch nhẹ, dao động từ $-0,11 \pm 0,13$ đến $-0,09 \pm 0,13$. Điều này cho thấy rằng việc lựa chọn theo hướng cải thiện tính trạng sinh trưởng có khả năng không gây ảnh hưởng tiêu cực đáng kể đến tỷ lệ sống hoặc tác động giảm nếu có, cũng ở mức không có ý nghĩa thống kê. Vì vậy, việc kết hợp chỉ tiêu chọn lọc bổ sung dựa trên giới hạn EBV trung bình quần đàn dương đối với tỷ lệ sống là phương án phù hợp nhằm tránh rủi ro suy giảm tỷ lệ sống trong các thế hệ kế tiếp. Hiện chưa có nghiên cứu cụ thể nào công bố tương quan di truyền giữa các tính trạng sinh trưởng và tỷ lệ sống trên hàu sữa, đặc biệt ở môi trường nhiệt đới để đối chiếu trực tiếp, tuy nhiên, mức tương quan tương tự là được quan sát trên hàu *C. gigas* ở điều kiện nuôi cận nhiệt đới. Chi et al. (2021) ghi nhận tương quan di truyền thuận và thấp (0,23–0,27) giữa chiều cao, chiều dài vỏ và tỷ lệ sống ở thế hệ G1. Đáng chú ý, tương quan di truyền nghịch nhẹ, với giá trị từ -0,31 đến -0,12 ở thế hệ G2 cùng quần đàn chọn giống này (Chi et al., 2023).



Hình 3.15. Tương quan di truyền (r_g) bên dưới đường chéo và tương quan kiểu hình (r_p) bên trên đường chéo của quần đàn hàu sữa G1 giữa các tính trạng ở môi trường Long Sơn (A) và Long Hòa (B) ($P < 0,05$). W/SH/SL/SW là khối lượng thân/chiều cao/dài/rộng vỏ; Sur: tỷ lệ sống

Tại môi trường Long Hòa, tương quan di truyền vẫn luôn cao hơn tương quan kiểu hình đối với từng cặp các tính trạng sinh trưởng và tỷ lệ sống, nhưng mức độ tương quan chặt chẽ hơn rất nhiều và khác biệt đáng kể so với ở môi trường Long Sơn. Đáng chú ý, tương quan di truyền giữa các tính trạng sinh trưởng tại Long Hòa ở mức rất cao, dao động từ 0,97 đến 0,99, với sai số chuẩn rất nhỏ ($SE = 0,001-0,002$), phản ánh mối liên hệ di truyền rất chặt chẽ giữa các chỉ tiêu kích thước vỏ và khối lượng thân khi nuôi trong điều kiện Long Hòa. Tương quan kiểu hình giữa các chỉ tiêu sinh trưởng cũng duy trì ở mức cao từ 0,91 đến 0,92, khẳng định rằng sự đồng biến giữa các tính trạng này không chỉ xuất phát từ di truyền mà còn chịu ảnh hưởng đáng kể của môi trường. Đặc biệt, tương quan di truyền giữa các tính trạng sinh trưởng với tỷ lệ sống tại Long Hòa có xu hướng cao gần như tuyệt đối (r_g và r_p đều từ 0,97 đến 0,99, tiệm cận 1,0). Điều này cho thấy ở môi trường Long Hòa, những cá thể có biểu hiện sinh trưởng tốt hơn đồng thời có tỷ lệ sống cao hơn, phản ánh tác động cùng chiều chặt chẽ giữa sinh trưởng và tỷ lệ sống khi môi trường bất lợi.

Tuy nhiên, khi so sánh giữa Long Sơn và Long Hòa có thể thấy sự trái ngược rõ rệt về xu hướng tương quan giữa tỷ lệ sống và các tính trạng sinh trưởng. Ở Long Sơn, tương quan giữa tỷ lệ sống với sinh trưởng là nghịch thấp và không có ý nghĩa thống kê, trong khi tại Long Hòa lại ghi nhận tương quan thuận cao gần như tuyệt đối. Sự đối lập này có thể được lý giải bởi ảnh hưởng mạnh của tương tác kiểu gen $\times$ môi trường ($G \times E$) đối với tỷ lệ sống giữa hai vùng nuôi. Điều này được củng cố thêm bởi giá trị tương quan di truyền giữa tỷ lệ sống ở hai môi trường rất thấp ($r_g = 0,10$; Hình 3.16), phản ánh sự khác biệt mạnh về biểu hiện di truyền của tỷ lệ sống tùy theo điều kiện môi trường. Sự sai khác về biểu hiện kiểu hình cũng được ghi nhận rõ nét, với khối lượng thân trung bình và tỷ lệ sống tại Long Hòa (chỉ 12,0 g/con và 21,35%) thấp hơn nhiều so với Long Sơn (52,21 g/con và 51,55%) sau 183 ngày nuôi. Đồng thời, hệ số biến thiên (CV) đối với khối lượng thân tại Long Hòa rất cao (66,12%) so với Long Sơn (33,1%) (Hình 3.14), cho thấy mức độ phân tán kiểu hình lớn hơn trong điều kiện môi trường chưa phù hợp tại Long Hòa.

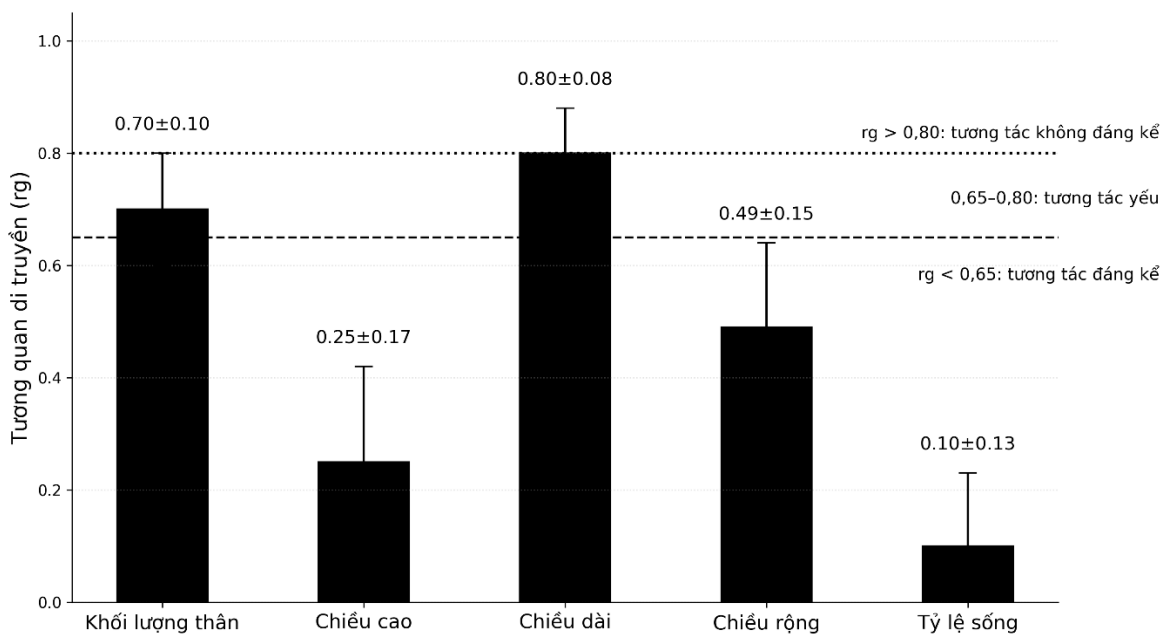
Các kết quả cho thấy cấu trúc tương quan di truyền giữa các tính trạng sinh trưởng của hàu sữa được duy trì ổn định ngay cả trong điều kiện nhiệt đới gió mùa Nam Bộ, tương đương với các công bố ở vùng ôn đới và cận nhiệt đới, trong khi các tính trạng liên quan đến tỷ lệ sống nhạy cảm hơn với biến động môi trường. Mặc dù quần đàn G1 tại Long Hòa có biểu hiện sinh trưởng và tỷ lệ sống thấp hơn so với Long Sơn, tương quan di truyền rất cao giữa hai tính trạng này ở Long Hòa ($r_g = 0,97-0,99$) cho thấy vẫn tồn tại nguồn biến dị di truyền có thể khai thác cho khả năng thích nghi. Tại Long Sơn, biểu hiện sinh trưởng và tỷ lệ sống cao, tương quan di truyền ổn định và nhất quán giữa các tính trạng sinh trưởng với nhau và với tỷ lệ sống cho thấy đây là môi trường phù hợp để triển khai chọn lọc trung tâm cho sinh trưởng nhanh. Ngược lại, tương quan di truyền rất thấp của tỷ lệ sống giữa hai môi trường ($r_g = 0,10$) (Hình 3.16, mục bên dưới) phản ánh tương tác kiểu gen $\times$ môi trường mạnh, từ đó khẳng định rằng cải thiện di truyền tại Long Hòa cần dựa trên chọn lọc tại chỗ, thay vì chọn lọc gián tiếp từ môi trường Long Sơn.

3.3.3.3. Tương tác kiểu gen - môi trường

Tương quan di truyền (r_g) của cùng tính trạng giữa hai môi trường nuôi Long Sơn và Long Hòa (Hình 3.16) cho thấy sự tồn tại của tương tác kiểu gen $\times$ môi trường ($G \times E$) với mức độ khác nhau giữa các nhóm tính trạng. Đối với các tính trạng sinh trưởng chính như khối lượng thân (W) và chiều dài vỏ (SL), giá trị r_g lần lượt đạt $0,70 \pm 0,10$ và $0,80 \pm 0,08$, đều vượt ngưỡng 0,65 theo tiêu chí của Robertson (1959) và Bentsen et al. (2012). Các giá trị này phản ánh tương quan di truyền cao giữa hai môi trường, cho thấy $G \times E$ yếu và thứ tự xếp hạng di truyền của các gia đình tương đối ổn định. Do đó, chọn lọc theo khối lượng thân và chiều dài vỏ tại môi trường Long Sơn có thể mang lại hiệu quả di truyền tương ứng cho các tính trạng này khi con giống được nuôi tại Long Hòa. Với các tính trạng sinh trưởng này, chưa có cơ sở khoa học để thiết lập thêm một quần đàn chọn giống riêng cho Long Hòa, đặc biệt trong bối cảnh diện tích và sản lượng nuôi hàu sữa tại khu vực này hiện thấp hơn đáng kể so với Long Sơn (QĐ 3529/QĐ-BNN-TCTS, 2016). Tuy nhiên, trong quá trình chọn lọc, có thể áp dụng chiến lược chọn lọc kết hợp các gia đình có EBV cao và ổn định

ở cả hai môi trường nhằm tối ưu hóa hiệu quả chọn lọc chung, như đã được đề xuất trong mô hình chọn giống đa môi trường của Mulder & Bijma (2006).

Ngược lại, đối với các tính trạng kích thước vỏ phụ như chiều cao vỏ (SH) và chiều rộng vỏ (SW), giá trị r_g lần lượt chỉ đạt $0,25 \pm 0,17$ và $0,49 \pm 0,15$, thấp hơn nhiều so với ngưỡng 0,65, phản ánh sự tồn tại của $G \times E$ ở mức trung bình đến cao. Điều này cho thấy biểu hiện di truyền của các tính trạng này có thể thay đổi đáng kể giữa hai môi trường, làm giảm hiệu quả chọn lọc nếu không đánh giá trực tiếp tại môi trường mục tiêu. Tuy nhiên, do SH và SW có tương quan di truyền rất cao với khối lượng thân trong cùng môi trường, việc không ưu tiên chúng như các tiêu chí chọn lọc độc lập sẽ giúp đơn giản hóa mô hình chọn giống mà không làm suy giảm hiệu quả cải thiện sinh trưởng tổng thể.



Hình 3.16. Tương quan di truyền (r_g) cùng tính trạng của hầu sữa G1 giữa hai môi trường nuôi Long Sơn và Long Hòa

Kết quả của nghiên cứu này phù hợp với các báo cáo trước đây trên hầu sữa tại miền Bắc Việt Nam, trong đó cũng ghi nhận sự khác biệt về tương quan di truyền giữa các môi trường nuôi (Vu et al., 2020a), nhưng đồng thời bổ sung bằng chứng thực nghiệm đầu tiên về $G \times E$ dựa trên tương quan di truyền ở hầu sữa trong điều kiện nhiệt đới Nam Bộ. Ngoài ra, các giá trị r_g cao đối với khối lượng thân và chiều dài vỏ

tương đồng với kết quả trên hàu TBD tại Mỹ, Brazil và Trung Quốc (de Melo et al., 2016; Gomes et al., 2018; Chi et al., 2023), cho thấy rằng ngay cả trong điều kiện nhiệt đới, nếu môi trường nuôi tương đối ổn định (Long Sơn), các tính trạng sinh trưởng chính vẫn thể hiện tính ổn định di truyền tương đương với các vùng khí hậu ôn đới và cận nhiệt đới.

Trái lại, đối với tính trạng tỷ lệ sống, tương quan di truyền giữa Long Sơn và Long Hòa ở mức rất thấp ($r_g = 0,10 \pm 0,13$; $P > 0,05$), phản ánh sự tồn tại của tương tác G×E rất mạnh. Giá trị r_g thấp này cho thấy khả năng đảo thứ hạng di truyền đáng kể giữa các gia đình ở hai môi trường, tức là các gia đình có tỷ lệ sống cao tại Long Sơn không chắc chắn duy trì được ưu thế này tại Long Hòa và ngược lại. Mức r_g quan sát được trong nghiên cứu này thấp hơn đáng kể so với các báo cáo trên hàu *C. gigas*, trong đó r_g đối với tỷ lệ sống giữa các môi trường dao động từ 0,45 đến 0,87 (Chi et al., 2023). Sự khác biệt này có thể được lý giải bởi đặc điểm sinh thái nhiệt đới gió mùa của Nam Bộ, nơi tỷ lệ sống chịu ảnh hưởng mạnh từ các yếu tố môi trường biến động cao như độ mặn cửa sông, dòng chảy, hàm lượng chất hữu cơ, địch hại, khác biệt rõ rệt so với các vùng nuôi ôn đới có điều kiện môi trường ổn định hơn. Do đó, giá trị giống ước tính (EBV) cho tỷ lệ sống tại Long Sơn không thể được sử dụng để dự đoán một cách đáng tin cậy hiệu quả di truyền tại Long Hòa. Kết quả này cũng phù hợp với thực tế sinh trưởng và tỷ lệ sống thấp bất thường ghi nhận tại Long Hòa, như đã trình bày ở mục 3.2.2.2, trang 70, phản ánh rõ vai trò chi phối của điều kiện môi trường nhiệt đới bất lợi đối với tính trạng tỷ lệ sống.

Bên cạnh ý nghĩa về cấu trúc quần đàn chọn giống, giá trị r_g rất thấp đối với tỷ lệ sống còn cho phép đánh giá sơ bộ hiệu quả đáp ứng tương quan khi thực hiện chọn lọc đơn môi trường. Theo lý thuyết đáp ứng tương quan (Falconer & Mackay, 1996), mức cải thiện kỳ vọng của một tính trạng tại môi trường thứ hai khi chọn lọc tại môi trường thứ nhất phụ thuộc trực tiếp vào giá trị r_g giữa hai môi trường. Với r_g xấp xỉ 0,10 đối với tỷ lệ sống, đáp ứng tương quan dự kiến tại Long Hòa khi chỉ chọn lọc tại Long Sơn sẽ rất thấp, thậm chí không đáng kể, ngay cả khi cường độ chọn lọc và hệ số di truyền tại Long Sơn ở mức trung bình. Điều này đặc biệt quan trọng trong bối cảnh nuôi hàu tại Nam Bộ, nơi tỷ lệ sống thường là tính trạng nhạy cảm nhất với

biến động môi trường nhiệt đới, cho thấy việc chỉ dựa vào chọn lọc tỷ lệ sống tại Long Sơn không thể mang lại cải thiện di truyền hiệu quả cho tỷ lệ sống tại Long Hòa. Ngược lại, đối với các tính trạng sinh trưởng như khối lượng thân và chiều dài vỏ, với r_g đạt 0,70–0,80, đáp ứng tương quan tại Long Hòa khi chọn lọc tại Long Sơn được dự đoán ở mức tương đối cao, củng cố tính khả thi của chiến lược chọn lọc tập trung tại Long Sơn đối với các tính trạng này.

Từ các kết quả trên, thiết kế chương trình chọn giống cho tính trạng tỷ lệ sống có thể tiếp cận theo hai hướng. Trong trường hợp Long Hòa được xác định là vùng nuôi mục tiêu lâu dài với quy mô sản xuất lớn, có thể cân nhắc thiết lập hai quần đàn chọn giống riêng biệt tương ứng với hai vùng sinh thái, theo định hướng chọn giống thích nghi nhằm tối ưu hóa tỷ lệ sống tại từng môi trường. Tuy nhiên, trong giai đoạn hiện tại, khi Long Sơn vẫn là vùng nuôi chủ lực với quy mô và sản lượng vượt trội (155 ha và 1.240 tấn so với 10 ha và 30 tấn tại Long Hòa; QĐ 3529/QĐ-BNN-TCTS, 2016), một chiến lược phù hợp hơn với điều kiện thực tiễn Nam Bộ là duy trì một quần đàn chọn giống hạt nhân tại Long Sơn, kết hợp đánh giá đa môi trường và lựa chọn một nhóm gia đình hoặc cá thể có biểu hiện ổn định, được xác định thông qua EBV tỷ lệ sống không âm và mức suy giảm thấp khi đánh giá ở môi trường Long Hòa. Trong giai đoạn đầu, chiến lược này cho phép tối ưu hóa hiệu quả di truyền đối với sinh trưởng, đồng thời hạn chế rủi ro suy giảm tỷ lệ sống trong vùng nuôi chính.

Về dài hạn, nếu hoạt động nuôi hàu sữa tại Long Hòa được mở rộng hoặc được xác định là vùng sản xuất chiến lược, kết quả $G \times E$ mạnh đối với tính trạng tỷ lệ sống trong nghiên cứu này cho thấy cần cân nhắc phát triển một hướng chọn giống thích nghi riêng cho môi trường này. Trong điều kiện nhiệt đới gió mùa, nơi nguồn dinh dưỡng và điều kiện thủy văn biến động mạnh, các tính trạng liên quan đến khả năng khai thác và sử dụng nguồn thức ăn tự nhiên như nồng độ *Chlorophyll a*, vật chất hữu cơ lơ lửng (POM) và vật chất vô cơ lơ lửng (PIM), đóng vai trò quan trọng trong việc nâng cao tỷ lệ sống như đã được ghi nhận trong các nghiên cứu trước, nên được xem là các chỉ tiêu chọn lọc bổ trợ quan trọng (Gangnery et al., 2003; Dégremont et al., 2005; Evans & Langdon, 2006). Theo đó, hướng tiếp cận xây dựng một quần đàn chung kết hợp đánh giá đa môi trường và lựa chọn các dòng có biểu hiện ổn định, sau

đó mới tiến tới thiết lập quần đàn chuyên biệt cho Long Hòa khi có đủ bằng chứng khoa học và quy mô sản xuất phù hợp, được xem là chiến lược cân bằng giữa hiệu quả di truyền, chi phí và rủi ro, đồng thời phản ánh đúng đặc thù sinh thái nhiệt đới Nam Bộ, một đóng góp quan trọng của nghiên cứu này so với các nghiên cứu thực hiện ở vùng ôn đới.

3.3.3.4. Giá trị giống

Kết quả đánh giá sinh trưởng và các thông số di truyền của quần đàn G1 cho thấy môi trường Long Sơn ghi nhận tốc độ tăng trưởng và tỷ lệ sống cao hơn rõ rệt so với Long Hòa. Điều này khẳng định Long Sơn là môi trường nuôi phù hợp nhất để phản ánh đầy đủ tiềm năng sinh trưởng và biểu hiện di truyền của quần đàn chọn giống hầu sữa G1 trong điều kiện nhiệt đới Nam Bộ. Trên cơ sở đó, việc ước tính giá trị giống (EBV) và xây dựng phương án chọn lọc trong nghiên cứu này được thực hiện dựa trên dữ liệu của quần đàn hạt nhân nuôi tại Long Sơn nhằm đảm bảo độ tin cậy và tính đại diện di truyền.

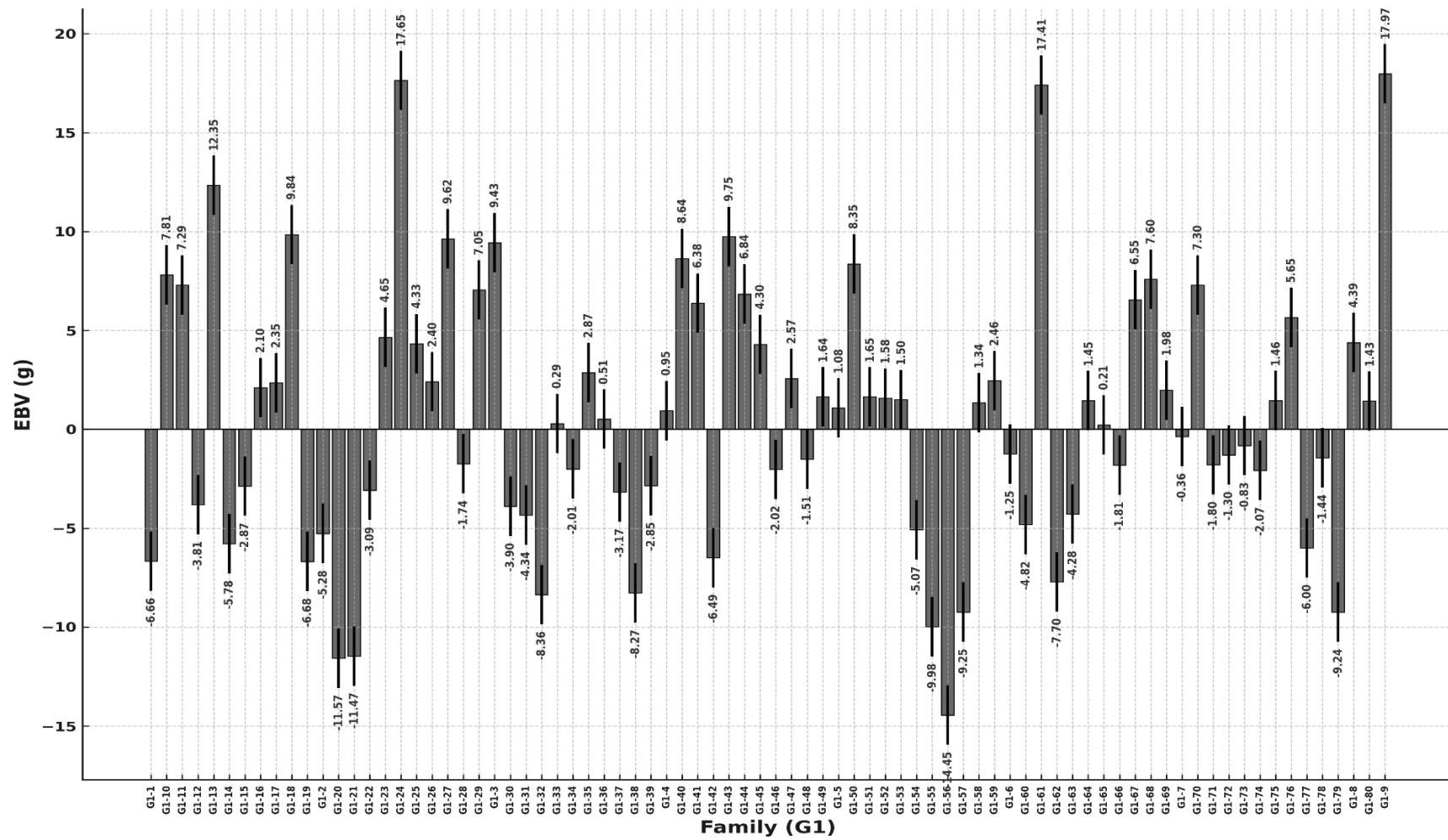
Giá trị EBV trung bình các gia đình cho khối lượng thân ở Long Sơn (Hình 3.17) có mức biến thiên lớn, từ -14,45 đến 17,65, trong khi ở cấp độ cá thể, EBV biến thiên mạnh hơn, từ -25,35 đến 30,68. EBV trung bình của toàn bộ quần đàn G1 tại thời điểm thu hoạch ở Long Sơn, trước khi tiến hành chọn lọc, đạt 0,61 g (4.124 cá thể thuộc 80 gia đình), cho thấy quần đàn vẫn duy trì tiềm năng cải thiện di truyền từ quần đàn ban đầu G0. Mức độ phân hóa EBV cao ở cả hai cấp độ cho thấy sự tồn tại của biến dị di truyền đáng kể, tạo điều kiện thuận lợi cho việc đạt được đáp ứng chọn lọc rõ rệt trong các thế hệ tiếp theo. Kết quả này đặc biệt có ý nghĩa trong bối cảnh G0 được hình thành từ các dòng vật liệu có nguồn gốc địa lý và sinh thái khác biệt, tạo nền tảng biến dị di truyền ban đầu tốt phục vụ chọn giống dài hạn.

Sự phân hóa EBV rõ rệt giữa các gia đình phản ánh hiệu quả của thiết kế phép lai hỗn hợp giữa các dòng bố mẹ có nền tảng di truyền khác biệt, qua đó tạo ra mức độ biểu hiện di truyền và khả năng thích nghi khác nhau trong điều kiện nuôi nhiệt đới. Các gia đình có EBV cao và ổn định nhiều khả năng mang các tổ hợp gen cộng

gộp thuận lợi, cho phép biểu hiện sinh trưởng tốt và thích nghi hiệu quả hơn với môi trường nuôi. Ngược lại, các gia đình có EBV thấp hoặc âm cho thấy một số tổ hợp di truyền chưa phù hợp, có thể do sự kết hợp gen kém tương thích hoặc nhạy cảm hơn với biến động môi trường. Việc đồng thời ghi nhận các cá thể có EBV âm trong quần đàn cho thấy không phải mọi phép lai đều mang lại sự cải thiện di truyền, từ đó nhấn mạnh vai trò then chốt của sàng lọc dòng bố mẹ, xác định ngưỡng chọn lọc phù hợp và kiểm soát đóng góp di truyền nhằm từng bước loại bỏ các tổ hợp gen bất lợi và nâng cao chất lượng quần đàn chọn giống.

Ở khía cạnh chiến lược chọn giống, mức độ biến động EBV lớn giữa các gia đình cho thấy chọn lọc gia đình là cần thiết và khả thi nhằm khai thác hiệu quả ảnh hưởng di truyền cộng gộp, đồng thời hỗ trợ kiểm soát cận huyết và duy trì đa dạng di truyền trong giai đoạn đầu của chương trình. Hơn nữa, biên độ EBV lớn ở cấp độ cá thể trong cùng gia đình phản ánh sự phân ly di truyền nội bộ rõ rệt, cho thấy chọn lọc cá thể cũng có tiềm năng đạt được cải thiện di truyền đáng kể. Tuy nhiên, việc áp dụng chọn lọc cá thể đơn thuần có thể làm gia tăng nguy cơ cận huyết và mất cân đối đóng góp di truyền giữa các gia đình, đặc biệt ở loài hàu có sức sinh sản cao.

Từ các kết quả EBV thu được, có thể khẳng định chiến lược chọn lọc kết hợp giữa gia đình và cá thể là phù hợp và có cơ sở khoa học vững chắc đối với quần đàn hàu sữa G1 trong nghiên cứu này. Việc ưu tiên duy trì một số lượng đủ lớn các gia đình có EBV trung bình cao giúp bảo đảm nền tảng di truyền và duy trì đa dạng di truyền của quần đàn, trong khi chọn lọc các cá thể có EBV cao nhất trong từng gia đình cho phép tối đa hóa mức cải thiện di truyền. Việc áp dụng mô hình BLUP kết hợp kiểm soát cận huyết đã nâng cao độ chính xác của ước tính EBV và hạn chế nguy cơ mất cân đối đóng góp di truyền giữa các gia đình. Cách tiếp cận này không chỉ hướng tới cải thiện hiệu quả sinh trưởng mà còn góp phần duy trì tính ổn định di truyền của quần đàn chọn giống hàu sữa trong điều kiện sản xuất thực tế ở các thế hệ tiếp theo trong dài hạn.



Hình 3.17. Giá trị chọn giống (EBV) trung bình tính trạng khối lượng thân của 80 gia đình hầu sữa G1 ở Long Sơn

3.3.3.5. Hiệu quả chọn lọc ước tính

Hiệu quả chọn lọc (R) ước tính cho khối lượng thân và tỷ lệ sống của hàu sữa thể hệ G1 nuôi tại môi trường Long Sơn được thể hiện trong Bảng 3.13. Tỷ lệ chọn lọc (p , %) ở thể hệ G1 giả định ở mức 24,24% (tức 1.000 cá thể được chọn từ tổng số 4.124 cá thể tại môi trường Long Sơn), tương ứng với giá trị cường độ chọn lọc $i = 1,271$ theo hệ số chuẩn hóa của Gjedrem (2005, Phụ lục A, trang 335). Với hệ số di truyền ước tính cao (0,46) đối với khối lượng thân ở thể hệ G1 và độ lệch chuẩn kiểu hình lớn ($\sigma_p = 17,71$ g), hiệu quả chọn lọc (R) đạt 10,36 g, tương ứng 19,83%. Đây là một mức độ cải thiện rất đáng khích lệ, phản ánh tiềm năng tạo ra đàn hàu sữa có tốc độ sinh trưởng nhanh hơn ở thể hệ tiếp theo nếu áp dụng phương pháp chọn lọc nhất quán và duy trì được chất lượng quần đàn bố mẹ.

Bảng 3.13. Hiệu quả chọn lọc ước tính (R) cho khối lượng thân của hàu sữa thể hệ G1 ở Long Sơn

Tính trạng	h^2	p (%)	i	σ_p	R (g)	$\bar{W}_{G1}$	R (%)
W (g)	0,46	24,24	1,271	17,71	10,36	52,21	19,83

W: khối lượng thân; h^2 : hệ số di truyền; p (%): tỷ lệ chọn lọc; i : cường độ chọn lọc; σ_p : phương sai kiểu hình; R : hiệu quả chọn lọc; $\bar{W}_{G1}$: khối lượng thân trung bình quần đàn G1

Hiệu quả chọn lọc ước tính đối với tính trạng khối lượng thân ở quần đàn G1 đạt 19,83% minh chứng cho tiềm năng di truyền cao rõ rệt và vượt trội so với các nghiên cứu trước trên hàu sữa và các loài hàu khác. Cụ thể, Vu et al. (2020a) báo cáo hiệu quả chọn lọc chỉ đạt từ 3,5–8,8% mỗi thế hệ trong chương trình chọn giống hàu sữa kéo dài ba thế hệ tại miền Bắc Việt Nam, mặc dù thực hiện trên quy mô lớn hơn (95–133 gia đình/thế hệ). Tương tự, các nghiên cứu trên hàu *C. gigas* tại Mỹ, Pháp và Trung Quốc cũng ghi nhận hiệu quả chọn lọc dao động từ 8,1–15%/thế hệ (Hedgecock et al., 2007; Degremont et al., 2007, 2015; Wang et al., 2012; Zhang et al., 2019). Kết quả vượt trội này có thể được lý giải bởi một số yếu tố quan trọng trong thiết kế và thực hiện chương trình chọn giống. Đầu tiên, nghiên cứu hiện tại sử dụng nguồn vật liệu ban đầu đa dạng và khác biệt rõ rệt về địa lý và sinh thái, bao gồm ba dòng hàu từ các vùng sinh thái điển hình của Việt Nam (Quảng Ninh, Khánh

Hòa và Bà Rịa – Vũng Tàu) cùng với một dòng tự nhiên từ Đài Loan. Thứ hai, việc lai tạo giữa các dòng vật liệu này tạo ra 16 phép lai hỗn hợp với mức độ phân hóa di truyền lớn, từ đó làm gia tăng biến dị di truyền, một yếu tố quan trọng trong nâng cao hiệu quả chọn lọc. Trong khi đó, Vu et al. (2020a) chỉ sử dụng ba dòng hậu có nguồn gốc nuôi trồng từ các vùng sinh thái ven biển miền Bắc có điều kiện khí hậu và môi trường tương đồng (Nam Định, RIA1 và một dòng không xác định rõ nguồn gốc từ miền Nam Trung Quốc), với tổng cộng chỉ 9 phép lai (In et al., 2017). Sự tương đồng về nguồn gốc và điều kiện sinh thái có thể dẫn đến nền di truyền thu hẹp, từ đó làm giảm khả năng phát hiện các cá thể vượt trội về mặt di truyền.

Hệ số di truyền cho khối lượng thân trong nghiên cứu này đạt $0,46 \pm 0,12$, được phân loại là cao theo thang của Bourdon (2014) và cao hơn mức trung bình đạt được ($0,24 \pm 0,04$) ở nghiên cứu của Vu et al. (2020a). Hệ số di truyền cao hơn đồng nghĩa với việc phân lớn khác biệt kiểu hình được giải thích bởi yếu tố di truyền và do đó khả năng cải thiện thông qua chọn lọc lớn hơn. Độ lệch chuẩn kiểu hình lớn ($\sigma_p = 17,71$ g) trong nghiên cứu này cho thấy quần đàn G1 có mức biến dị di truyền cao, tạo điều kiện thuận lợi để phát hiện các cá thể có giá trị giống ước tính (EBV) vượt trội. Trong khi đó, Vu et al. (2020a) không công bố thông tin về độ biến dị kiểu hình hoặc EBV, làm hạn chế khả năng đánh giá tiềm năng chọn lọc thực tế.

Ngoài ra, sự khác biệt rõ ràng về phương pháp nuôi và kiểm soát phả hệ cũng góp phần nâng cao độ chính xác trong ước tính di truyền. Nghiên cứu hiện tại áp dụng phương pháp nuôi đơn cá thể kết hợp đánh dấu và truy xuất phả hệ chính xác, cho phép áp dụng mô hình BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) để ước tính EBV ở cả cấp độ gia đình và cá thể với độ tin cậy cao. Ngược lại, Vu et al. (2020a) sử dụng phương pháp nuôi bám giá thể, khó kiểm soát số lượng con giống trong mỗi gia đình, từ đó làm giảm độ chính xác trong đánh giá so sánh giữa các gia đình. Hơn nữa, chiến lược chọn lọc được áp dụng trong nghiên cứu này là phương pháp chọn lọc kết hợp (giữa và trong gia đình), kết hợp giới hạn EBV trung bình tỷ lệ sống làm tiêu chí chọn lọc, nhằm duy trì tỷ lệ sống không suy giảm trong khi vẫn đạt được cải thiện rõ rệt về

tốc độ sinh trưởng. Cách tiếp cận này giúp cân bằng giữa các mục tiêu chọn lọc cho nghiên cứu này.

Có thể nói, hiệu quả chọn lọc ước tính cao trong nghiên cứu này là kết quả tổng hợp của nhiều yếu tố từ thu thập nguồn vật liệu đầu vào đa dạng di truyền hợp lý, hệ số di truyền cao, biến dị kiểu hình lớn, phương pháp đánh giá các phép lai và gia đình chính xác qua các thế hệ đến chiến lược chọn lọc tối ưu. Kết quả này cho thấy tiềm năng cải thiện di truyền mạnh mẽ hơn nếu chương trình được duy trì và phát triển đúng hướng. Đây là bằng chứng khẳng định vai trò then chốt của việc thiết kế chương trình chọn giống khoa học ngay từ giai đoạn xây dựng quần đàn ban đầu. Đồng thời, kết quả này cũng mở ra triển vọng hình thành các thế hệ hậu sinh trưởng nhanh, tỷ lệ sống ổn định, góp phần nâng cao năng suất, chất lượng và hiệu quả kinh tế cho nghề nuôi hàu thương phẩm, đặc biệt phù hợp với điều kiện khí hậu nhiệt đới tại miền Nam Việt Nam. Nghiên cứu này tạo nền tảng khoa học và thực tiễn vững chắc để triển khai các chương trình chọn giống thương mại bền vững trong tương lai.

3.3.4. Chọn lọc quần đàn hàu sữa sinh trưởng nhanh G1

Trong nghiên cứu này, toàn bộ quá trình ước tính giá trị giống (EBV) và xây dựng phương án chọn lọc được thực hiện dựa trên dữ liệu của quần đàn nuôi tại Long Sơn. Việc đánh giá giá trị giống ước tính (EBV) và hiệu quả chọn lọc dự đoán được thực hiện dựa trên tính trạng khối lượng thân (W), do mục tiêu cốt lõi của chương trình chọn giống là cải thiện tốc độ sinh trưởng của hàu sữa phục vụ nâng cao năng suất và hiệu quả sản xuất. Tỷ lệ sống (Sur) được xem là tính trạng hỗ trợ, đóng vai trò như một điều kiện ràng buộc nhằm đảm bảo rằng quá trình chọn lọc sinh trưởng nhanh không dẫn đến suy giảm khả năng sống sót của quần đàn trong điều kiện nuôi thực tế. Tuy nhiên, trong khuôn khổ nghiên cứu này, chỉ số chọn lọc theo dạng kết hợp nhiều tính trạng chưa được xây dựng và áp dụng. Lý do chính là mục tiêu chọn giống được xác định rõ ràng ngay từ đầu là chọn giống sinh trưởng nhanh, trong khi tỷ lệ sống không được định hướng cải thiện trực tiếp thông qua chọn lọc mà được sử dụng như một chỉ tiêu giới hạn.

Cách tiếp cận này, đầu tiên xuất phát từ kết quả phân tích tương quan di truyền giữa khối lượng thân và tỷ lệ sống cho thấy mối liên hệ ở mức thấp đến trung bình và không ổn định giữa các môi trường nuôi, đặc biệt chịu ảnh hưởng mạnh của tương tác kiểu gen $\times$ môi trường đối với tính trạng tỷ lệ sống. Do đó, việc tích hợp hai tính trạng này vào một chỉ số chọn lọc tuyến tính với trọng số cố định có nguy cơ làm giảm hiệu quả chọn lọc sinh trưởng hoặc dẫn đến thiên lệch ngoài mong muốn ở tính trạng tỷ lệ sống. Thứ hai, trong điều kiện sản xuất hầu sữa tại miền Nam Việt Nam, sinh trưởng nhanh là yếu tố quyết định trực tiếp đến rút ngắn chu kỳ nuôi, giảm chi phí và tăng khả năng quay vòng sản xuất, trong khi tỷ lệ sống chịu ảnh hưởng mạnh bởi các yếu tố môi trường và quản lý nuôi. Vì vậy, việc ưu tiên khối lượng thân làm chỉ tiêu chọn lọc chính phản ánh đúng mục tiêu thực tiễn của chương trình giống hiện tại. Thứ ba, trong giai đoạn đầu của chương trình chọn giống, khi quần đàn đang được xây dựng và chuẩn hóa, cách tiếp cận chọn lọc đơn tính trạng có ràng buộc được xem là phù hợp hơn so với việc xây dựng chỉ số chọn lọc phức tạp, vốn đòi hỏi ước tính chính xác giá trị kinh tế tương đối và mức ổn định của các tham số di truyền qua nhiều môi trường.

Theo đó, chiến lược chọn lọc được áp dụng trong nghiên cứu này là chọn lọc ưu tiên theo EBV khối lượng thân, đồng thời ràng buộc điều kiện rằng EBV trung bình của tỷ lệ sống trong quần đàn được chọn phải không âm. Cách tiếp cận này cho phép tối đa hóa hiệu quả cải thiện di truyền đối với sinh trưởng, trong khi vẫn kiểm soát được nguy cơ suy giảm khả năng sống sót của quần đàn chọn giống. Thực tế, phương pháp chọn lọc sinh trưởng có ràng buộc đã được khuyến nghị trong các chương trình chọn giống thủy sản khi các tính trạng phụ có hệ số di truyền thấp hoặc chịu ảnh hưởng mạnh của môi trường (Gjedrem, 2005; Falconer & Mackay, 1996).

Tuy không xây dựng chỉ số chọn lọc tích hợp trong nghiên cứu này, nhưng các kết quả EBV và hiệu quả chọn lọc dự đoán vẫn cung cấp cơ sở khoa học đầy đủ để triển khai chương trình chọn giống sinh trưởng nhanh trong thực tiễn. Trong các giai đoạn tiếp theo của chương trình, khi dữ liệu về tỷ lệ sống được tích lũy đầy đủ hơn

qua nhiều thế hệ và môi trường nuôi, việc xây dựng chỉ số chọn lọc đa tính trạng hoặc áp dụng các phương pháp chọn giống nâng cao (ví dụ chỉ số chọn lọc có trọng số môi trường hoặc GBLUP đa tính trạng) có thể được xem xét nhằm tối ưu hóa đồng thời sinh trưởng và khả năng sống sót.

Trước chọn lọc, EBV trung bình cho khối lượng thân của quần đàn G1 (4.124 cá thể thuộc 80 gia đình) đạt 0,61 g, với biên độ dao động rộng ở cả cấp độ gia đình (-14,45 đến 17,65) và cá thể (-25,35 đến 30,68), phản ánh biến dị di truyền đáng kể trong quần thể. Trên cơ sở đó, chương trình đã lựa chọn 1.000 cá thể bố mẹ có EBV khối lượng thân trung bình dương cao nhất từ 62 gia đình và EBV tỷ lệ sống trung bình quần đàn dương nhằm đảm bảo duy trì khả năng sống sót ổn định ở thế hệ kế tiếp. Sau chọn lọc, EBV trung bình khối lượng thân của quần đàn tăng rõ rệt từ 0,61 g lên 10,36 g, với giá trị EBV của các cá thể được chọn dao động từ 2,55 đến 30,68, tương ứng hiệu quả chọn lọc ước tính đạt 19,83%. Kết quả này khẳng định hiệu quả của phương pháp chọn lọc kết hợp giữa và trong gia đình, đồng thời chứng minh tiềm năng cải thiện di truyền rõ rệt của quần đàn G1.

Đàn bố mẹ G1 chọn lọc được duy trì và sử dụng làm cơ sở di truyền cho thế hệ G2, đóng vai trò nền tảng cho chương trình chọn giống hầu sữa sinh trưởng nhanh, ổn định và bền vững trong điều kiện nuôi vùng nhiệt đới Nam Bộ. Đây là bước tiến quan trọng hướng đến mục tiêu chọn giống dài hạn là hình thành quần thể giống có tốc độ sinh trưởng cao, khả năng thích nghi tốt và duy trì đa dạng di truyền, phục vụ phát triển bền vững nghề nuôi hầu tại Việt Nam.

3.3.5. Chiến lược chọn giống hầu sữa sinh trưởng nhanh trong dài hạn

Chiến lược chọn giống hầu sữa đề xuất trong luận án này được xây dựng trực tiếp từ các kết quả thực nghiệm thu được, bao gồm: (i) đánh giá đa dạng di truyền của vật liệu ban đầu bằng chỉ thị microsatellite; (ii) phân tích các thành phần di truyền (ảnh hưởng di truyền cộng gộp, ảnh hưởng con mẹ và ưu thế lai) từ 16 phép lai hỗn hợp; và (iii) ước tính các thông số di truyền chủ chốt ở thế hệ G1 như hệ số di truyền (h^2), tương quan di truyền (r_g), tương tác kiểu gen $\times$ môi trường ($G \times E$), giá trị giống

ước tính (EBV) và hiệu quả chọn lọc ước tính (R). Trên cơ sở đó, luận án đề xuất một định hướng chọn giống sinh trưởng nhanh, đồng thời duy trì tỷ lệ sống và đa dạng di truyền ổn định trong điều kiện nhiệt đới gió mùa Nam Bộ.

Kết quả ước tính hệ số di truyền cho khối lượng thân ở mức cao ($h^2 = 0,46 \pm 0,12$) cho thấy tính trạng này có khả năng cải thiện di truyền tốt và là cơ sở trực tiếp để triển khai chọn giống sinh trưởng nhanh. Trong khi đó, hệ số di truyền của tỷ lệ sống ở mức trung bình ($h^2 = 0,28 \pm 0,08$) và chịu ảnh hưởng mạnh của môi trường và $G \times E$. Do vậy, trong khuôn khổ dữ liệu hiện có, luận án không đề xuất chọn lọc trực tiếp nhằm cải thiện tỷ lệ sống, mà xem đây là tính trạng ràng buộc, nhằm đảm bảo quá trình chọn lọc sinh trưởng không làm suy giảm khả năng sống sót của quần đàn.

Các kết quả tương quan di truyền cho thấy mối liên hệ chặt chẽ giữa khối lượng thân và các tính trạng kích thước vỏ, nghĩa là việc chọn lọc dựa trên khối lượng thân có thể đồng thời cải thiện các tính trạng hình thái liên quan đến giá trị thương phẩm. Ngược lại, tương quan di truyền giữa sinh trưởng và tỷ lệ sống không cao và không ổn định giữa các môi trường, đặc biệt trong điều kiện $G \times E$ mạnh đối với tỷ lệ sống. Điều này củng cố cách tiếp cận chọn giống đơn tính trạng (sinh trưởng) có ràng buộc, thay vì xây dựng chỉ số chọn lọc đa tính trạng trong giai đoạn hiện tại.

Trong dài hạn, chương trình chọn giống cần tiếp tục tập trung vào tính trạng sinh trưởng nhanh, đồng thời duy trì tỷ lệ sống ổn định và đa dạng di truyền thông qua chọn lọc kết hợp dựa trên gia đình, quản lý phả hệ và kiểm soát đóng góp di truyền của từng gia đình. Việc đánh giá định kỳ các thông số di truyền chủ chốt như hệ số di truyền, tương quan di truyền và tương tác kiểu gen – môi trường sẽ giúp tối ưu hóa hiệu quả chọn giống. Cách tiếp cận này tạo nền tảng cho phát triển quần đàn hậu sửa sinh trưởng nhanh, ổn định và bền vững trong điều kiện nhiệt đới gió mùa ở các thế hệ tiếp theo. Bên cạnh đó, sự cần thiết bổ sung ước tính thông số di truyền các tính trạng chất lượng như tỷ lệ thịt, khả năng kháng bệnh và thích nghi với điều kiện bất thuận, nhằm nâng cao hiệu quả sản xuất, giá trị thương phẩm đáp ứng nhu cầu thị trường và thích nghi tốt với điều kiện môi trường biến động trong tương lai.

Sự phân hóa EBV rõ rệt giữa các gia đình và cá thể trong G1, cho phép áp dụng hiệu quả chiến lược chọn lọc kết hợp gia đình – cá thể. Tuy nhiên, các kết quả thực nghiệm mới dừng ở mức cho phép đề xuất nguyên tắc kiểm soát cận huyết, thông qua giới hạn đóng góp của từng gia đình và duy trì số lượng gia đình đủ lớn trong quần đàn chọn lọc. Các phương pháp nâng cao như chọn lọc đóng góp tối ưu (Optimal Contribution Selection – OC) được đề cập như một định hướng tiềm năng, nhưng chưa thể triển khai đầy đủ trong phạm vi dữ liệu và thời gian của luận án, do chưa có ước tính thực nghiệm về kích thước quần thể hiệu quả (N_e) qua nhiều thế hệ. Ngoài ra, cần mở rộng số lượng gia đình half-sib nhiều hơn (ít nhất 80–100 gia đình/thế hệ) so với nghiên cứu hiện tại (36 gia đình/thế hệ G1), đảm bảo phân bố đồng đều theo dòng bố và mẹ, nhằm tăng độ chính xác trong ước tính các thông số di truyền. Đây là yếu tố quan trọng được nhấn mạnh trong nhiều nghiên cứu chọn giống nhuyễn thể, giúp nâng cao khả năng phát hiện cá thể hoặc gia đình có EBV vượt trội.

Chương trình chọn giống cần được tổ chức thành hệ thống cơ sở chọn tạo giống bao gồm: (1) Trung tâm chọn giống hạt nhân là nơi lưu giữ quần đàn chọn giống hạt nhân, sản xuất gia đình và đánh giá, ước tính thông số di truyền qua các thế hệ; (2) Trại giống vệ tinh, tiếp nhận bố mẹ và con giống hậu bị từ các gia đình chọn lọc có EBV tốt nhất được phát tán từ trung tâm chọn giống để sản xuất giống thử nghiệm trong điều kiện thực tiễn và thương mại hóa sản phẩm. Khi cần, có thể bổ sung đàn hậu bị để đảm bảo chu kỳ sản xuất liên tục.

Đối với ứng dụng công nghệ sinh học phân tử, dữ liệu microsatellite trong luận án đã chứng minh tính hữu ích trong đánh giá đa dạng di truyền và làm cơ sở bước đầu cho quản lý phả hệ. Tuy nhiên, hiện tại chưa có bộ dữ liệu chỉ thị phân tử mật độ cao (SNP) đủ lớn để triển khai các phương pháp như MAS, GWAS hay GBLUP. Do đó, các nội dung liên quan đến chọn giống hệ gen được trình bày trong luận án theo hướng định hướng nghiên cứu tương lai, mà không phải là các giải pháp có thể áp dụng ngay từ kết quả hiện tại. Việc triển khai các phương pháp này trong tương lai

cần gắn với việc xây dựng bộ gen tham chiếu, thu thập dữ liệu SNP quy mô lớn và đánh giá độ chính xác so sánh với BLUP truyền thống.

Bên cạnh đó, các bằng chứng trong tổng quan tài liệu cho thấy việc áp dụng chọn lọc dựa trên đóng góp tối ưu (Optimal Contribution Selection – OC) mang lại hiệu quả vượt trội trong duy trì đa dạng di truyền dài hạn so với chọn lọc thuần dựa trên EBV. Nhiều nghiên cứu trên cá hồi, tôm và nhuyễn thể đã ghi nhận rằng OC có thể giảm mức độ cận huyết tích lũy mỗi thế hệ từ 20–40% so với phương pháp chọn gia đình/cá thể thông thường, đồng thời vẫn duy trì tốc độ tiến bộ di truyền tương đương hoặc cao hơn trong các chương trình chọn giống dài hạn. Tương tự, công nghệ sinh học phân tử (ví dụ: marker-based pedigree assignment) cho phép xác định quan hệ huyết thống chính xác hơn so với phương pháp gắn thẻ truyền thống, từ đó tối ưu phối giống, giảm hệ số cận huyết và hỗ trợ bố trí thí nghiệm chọn lọc quy mô lớn. Những kết quả này củng cố cơ sở khoa học cho định hướng mà luận án đề xuất rằng quản lý phả hệ bằng chỉ thị phân tử trong giai đoạn sắp tới, kết hợp dần với OC khi dữ liệu gen và quy mô đàn bố mẹ đủ lớn.

Tương tác kiểu gen $\times$ môi trường ($G \times E$) là yếu tố cần được theo dõi và đánh giá định kỳ, đặc biệt trong bối cảnh mở rộng vùng nuôi và thương mại hóa con giống chọn lọc phục vụ nuôi thương phẩm. Các kết quả thu được trong nghiên cứu này cho thấy sự khác biệt rõ rệt về tốc độ sinh trưởng và tỷ lệ sống giữa hai vùng nuôi Long Sơn và Long Hòa, gợi ý sự tồn tại của tương tác $G \times E$ ở các mức độ khác nhau. Trên cơ sở đó, trong giai đoạn tiếp theo, việc mở rộng đánh giá $G \times E$ tại một số vùng nuôi đại diện ở khu vực Nam Bộ như Kiên Giang và Cà Mau, cũng như tại các vùng nuôi phổ biến khác trên cả nước như Khánh Hòa, Phú Yên và khu vực cận nhiệt đới Quảng Ninh, là cần thiết nhằm kiểm tra tính ổn định và khả năng thích nghi của dòng giống sinh trưởng nhanh trong các điều kiện sinh thái khác nhau. Với dữ liệu hiện có, luận án chưa đề xuất việc thiết lập các quần đàn chọn giống riêng biệt theo từng vùng sinh thái. Thay vào đó, chỉ khuyến nghị tiếp tục đánh giá tương tác $G \times E$ ở một số môi

trường nuôi đại diện khi có điều kiện, nhằm làm rõ mức độ ổn định di truyền của dòng được chọn lọc và xác định phạm vi ứng dụng phù hợp trong sản xuất thực tế.

Tổng hợp các kết quả và phân tích trên cho thấy, chiến lược chọn giống được đề xuất trong luận án tập trung vào những nội dung đã được dữ liệu thực nghiệm chứng minh, bao gồm: chọn lọc sinh trưởng nhanh dựa trên EBV khối lượng thân, kiểm soát tỷ lệ sống như một tính trạng ràng buộc, duy trì đa dạng di truyền thông qua chọn lọc kết hợp gia đình – cá thể và đánh giá $G \times E$ ở mức cơ bản. Các nội dung mang tính công nghệ cao hơn như MAS, GWAS, GBLUP hoặc xây dựng ngân hàng gen được xem là hướng phát triển dài hạn, cần thêm dữ liệu và nghiên cứu bổ sung trước khi có thể áp dụng trong thực tiễn sản xuất giống.

CHƯƠNG 4

KẾT LUẬN VÀ KIẾN NGHỊ

4.1. Kết luận

Luận án đã hoàn thành đầy đủ các mục tiêu nghiên cứu đặt ra và cung cấp cơ sở khoa học vững chắc cho việc xây dựng chương trình chọn giống hầu sữa sinh trưởng nhanh trong điều kiện nhiệt đới gió mùa Nam Bộ. Kết quả nghiên cứu đã làm rõ mức độ đa dạng và cấu trúc di truyền của các dòng hầu sữa có nguồn gốc địa lý khác nhau, qua đó khẳng định vai trò then chốt của việc lựa chọn và quản lý nguồn vật liệu bố mẹ ngay từ giai đoạn xây dựng quần đàn ban đầu nhằm duy trì đa dạng di truyền và hạn chế nguy cơ cận huyết trong điều kiện nuôi nhiệt đới.

Các phân tích di truyền số lượng cho thấy ảnh hưởng di truyền cộng gộp giữ vai trò chi phối đối với tính trạng sinh trưởng của hầu sữa, trong khi các ảnh hưởng di truyền không cộng gộp chỉ đóng vai trò thứ cấp và phụ thuộc vào từng dòng cũng như phép lai cụ thể. Kết quả này khẳng định hướng tiếp cận chọn giống dài hạn dựa trên tích lũy giá trị di truyền cộng gộp là phù hợp và có tính bền vững.

Các thông số di truyền chủ yếu và giá trị giống ước tính của thế hệ G1 được ước tính đầy đủ, qua đó chứng minh tiềm năng cải thiện di truyền rõ rệt đối với tính trạng khối lượng thân, với hiệu quả chọn lọc ước tính đạt mức cao (19,83%) trong điều kiện nuôi nhiệt đới Nam Bộ. Đồng thời, kết quả nghiên cứu cũng làm rõ vai trò của môi trường nuôi đối với biểu hiện di truyền của các tính trạng nghiên cứu, trong đó Long Sơn được xác định là môi trường hạt nhân phù hợp cho chọn lọc sinh trưởng, còn Long Hòa thích hợp để đánh giá khả năng thích nghi, góp phần định hướng xây dựng hệ thống đánh giá và chọn lọc giống hầu phù hợp với điều kiện nuôi đa dạng của khu vực Nam Bộ.

Việc tích hợp các phương pháp di truyền phân tử và di truyền số lượng trong luận án đã bổ sung những dữ liệu thực nghiệm còn thiếu về đặc điểm di truyền của hầu sữa trong điều kiện nhiệt đới gió mùa. Các kết quả đạt được không chỉ có ý nghĩa

trực tiếp đối với việc xây dựng chương trình chọn giống hầu sữa sinh trưởng nhanh tại Nam Bộ, mà còn cung cấp cơ sở tham khảo quan trọng cho các chương trình chọn giống nhuyển thể khác trong những điều kiện sinh thái tương tự.

4.2. Kiến nghị

Chương trình chọn giống hầu sữa nên tiếp tục duy trì và khai thác có kiểm soát các quần đàn G0 - G1 đã được đánh giá. Các dòng Khánh Hòa và Đài Loan, có mức đa dạng di truyền cao, phù hợp làm vật liệu chọn giống, trong khi dòng Bà Rịa - Vũng Tàu cần được sử dụng thận trọng và kiểm soát cận huyết bằng chỉ thị phân tử. Do số lượng chỉ thị hiện còn hạn chế, cần bổ sung bộ chỉ thị dữ liệu đa dạng nucleotide hơn trong các nghiên cứu tiếp theo.

Chọn giống nên tiếp tục tập trung vào tính trạng khối lượng thân là mục tiêu chính, khai thác ảnh hưởng di truyền cộng gộp thông qua chọn lọc dựa trên giá trị giống ước tính (EBV) ở thế hệ G2. Các tính trạng chất lượng như tỷ lệ thịt nên được xem xét bổ sung khi có dữ liệu thực nghiệm đầy đủ. Tỷ lệ sống chịu ảnh hưởng đáng kể của tương tác kiểu gen – môi trường, cần mở rộng khảo nghiệm đa môi trường nhằm tiến đến thực hiện chọn giống đáp ứng đa môi trường ở các giai đoạn tiếp theo.

Các quần đàn G1 đã chọn lọc có thể được khai thác thí điểm trong sản xuất giống, song song với việc duy trì đàn đối chứng để đánh giá hiệu quả cải thiện di truyền thực tế và làm cơ sở tham khảo cho các chương trình chọn giống nhuyển thể khác trong điều kiện nhiệt đới.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Tài liệu tiếng Việt

1. Bộ NN&PTNT (2016). Phê duyệt điều chỉnh quy hoạch chiến lược nuôi nhuyên thể hàng hóa tập trung đến năm 2020, định hướng đến năm 2030. Quyết định Số 3529/QĐ-BNN-TCTS, ngày 25/8/2016, trang 4.
2. Ngô Thị Thu Thảo, Dương Minh Thùy, Trần Ngọc Hải & Hứa Thái Nhân (2018). Một số đặc điểm hình thái hàu *Crassostrea belcheri* và mô hình nuôi hàu tại tỉnh Bến Tre. *Tạp chí Khoa học Đại học Cần Thơ*, 54(1), 92-100.
3. Nguyễn Văn Sáng, Nguyễn Minh Thành, Nguyễn Hoàng Thông, Trần Hoàng Gia Linh, Lê Hoàng Khôi Nguyên, Nguyễn Hồng Lộc (2021). Đánh giá đa dạng di truyền các quần thể cá Tra (*Pangasianodon hypophthalmus*) bằng 20 chỉ thị phân tử microsatellite mới phát triển. *Bản B của Tạp chí Khoa học và Công nghệ Việt Nam*, 63(7).
4. Nguyễn Văn Sáng, Nguyễn Văn Hảo, Trần Đình Trọng, Nguyễn Công Dân, Quyền Đình Thi, Nguyễn Thị Diệu Thúy & Trịnh Quang Sơn (2009). Chọn giống cá tra (*Pangasianodon hypophthalmus*) nhằm tăng tỷ lệ phi lê bằng chọn lọc gia đình. *Báo cáo khoa học Viện Nghiên cứu Nuôi trồng Thủy sản II*, 1-84.
5. Nguyễn Thị Quỳnh, Đỗ Đăng Khoa, Nguyễn Thị Thuỷ, Thái Thị Hồng Phúc & Thái Thanh Bình (2024). Nghiên cứu hiện trạng môi trường của một số vùng nuôi hàu Thái Bình Dương *Crassostrea gigas* Thunberg, 1793) và hàu cửa sông (*Crassostrea rivularis* Gould, 1861) tại Quảng Ninh. *Tạp chí Nông nghiệp và Môi trường*, 3+4, 163-173.
6. Trần Quốc Dung, Nguyễn Thị Trường Vy, Trần Văn Giang & Nguyễn Văn Thuận (2018). Một số đặc điểm hình thái của hàu cửa sông *Crassostrea rivularis* (Gould, 1861) ở miền Trung Việt Nam. *Tạp chí Khoa học Đại học Huế*, 127(1B), 5-13.
7. Vũ Văn Sáng (2023). Hiện trạng công nghệ sản xuất giống và nuôi thương phẩm hàu Bò Đào Nha (*Crassostrea angulata*) tại Việt Nam. *Tạp chí Khoa học Đại học Vinh*, 52(3B), 29-42.

Tài liệu tiếng Anh

1. Allen Jr, S. K., Small, J. M., & Kube, P. D. (2021). Genetic parameters for *Crassostrea virginica* and their application to family-based breeding in the mid-Atlantic, USA. *Aquaculture*, 538, 736578.
2. Allendorf, F. W., Luikart, G., & Aitken, S. N. (2013). Genetics and the conservation of populations.
3. An, H. S., Kim, W. J., Lim, H. J., Byun, S. G., Hur, Y. B., Park, J. Y., ... & An, C. M. (2014). Genetic structure and diversity of *Crassostrea gigas* in Korea

- revealed from microsatellite markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 55, 283-291.
4. Anjos, C., Baptista, T., Joaquim, S., Mendes, S., Matias, A. M., Moura, P., ... & Matias, D. (2017). Broodstock conditioning of the Portuguese oyster (*Crassostrea angulata*, Lamarck, 1819): influence of different diets. *Aquaculture Research*, 48(7), 3859-3878.
 5. Batista, F. M. M. (2007). *Assessment of the aquacultural potential of the Portuguese oyster Crassostrea angulata* (Doctoral dissertation, Universidade do Porto (Portugal)).
 6. Bayne, B. L. (2002). A physiological comparison between Pacific oysters *Crassostrea gigas* and Sydney Rock oysters *Saccostrea glomerata*: food, feeding and growth in a shared estuarine habitat. *Marine Ecology Progress Series*, 232, 163-178.
 7. Bentsen, H. B., Eknath, A. E., Palada-de Vera, M. S., Danting, J. C., Bolivar, H. L., Reyes, R. A., ... & Gjerde, B. (1998). Genetic improvement of farmed tilapias: growth performance in a complete diallel cross experiment with eight strains of *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*, 160(1-2), 145-173.
 8. Boudry, P., Dégremont, L., Taris, N., McCombie, H., Haffray, P., & Ernande, B. (2004). Genetic variability and selective breeding for traits of aquacultural interest in the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*). *Bulletin of the Aquaculture Association of Canada*, 104(2), 12-18.
 9. Boudry, P., Heurtebise, S., Collet, B., Cornette, F., & Gérard, A. (1998). Differentiation between populations of the Portuguese oyster, *Crassostrea angulata* (Lamarck) and the Pacific oyster, *Crassostrea gigas* (Thunberg), revealed by mtDNA RFLP analysis. *Journal of experimental marine biology and ecology*, 226(2), 279-291.
 10. Bourdon, R.M., (2014). *Understanding Animal Breeding*. Pearson New International Edition, Second Edition. Pearson Education Limited, Edinburgh Gate, Harlow, UK, 513 p.
 11. Brake, J., Evans, F., & Langdon, C. (2003). Evidence for genetic control of shell shape in the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Aquaculture*, 220(1-4), 89-98.
 12. Calvo, L. M. R., Calvo, G. W., & Burrenson, E. M. (2003). Dual disease resistance in a selectively bred eastern oyster, *Crassostrea virginica*, strain tested in Chesapeake Bay. *Aquaculture*, 220(1-4), 69-87.
 13. Camara, M. D., & Symonds, J. E. (2014). Genetic improvement of New Zealand aquaculture species: programmes, progress and prospects. *New Zealand Journal of Marine and Freshwater Research*, 48(3), 466-491.
 14. Cameron, N. D. (1997). *Selection indices and prediction of genetic merit in animal breeding* (pp. ix+-203).
 15. Chen, C. F., Ju, Y. R., Lim, Y. C., Wang, M. H., Chen, C. W., & Dong, C. D.

- (2023). Microplastics in coastal farmed oyster (*Crassostrea angulata*) shells: Abundance, characteristics, and diversity. *Marine Pollution Bulletin*, 194, 115228.
16. Chen, J., Luo, H., Zhai, Z., Wang, H., Liu, B., Bai, L., & Yu, D. (2021). Estimates of additive and non-additive genetic effects on growth traits in a diallel cross of three strains of pearl oyster (*Pinctada fucata*). *Aquaculture International*, 29, 1359-1371.
 17. Chen, N., Luo, X., Lu, C., Ke, C., & You, W. (2017). Effects of artificial selection practices on loss of genetic diversity in the Pacific abalone, *Haliotis discus hannai*. *Aquaculture Research*, 48(9), 4923-4933.
 18. Chen, Y., Xu, C., & Li, Q. (2022). Genetic diversity in a genetically improved line of the Pacific oyster *Crassostrea gigas* with orange shell based on microsatellites and mtDNA data. *Aquaculture*, 549, 737791.
 19. Chi, Y., Jiang, G., Liang, Y., Xu, C., & Li, Q. (2022). Selective breeding for summer survival in Pacific oyster (*Crassostrea gigas*): Genetic parameters and response to selection. *Aquaculture*, 556, 738271.
 20. Chi, Y., Li, Q., & Xu, C. (2023). Genetic parameters and genotype by environment interactions for harvest traits in the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*). *Aquaculture International*, 1-21.
 21. Chi, Y., Li, Q., Liu, S., & Kong, L. (2021). Genetic parameters of growth and survival in the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Aquaculture Research*, 52(1), 282-290.
 22. Chistiakov, D. A., Hellemans, B., & Volckaert, F. A. (2006). Microsatellites and their genomic distribution, evolution, function and applications: a review with special reference to fish genetics. *Aquaculture*, 255(1-4), 1-29.
 23. De Meeûs, T. (2018). Revisiting F IS, F ST, Wahlund effects, and null alleles. *Journal of Heredity*, 109(4), 446-456.
 24. de Melo, C. M. R., Divilov, K., Durland, E., Schoolfield, B., Davis, J., Carnegie, R. B., ... & Langdon, C. (2021). Introduction and evaluation on the US West Coast of a new strain (Midori) of Pacific oyster (*Crassostrea gigas*) collected from the Ariake Sea, southern Japan. *Aquaculture*, 531, 735970.
 25. de Melo, C. M. R., Divilov, K., Schoolfield, B., & Langdon, C. (2019). Selection of group and individual traits of Pacific oysters (*Crassostrea gigas*) on the West Coast, US. *Aquaculture*, 512, 734389.
 26. de Melo, C. M. R., Durland, E., & Langdon, C. (2016). Improvements in desirable traits of the Pacific oyster, *Crassostrea gigas*, as a result of five generations of selection on the West Coast, USA. *Aquaculture*, 460, 105-115.

27. Dégremont, L., Azéma, P., Maurouard, E., & Travers, M. A. (2020). Enhancing resistance to *Vibrio aestuarianus* in *Crassostrea gigas* by selection. *Aquaculture*, 526, 735429.
28. Dégremont, L., Bédier, E., Soletchnik, P., Ropert, M., Huvet, A., Moal, J., ... & Boudry, P. (2005). Relative importance of family, site, and field placement timing on survival, growth, and yield of hatchery-produced Pacific oyster spat (*Crassostrea gigas*). *Aquaculture*, 249(1-4), 213-229.
29. Dégremont, L., Ernande, B., Bédier, E., & Boudry, P. (2007). Summer mortality of hatchery-produced Pacific oyster spat (*Crassostrea gigas*). I. Estimation of genetic parameters for survival and growth. *Aquaculture*, 262(1), 41-53.
30. Dégremont, L., Nourry, M., & Maurouard, E. (2015). Mass selection for survival and resistance to OsHV-1 infection in *Crassostrea gigas* spat in field conditions: Response to selection after four generations. *Aquaculture*, 446, 111-121.
31. Dong, Z. G., Chen, Y. H., Ge, H. X., Li, X. Y., Wu, H. L., Wang, C. H., ... & Che, H. (2018). Response of growth and development of the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*) to thermal discharge from a nuclear power plant. *BMC ecology*, 18, 1-11.
32. Dunham, R. 2023. *Aquaculture and fisheries biotechnology: genetic approaches* (3rd ed.). CABI Publishing, Wallingford.
33. Elnifro, E. M., Ashshi, A. M., Cooper, R. J., & Klapper, P. E. (2000). Multiplex PCR: Optimization and application in diagnostic virology. *Clinical Microbiology Reviews*, 13(4), 559-570.
34. Evanno, G., Regnaut, S., & Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study. *Molecular Ecology*, 14(8), 2611-2620.
35. Evans, O., Hick, P., & Whittington, R. J. (2016). Comparison of two external tagging methods used for the identification of individual adult Pacific oysters, *Crassostrea gigas*. *Journal of shellfish research*, 35(4), 837-840.
36. Evans, S., & Langdon, C. (2006). Effects of genotype $\times$ environment interactions on the selection of broadly adapted Pacific oysters (*Crassostrea gigas*). *Aquaculture*, 261(2), 522-534.
37. Excoffier, L., & Lischer, H. E. (2010). Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular ecology resources*, 10(3), 564-567.
38. Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to quantitative genetics* (4th ed.). Harlow, United Kingdom: Addison Wesley Longman.
39. Falush, D., Stephens, M., & Pritchard, J. K. (2003). Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, 164(4), 1567-1587.

40. FAO, 2024. The State of World Fisheries and Aquaculture 2024. (Rome: FAO) p 22.
41. Ferguson, M. M., & Danzmann, R. G. (1998). Role of genetic markers in fisheries and aquaculture: useful tools or stamp collecting?. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 55(7), 1553-1563.
42. Fernández, J., Villanueva, B., Pong-Wong, R., & Toro, M. A. (2005). Efficiency of the use of pedigree and molecular marker information in conservation programs. *Genetics*, 170(3), 1313-1321.
43. Flores-Vergara, C., Cordero-Esquivel, B., Cerón-Ortiz, A. N., & Arredondo-Vega, B. O. (2004). Combined effects of temperature and diet on growth and biochemical composition of the Pacific oyster *Crassostrea gigas* (Thunberg) spat. *Aquaculture Research*, 35(12), 1131-1140.
44. Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R., & Vrijenhoek, R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Mol. Mar. Biol. Biotechnol.*, 3: 294-299.
45. Gangnery, A., Chabirand, J. M., Lagarde, F., Le Gall, P., Oheix, J., Bacher, C., & Buestel, D. (2003). Growth model of the Pacific oyster, *Crassostrea gigas*, cultured in Thau Lagoon (Méditerranée, France). *Aquaculture*, 215(1-4), 267-290.
46. Getabalew, M., Alemneh, T., Akebereg, D. (2019). Heritability and its Use in Animal Breeding. *Int J Vet Sci Technol*. 4(1): 001-005.
47. Gjedrem, T. (Ed.). (2005). *Selection and breeding programs in aquaculture* (1st ed.). Dordrecht, Netherlands: Springer Nature.
48. Gjedrem, T. (2012). Genetic improvement for the development of efficient global aquaculture: a personal opinion review. *Aquaculture*, 344, 12-22.
49. Gjedrem, T., & Rye, M. (2018). Selection response in fish and shellfish: a review. *Reviews in Aquaculture*, 10(1), 168-179.
50. Gjedrem, T., & Thodesen, J. (2005). *Selection*. In *Selection and breeding programs in aquaculture* (pp. 89-111). Dordrecht: Springer Netherlands.
51. Gjedrem, T., Gjøen, H. M., & Gjerde, B. (1991). Genetic origin of Norwegian farmed Atlantic salmon. *Aquaculture*, 98(1-3), 41-50.
52. Gjerde, B., Reddy, P. V., Mahapatra, K. D., Saha, J. N., Jana, R. K., Meher, P. K., ... & Rye, M. (2002). Growth and survival in two complete diallele crosses with five stocks of Rohu carp (*Labeo rohita*). *Aquaculture*, 209(1-4), 103-115.
53. Gomes, R. B., Dybas, P. R., da SILVA, F. C., Sühnel, S., & de Albuquerque, M. C. P. (2018). Estimativa de parâmetros genéticos para crescimento e sobrevivência em ostras do pacífico (*Crassostrea gigas*). *Boletim do Instituto de Pesca*, 44(2), 251-266.

54. Guichoux, E., Lagache, L., Wagner, S., Chaumeil, P., Léger, P., Lepais, O., ... & Petit, R. J. (2011). Current trends in microsatellite genotyping. *Molecular Ecology Resources*, 11(4), 591–611.
55. Guo, X., Hedgecock, D., Hershberger, W. K., Cooper, K., & Allen, S. K., Jr. (1998). Genetic determinants of protandric sex in the Pacific oyster, *Crassostrea gigas* Thunberg. *Evolution*, 52(2), 394–402.
56. Guo, X., Puritz, J. B., Wang, Z., Proestou, D., Allen, S. Jr., Small, J., Verbyla, K., Zhao, H., Haggard, J., Chriss, N., Zeng, D., Lundgren, K., Allam, B., Bushek, D., Gomez-Chiarri, M., Hare, M., Hollenbeck, C., La Peyre, J., Liu, M., Lotterhos, K. E., Plough, L., Rawson, P., Rikard, S., Saillant, E., Varney, R., Wikfors, G., & Wilbur, A. (2023). Development and evaluation of high-density SNP arrays for the eastern oyster *Crassostrea virginica*. *Marine Biotechnology*, 25(1), 174–191.
57. Gutierrez, A. P., Matika, O., Bean, T. P., & Houston, R. D. (2018). Genomic selection for growth traits in Pacific oyster (*Crassostrea gigas*): potential of low-density marker panels for breeding value prediction. *Frontiers in Genetics*, 9, 406679.
58. Hale, M. L., Burg, T. M., & Steeves, T. E. (2012). Sampling for microsatellite-based population genetic studies: 25 to 30 individuals per population is enough to accurately estimate allele frequencies.
59. Han, Z., Guo, X., Lu, Z., Song, Y., Chen, R., Han, X., ... & Que, H. (2022). Heritability estimates for gonadal development traits and their genetic correlations with growth and heat tolerance traits in the Fujian Oyster *Crassostrea angulata*. *Frontiers in Marine Science*, 9, 986441.
60. Han, Z., Li, Q., Liu, S., & Kong, L. (2020). Crossbreeding of three different shell color lines in the Pacific oyster reveals high heterosis for survival but low heterosis for growth. *Aquaculture*, 529, 735621.
61. Hastein, T., Hill, B. J., Berthe, F., & Lightner, D. V. (2001). Traceability of aquatic animals. *Revue Scientifique Et Technique De L Office International Des Epizooties*, 20(2), 564-583.
62. Helm, M. M., Bourne, N., & Lovatelli, A. (Eds.). (2004). Hatchery culture of bivalves: A practical manual (FAO Fisheries Technical Paper No. 471). Food and Agriculture Organization of the United Nations.
63. Henegariu, O., Heerema, N. A., Dlouhy, S. R., Vance, G. H., & Vogt, P. H. (1997). Multiplex PCR: critical parameters and step-by-step protocol. *Biotechniques*, 23(3), 504-511.
64. Hillen, J. E. J., Coscia, I., Vandeputte, M., Herten, K., Hellemans, B., Maroso, F., ... & Volckaert, F. A. M. (2017). Estimates of genetic variability and inbreeding in experimentally selected populations of European sea bass. *Aquaculture*, 479, 742-749.

65. Holtsmark, M., Klemetsdal, G., Sonesson, A. K., & Woolliams, J. A. (2008). Establishing a base population for a breeding program in aquaculture, from multiple subpopulations, differentiated by genetic drift: I. Effects of the number of subpopulations, heritability and mating strategies using optimum contribution selection. *Aquaculture*, 274(2-4), 232-240.
66. Hsiao, S. T., Chuang, S. C., Chen, K. S., Ho, P. H., Wu, C. L., & Chen, C. A. (2016). DNA barcoding reveals that the common cupped oyster in Taiwan is the Portuguese oyster *Crassostrea angulata* (Ostreoida; Ostreidae), not *C. gigas*. *Scientific reports*, 6(1), 34057.
67. Hua, D., Jiao, Y., Neves, R., & Jones, J. (2015). Use of PIT tags to assess individual heterogeneity of laboratory-reared juveniles of the endangered Cumberlandian combshell (*Epioblasma brevidens*) in a mark-recapture study. *Ecology and evolution*, 5(5), 1076-1087.
68. Huvet, A., Gérard, A., Ledu, C., Phélipot, P., Heurtebise, S., & Boudry, P. (2002). Is fertility of hybrids enough to conclude that the two oysters *Crassostrea gigas* and *Crassostrea angulata* are the same species?. *Aquatic Living Resources*, 15(1), 45-52.
69. In, V. V., O'Connor, W., Dove, M., & Knibb, W. (2016). Can genetic diversity be maintained across multiple mass selection lines of Sydney rock oyster, *Saccostrea glomerata* despite loss within each?. *Aquaculture*, 454, 210-216.
70. In, V. V., Sang, V. V., O'Connor, W., Van, P. T., Dove, M., Knibb, W., & Nguyen, N. H. (2017). Are strain genetic effect and heterosis expression altered with culture system and rearing environment in the Portuguese oyster (*Crassostrea angulata*)?. *Aquaculture Research*, 48(8), 4058-4069.
71. Ivanova, N. V., Dewaard, J. R., & Hebert, P. D. (2006). An inexpensive, automation-friendly protocol for recovering high-quality DNA. *Molecular ecology notes*, 6(4), 998-1002.
72. Jarayabhand, P., & Thavornnyutikarn, M. (1995). Realized heritability estimation on growth rate of oyster, *Saccostrea cucullata* Born, 1778. *Aquaculture*, 138(1-4), 111-118.
73. Jiang, G., Li, Q., Xu, C., Liu, S., Kong, L., & Yu, H. (2021). Reciprocal hybrids derived from *Crassostrea gigas* and *C. angulata* exhibit high heterosis in growth, survival and thermotolerance in northern China. *Aquaculture*, 545, 737173.
74. Jiang, K., Chen, C., Jiang, G., Chi, Y., Xu, C., Kong, L., ... & Li, Q. (2024). Genetic improvement of oysters: current status, challenges, and prospects. *Reviews in Aquaculture*, 16(2), 796-817.
75. Kalinowski, S. T., Taper, M. L., & Marshall, T. C. (2007). Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular ecology*, 16(5), 1099-1106.

76. Kocour, M., Mauger, S., Rodina, M., Gela, D., Linhart, O., Vandeputte, M. (2007). Heritability estimates for processing and quality traits in common carp (*Cyprinus carpio* L.) using a molecular pedigree. *Aquaculture* 270: 43-50.
77. Kopelman, N. M., Mayzel, J., Jakobsson, M., Rosenberg, N. A., & Mayrose, I. (2015). Clumpak: A program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Molecular Ecology Resources*, 15(5), 1179–1191.
78. Kurth, J., Loftin, C., Zydlewski, J., & Rhymer, J. (2007). PIT tags increase effectiveness of freshwater mussel recaptures. *Journal of the North American Benthological Society*, 26(2), 253-260.
79. Langdon, C., Evans, F., Jacobson, D., & Blouin, M. (2003). Yields of cultured Pacific oysters *Crassostrea gigas* Thunberg improved after one generation of selection. *Aquaculture*, 220(1-4), 227-244.
80. Le, T. N. P., Vu, S. V., Ugalde, S. C., Subramanian, S., Gilmour, A., Dove, M., ... & O'Connor, W. (2023). The genetics and breeding of the Portuguese oyster, *Crassostrea angulata*: lessons, experiences, and challenges in Vietnam. *Frontiers in Marine Science*, 10, 1161009.
81. Leavitt, D., & Griffin, M. (2015, August). Does the flip bag improve oyster grade and quality?. In *Journal of Shellfish Research* (Vol. 34, No. 2, pp. 652-652).
82. Li, G., Hubert, S., Bucklin, K., Ribes, V., & Hedgecock, D. (2003). Characterization of 79 microsatellite DNA markers in the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Molecular Ecology Notes*, 3(2), 228–232.
83. Li, Q., Wang, Q., Liu, S., & Kong, L. (2011). Selection response and realized heritability for growth in three stocks of the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Fisheries Science*, 77, 643-648.
84. Liang, Y., Xu, C., & Li, Q. (2023). Heterosis and genetic diversity of intraspecific hybrids crosses between two selected lines of the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Aquaculture*, 569, 739369.
85. Liu, S., Li, L., Zhang, S., Wang, W., Yang, J., & Zhang, G. (2019). Heritability estimates for nutritional quality-related traits of the Pacific oyster, *Crassostrea gigas*. *Journal of the World Aquaculture Society*, 50(4), 738-748.
86. Liu, Z. J., & Cordes, J. F. (2004). DNA marker technologies and their applications in aquaculture genetics. *Aquaculture*, 238(1-4), 1-37.
87. Meuwissen, T., Hayes, B., & Goddard, M. (2013). Accelerating improvement of livestock with genomic selection. *Annu. Rev. Anim. Biosci.*, 1(1), 221-237.
88. Miah, G., Rafii, M. Y., Ismail, M. R., Puteh, A. B., Rahim, H. A., Islam, K. N., & Latif, M. A. (2013). A review of microsatellite markers and their applications in rice breeding programs to improve blast disease

- resistance. *International journal of molecular sciences*, 14(11), 22499-22528.
89. Miller, S. A., Dykes, D. D., & Polesky, H. (1988). A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic acids research*, 16(3), 1215.
 90. Naciri-Graven, Y., Martin, A. G., Baud, J. P., Renault, T., & Gérard, A. (1998). Selecting the flat oyster *Ostrea edulis* (L.) for survival when infected with the parasite *Bonamia ostreae*. *Journal of experimental marine Biology and Ecology*, 224(1), 91-107.
 91. Navarro, A., Oliva, V., Zamorano, M. J., Ginés, R., Izquierdo, M. S., Astorga, N., & Afonso, J. M. (2006). Evaluation of PIT system as a method to tag fingerlings of gilthead seabream (*Sparus auratus* L.): effects on growth, mortality and tag loss. *Aquaculture*, 257(1-4), 309-315.
 92. Nell, J. A., & Hand, R. E. (2003). Evaluation of the progeny of second-generation Sydney rock oyster *Saccostrea glomerata* (Gould, 1850) breeding lines for resistance to QX disease *Marteilia sydneyi*. *Aquaculture*, 228(1-4), 27-35.
 93. Nell, J. A., & Perkins, B. (2006). Evaluation of the progeny of third-generation Sydney rock oyster *Saccostrea glomerata* (Gould, 1850) breeding lines for resistance to QX disease *Marteilia sydneyi* and winter mortality *Bonamia roughleyi*. *Aquaculture Research*, 37(7), 693-700.
 94. Nell, J. A., Smith, I. R., & McPhee, C. C. (2000). The Sydney rock oyster *Saccostrea glomerata* (Gould 1850) breeding programme: progress and goals. *Aquaculture Research*, 31(1), 45-49.
 95. Nell, J. A., Smith, I. R., & Sheridan, A. K. (1999). Third generation evaluation of Sydney rock oyster *Saccostrea commercialis* (Iredale and Roughley) breeding lines. *Aquaculture*, 170(3-4), 195-203.
 96. O'connell, M., & Wright, J. M. (1997). Microsatellite DNA in fishes. *Reviews in fish biology and fisheries*, 7, 331-363.
 97. O'connor, W. A., & Dove, M. C. 2009. The changing face of oyster culture in New South Wales, Australia. *Journal of Shellfish Research*, 28(4), 803-811.
 98. Octavina, C., Yulianda, F., Krisanti, M., & Muchlisin, Z. A. (2015). Length-weight relationship of Ostreidae in the Kuala Gigieng estuary, Aceh Besar District, Indonesia. *Aquaculture, Aquarium, Conservation & Legislation*, 8(5), 817-823.
 99. Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012). GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—An update. *Bioinformatics*, 28(19), 2537–2539.
 100. Pierce, J., & O'Connor, W. (2014). Impact of oyster farming on rural community sustainability in North Vietnam. *Springer Netherlands*. 207-224.

101. Proestou, D. A., Vinyard, B. T., Corbett, R. J., Piesz, J., Allen Jr, S. K., Small, J. M., ... & Gómez-Chiarri, M. (2016). Performance of selectively-bred lines of eastern oyster, *Crassostrea virginica*, across eastern US estuaries. *Aquaculture*, 464, 17-27.
102. Puckett, E. E. (2017). Variability in total project and per sample genotyping costs under varying study designs including with microsatellites or SNPs to answer conservation genetic questions. *Conservation Genetics Resources*, 9(2), 289-304.
103. Qin, Y., Shi, G., Wan, W., Li, S., Li, Y., Li, J., ... & Yu, Z. (2023). Comparative analysis of growth, survival and sex proportion among tetraploid-based autotriploid (*Crassostrea gigas* and *C. angulata*) and their allotriploid oysters. *Aquaculture*, 563, 739026.
104. Raymond, M., & Rousset, F. (1995). GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism.
105. Robertson, A. (1959). The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics*, 15(3), 469-485.
106. Rybovich, M., La Peyre, M. K., Hall, S. G., & La Peyre, J. F. (2016). Increased temperatures combined with lowered salinities differentially impact oyster size class growth and mortality. *Journal of Shellfish Research*, 35(1), 101-113.
107. Salvi, D., & Mariottini, P. (2017). Molecular taxonomy in 2D: a novel ITS2 rRNA sequence-structure approach guides the description of the oysters' subfamily Saccostreinae and the genus Magallana (Bivalvia: Ostreidae). *Zoological Journal of the Linnean Society*, 179(2), 263-276.
108. Sauvage, C., Boudry, P., & Lapegue, S. (2009). Identification and characterization of 18 novel polymorphic microsatellite makers derived from expressed sequence tags in the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Molecular Ecology Resources*, 9(3), 853-855.
109. Tan, K. S., Zhang, H., Liu, H., Cheng, D., Ye, T., Ma, H., ... & Zheng, H. (2019). Enhancing lipid nutritional quality of oysters by hybridization between *Crassostrea gigas* and *C. angulata*. *Aquaculture Research*, 50(12), 3776-3782.
110. Thai, B. T., Burrridge, C. P., & Austin, C. M. (2007). Genetic diversity of common carp (*Cyprinus carpio* L.) in Vietnam using four microsatellite loci. *Aquaculture*, 269(1-4), 174-186.
111. Thai, B. T., Tan, M. H., Lee, Y. P., Gan, H. M., Tran, T. T., & Austin, C. M. (2016). Characterisation of 12 microsatellite loci in the Vietnamese commercial clam *Lutraria rhynchaena* Jonas 1844 (Heterodonta: Bivalvia: Mactridae) through next-generation sequencing. *Molecular biology reports*, 43, 391-396.

112. Thoa, N. P., Ninh, N. H., Hoa, N. T., Knibb, W., Diep, N. H., & Nguyen, N. H. (2016). Additive genetic and heterotic effects in a 4×4 complete diallel cross-population of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*, Linnaeus, 1758) reared in different water temperature environments in Northern Vietnam. *Aquaculture Research*, 47(3), 708-720.
113. Toro, J. E., & Aguila, P. R. (1996). Genetic differentiation of populations of the oyster *Ostrea chilensis* in southern Chile. *Aquatic Living Resources*, 9(1), 75-78.
114. Toro, J. E., & Newkirk, G. F. (1990). Phenotypic analysis in the Chilean oyster, *Ostrea chilensis* Philippi 1845: relationship between juvenile and adult growth rates. *Aquaculture Research*, 21(3), 285-292.
115. Varney, R. L., & Wilbur, A. E. (2020). Analysis of genetic variation and inbreeding among three lines of hatchery-reared *Crassostrea virginica* broodstock. *Aquaculture*, 527, 735452.
116. Van In, V., O'Connor, W., Van Sang, V., Van, P. T., & Knibb, W. (2017). Resolution of the controversial relationship between Pacific and Portuguese oysters internationally and in Vietnam. *Aquaculture*, 473, 389-399.
117. Vu, S. V., Gilmour, A. R., Nguyen, N. T., Dove, M., Van Vu, I., Le, T. S., ... & O'Connor, W. (2021a). Does genetic correlation change across environments for harvest whole weight and its uniformity in the Portuguese oyster (*Crassostrea angulata*). *Aquaculture*, 536, 736444.
118. Vu, S. V., Knibb, W., Gondro, C., Subramanian, S., Nguyen, N. T., Alam, M., ... & O'Connor, W. (2021b). Genomic prediction for whole weight, body shape, meat yield, and color traits in the Portuguese oyster *Crassostrea angulata*. *Frontiers in Genetics*, 12, 661276.
119. Vu, S. V., Knibb, W., Nguyen, N. T., Vu, I. V., O'Connor, W., Dove, M., & Nguyen, N. H. (2020a). First breeding program of the Portuguese oyster *Crassostrea angulata* demonstrated significant selection response in traits of economic importance. *Aquaculture*, 518, 734664.
120. Vu, S. V., Knibb, W., O'Connor, W., Nguyen, N. T., Van In, V., Dove, M., & Nguyen, N. H. (2020b). Genetic parameters for traits affecting consumer preferences for the Portuguese oyster, *Crassostrea angulata*. *Aquaculture*, 526, 735391.
121. Wan, S., Li, Q., Yu, H., Liu, S., & Kong, L. (2020). Estimating heritability for meat composition traits in the golden shell strain of Pacific oyster (*Crassostrea gigas*). *Aquaculture*, 516, 734532.
122. Wang, J., Wang, W., Liu, Y., Duo, L., Huang, L., & Jiang, X. (2009). The method of single-nucleotide variations detection using capillary electrophoresis and molecular beacons. *Molecular Biology Reports*, 36, 1903–1908.

123. Wang, Q., Li, Q., Kong, L., & Yu, R. (2012). Response to selection for fast growth in the second generation of Pacific oyster (*Crassostrea gigas*). *Journal of Ocean University of China*, 11, 413-418.
124. Wang, S., Wei, D., Cui, Z., Gao, Y., Zhou, L., Wu, B., ... & Sun, X. (2024). Crossbreeding of two populations of *Ruditapes philippenarum* reveals high growth and survival heterosis. *Aquaculture*, 578, 740087.
125. Wang, X., Li, Q., Yu, H., & Kong, L. (2016). Genetic variation assessed with microsatellites in mass selection lines of the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*) in China. *Journal of Ocean University of China*, 15, 1039–1045.
126. Ward, R. D., Thompson, P. A., Appleyard, S. A., Swan, A. A., & Kube, P. D. (2005). Sustainable genetic improvement of Pacific oysters in Tasmania and South Australia. *Fisheries Research and Development Corporation final report. Canberra, Australia*.
127. Yin, X., & Hedgcock, D. (2019). Bayesian hierarchical modeling of yield in incomplete diallel crosses of the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Aquaculture*, 510, 43-50.
128. Yu, H., Gao, S., Chen, A., Kong, L., & Li, Q. (2015). Genetic diversity and population structure of the ark shell *Scapharca broughtonii* along the coast of China based on microsatellites. *Biochemical Systematics and Ecology*, 58, 235-241.
129. Zhang, J., Li, Q., Xu, C., & Han, Z. (2019). Response to selection for growth in three selected strains of the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Aquaculture*, 503(9).
130. Zhang, K., Yang, Q., Du, M., Zhang, Z., Wang, W., Zhang, G., ... & Li, L. (2023). Genome-wide mapping of regulatory variants for temperature-and salinity-adaptive genes reveals genetic basis of genotype-by-environment interaction in *Crassostrea ariakensis*. *Environmental Research*, 236, 116614.
131. Zhong, X., Feng, D., Yu, H., Kong, L., & Li, Q. (2016). Genetic variation and breeding signature in mass selection lines of the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*) assessed by SNP markers. *Plos one*, 11(3), e0150868.

PHỤ LỤC

Phụ lục 1. Hệ số di truyền các tính trạng trên các loài hàu

Loài và tính trạng	Quốc gia	h^2	Tác giả
Sinh trưởng			
<i>C. virginica</i>	Canada	0,25-0,50	Newkirk et al., 1978
<i>O. chilensis</i>	Chile	0,34-0,61	Toro et al., 1990, 1996
<i>C. gigas</i>	Mỹ, Trung Quốc (TQ)	0,22-0,86	Langdon et al., 2003; Wang et al., 2012; Chi et al., 2021, 2023
<i>C. angulata</i>	Việt Nam	0,24	Vu et al., 2020a
<i>O. edulis</i>	Anh	0,22-0,45	Penaloza et al., 2022
Kháng bệnh			
<i>C. gigas</i> - <i>V. harveyi</i>	TQ	0,11-0,28	Li et al., 2011
<i>C. gigas</i> - OsHV-1	New Zealand	0,25-0,37	Gutierrez et al., 2020
<i>C. gigas</i> - <i>V. alginolyticus</i> và <i>V. coralliititicus</i>	TQ, Hoa Kỳ	0,11-0,26	Zhai et al., 2021; Dietrich et al., 2022
Tỷ lệ sống <i>C. giga</i> và <i>C. virginica</i>	Mỹ, TQ	0,13-0,4	Chi et al., 2021, 2022; McCarty et al., 2022
Tỷ lệ thịt (%) (<i>C. angulata</i>)	Việt Nam	0,10-0,16	Vu et al., 2021b
Màu sắc vỏ (<i>C. gigas</i>)	TQ	0,10-0,45	Chengxun et al., 2019; Wan et al., 2020, 2020
Chất lượng thịt (<i>C. gigas</i>)	TQ, Pháp	0,08-0,89	Liu et al., 2019; Wan et al., 2020; Jourdan et al., 2023
Sinh sản (<i>C. angulata</i>)	TQ	0,18-0,78	Han et al., 2022

Phụ lục 2. Các phương pháp chọn lọc quy mô trên hầu

Tên loài	Quốc gia	Phương pháp chọn lọc	Quy mô chọn lọc	Năm	Tài liệu tham khảo
<i>C. virginica</i>	Canada	Gia đình	Thí nghiệm	2021	Allen et al., 2021
<i>O. edulis</i>	Anh	Cá thể	Thí nghiệm	2022	Penaloza et al., 2022
<i>S. cucullata</i>	Thái Lan	Cá thể	Thương mại	1990	Jarayabhand et al., 1995
<i>S. glomerata</i>	Úc	Gia đình; cá thể	Thương mại	1990	Nell et al., 1999; Dove et al., 2013
<i>C. gigas</i>	Hoa Kỳ	Gia đình	Thương mại	1996	Langdon et al., 2003; de Melo et al., 2016
<i>C. gigas</i>	Úc	Gia đình; cá thể	Thương mại	1997	Ward et al., 2005
<i>C. gigas</i>	New Zealand	Gia đình	Thương mại	1999	Camara & Symonds, 2014
<i>C. gigas</i>	Pháp	Cá thể	Thí nghiệm	2009	Dégremont et al., 2015
<i>C. gigas</i>	Trung Quốc (TQ)	Cá thể	Thí nghiệm	2007	Wang et al., 2012; Zhong et al., 2016
<i>C. angulata</i>	Việt Nam	Gia đình	Thương mại	2014	Vu et al., 2020a
<i>C. nippona</i>	TQ	Cá thể	Thí nghiệm	2014	Hu et al., 2023
<i>C. sikamea</i>	TQ	Cá thể	Thí nghiệm	2012	Ma et al., 2023

Phụ lục 3. Các nghiên cứu chọn lọc dựa trên chỉ thị liên kết ở các loài hào

Loài	Số lượng	Tính trạng	Tài liệu tham khảo
<i>C. gigas</i>	820	Sinh trưởng	Gutierrez et al., 2018
<i>C. gigas</i>	762	Kháng bệnh OsHV-1	Gutierrez et al., 2020
<i>C. gigas</i>	2397	Sinh trưởng, tỷ lệ thịt, màu sắc	Jourdan et al., 2023
<i>C. angulata</i>	647	Hình thái, khả năng ăn được, kháng bệnh	Vu et al., 2021a
<i>C. virginica</i>	399	Chống chịu độ mặn thấp	McCarty et al., 2022

Phụ lục 4. Chỉ thị SNP được phát triển trên hào

Loài	Công nghệ	Mật độ SNP	Tài liệu tham khảo
<i>C. gigas</i> và <i>O. edulis</i>	Illumina Goldengate	384	Lapègue et al., 2014
<i>C. gigas</i>	Affymetrix Axiom	190.000	Qi et al., 2017
<i>C. gigas</i> và <i>O. edulis</i>	Affymetrix Axiom	27.000 và 11.000	Gutierrez et al., 2017
<i>C. gigas</i>	Affymetrix Axiom	23.000	Gutierrez et al., 2018
<i>C. ariakensis</i>		30.000	Zhang et al., 2023
<i>C. virginica</i>	Affymetrix Axiom	200.000	Xuereb et al., 2023
<i>C. virginica</i>	Affymetrix Axiom	566.000 và 66.000	Guo et al., 2023

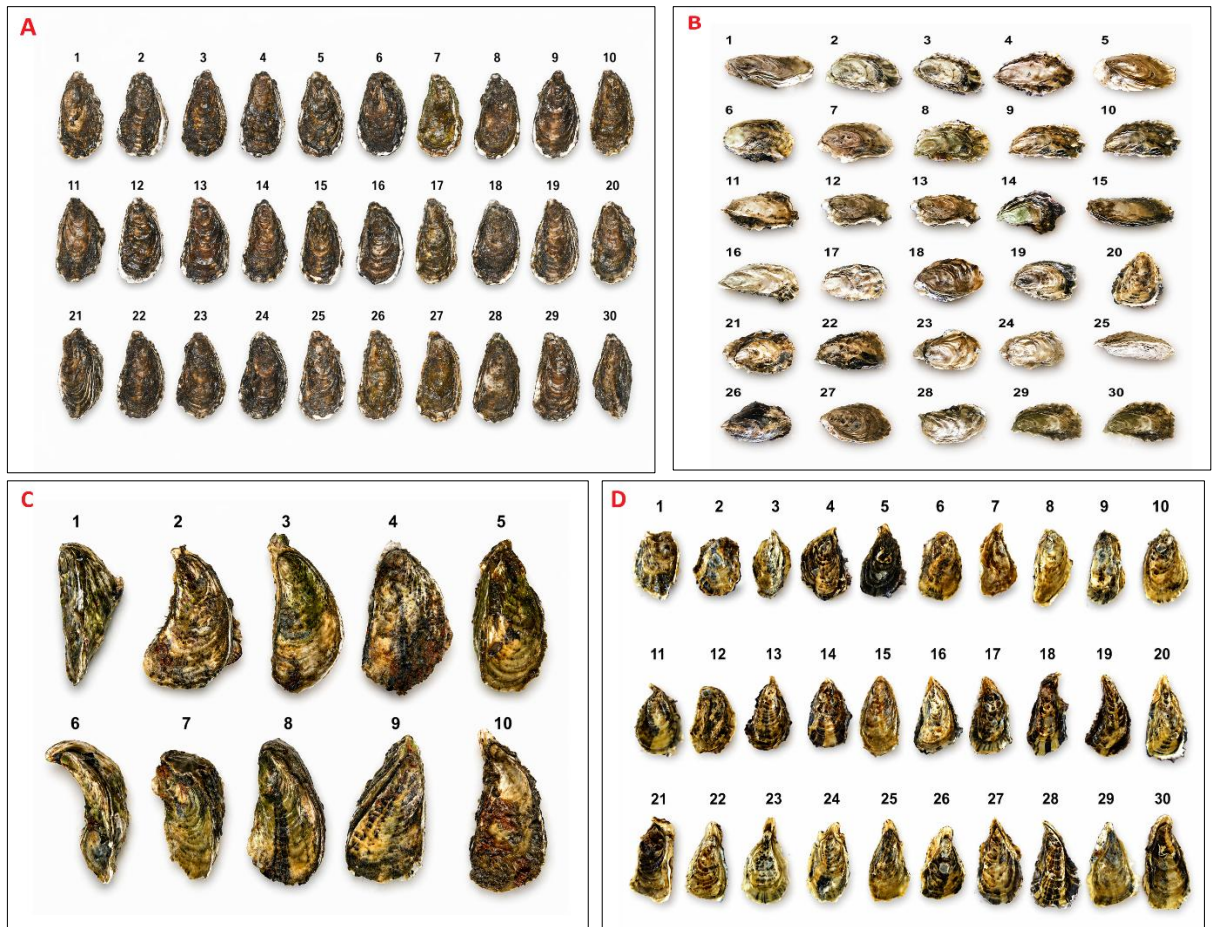
Phụ lục 5. Hiệu quả chọn lọc (R) các tính trạng trên hàu

Loài và tính trạng	Số thể hệ	R (%)	Tác giả
Khối lượng thân (g)			
<i>O. edulis</i>	1-2	17,0-20,0	Barber et al., 1998
<i>O. chilensis</i>	1	10,5	Toro et al., 1996
<i>S. commercialis</i>	1	4,1	Nell et al., 1999
<i>S. glomerata</i>	2	9,0	Nell et al., 2000
<i>C. gigas</i>	5-6	2,26-24,6	Langdon et al., 2003; de Melo et al., 2016; Zhang et al., 2019
<i>C. angulata</i>	3	17,4	Vu et al., 2020a
Chiều dài vỏ (mm)			
<i>C. gigas</i>	1-2	8,8-15,2	Li et al., 2011; Wang et al., 2012; Zhang et al., 2019
<i>C. nippona</i>	3	9,2-11,1	Hu et al., 2022
<i>C. sikamea</i>	3	5,5-9,5	Ma et al., 2023
Sản lượng			
<i>C. gigas</i>	5	19	de Melo et al., 2016
Tỷ lệ và sản lượng thịt (%)			
<i>C. angulata</i>	3	3,67	Vu et al., 2021b
Tỷ lệ sống (%)			
<i>C. gigas</i>	3-5	15,7-41,97	de Melo et al., 2016; Chi et al., 2022
Kháng bệnh			
<i>S. glomerata</i> - <i>M. sydney</i> và <i>QX</i>	2	11,0-71,55	Nell & Hand, 2003; Nell et al., 2003, 2006; Dove et al., 2013a,b
<i>C. virginica</i> - MSX & Dermo	4	29,6-61	Calvo et al., 2003
<i>C. gigas</i> – OsHV-1 + <i>V. aestuarianus</i>	1-4	11-68	Dégremont et al., 2015, 2020

Phụ lục 6. Vị trí thu thập bốn dòng hầu sữa vật liệu ban đầu
(4 địa điểm thu thập vật liệu ban đầu là các vị trí có màu đỏ)



Phụ lục 7. Hình thái bên ngoài của 04 quần đàn hào sữa vật liệu ban đầu (A – Bà Rịa – Vũng Tàu, B – Khánh Hòa, C – Quảng Ninh, D – Đài Loan



Phụ lục 8. Hồ sơ nhập khẩu hải sản *Crassostrea angulata* từ Đài Loan

BỘ NÔNG NGHIỆP
VÀ PHÁT TRIỂN NÔNG THÔN
TỔNG CỤC THỦY SẢN

CỘNG HÒA XÃ HỘI CHỦ NGHĨA VIỆT NAM
Độc lập - Tự do - Hạnh phúc

Số: 1104 /GP-TCTS-NTTS

Hà Nội, ngày 11 tháng 7 năm 2022

GIẤY PHÉP NHẬP KHẨU GIỐNG THỦY SẢN

Căn cứ Quyết định số 27/2017/QĐ-TTg ngày 03/7/2017 của Thủ tướng Chính phủ quy định chức năng, nhiệm vụ, quyền hạn và cơ cấu tổ chức của Tổng cục Thủy sản trực thuộc Bộ Nông nghiệp và Phát triển nông thôn;

Căn cứ Nghị định số 26/2019/NĐ-CP ngày 08/3/2019 của Chính phủ quy định chi tiết một số điều và biện pháp thi hành Luật Thủy sản;

Căn cứ Quyết định số 361/QĐ-SKHCN ngày 16/5/2022 của Sở Khoa học và Công nghệ Thành phố Hồ Chí Minh về việc điều chỉnh Điều 1 và Điều 2 của Quyết định số 723/QĐ-SKHCN ngày 14/7/2020 của Sở Khoa học và Công nghệ;

Căn cứ Quyết định số 723/QĐ-SKHCN ngày 14/7/2020 của Sở Khoa học và Công nghệ về việc phê duyệt nhiệm vụ nghiên cứu khoa học và công nghệ;

Xét Đơn đề nghị cấp phép nhập khẩu giống thủy sản số 196/VTS.II ngày 13/6/2022 của Viện Nghiên cứu Nuôi trồng thủy sản II và hồ sơ kèm theo;

Theo đề nghị của Vụ trưởng Vụ Nuôi trồng thủy sản tại Phiếu thẩm định hồ sơ số 152/NTTS-TĐHS ngày 07/7/2022;

Tổng cục Thủy sản đồng ý cấp phép nhập khẩu giống thủy sản để nghiên cứu khoa học, như sau:

Tên cơ sở: Viện Nghiên cứu Nuôi trồng thủy sản II;

Địa chỉ: 116 Nguyễn Đình Chiểu, phường Đa Kao, quận 1, Tp. Hồ Chí Minh.

Điện thoại: 028 38299592; Fax: 028 38226807; Email: ria2@mard.gov.vn;

Được phép nhập khẩu giống thủy sản:

1. Tên tiếng Việt, tên tiếng Anh, tên khoa học:

- Tên tiếng Việt: Hàu sữa (hay hàu Bò Đào Nha)

- Tên tiếng Anh: Portuguese oyster;

- Tên khoa học: *Crassostrea angulata*

2. Số lượng: 5.000 con

3. Kích cỡ: 40 ÷ 100g/con;

4. Quy cách bao gói: đóng thùng xốp, khô, bảo quản mát bằng đá gel, đáp ứng quy định vận chuyển hàng không;

5. Tên, địa chỉ cơ sở xuất khẩu: Long Life Pet Fish Co., Ltd (địa chỉ: 1F., No. 47 Lane 2, Jianfeng Rd., Pingtung City, Pingtung County 900, Taiwan (R.O.C));

6. Thời gian nhập khẩu: Từ tháng 7 đến hết tháng 12/2022.

7. Cửa khẩu nhập khẩu: Sân bay quốc tế Tân Sơn Nhất

8. Mục đích nhập khẩu: Nghiên cứu khoa học (Đề tài: Nghiên cứu chọn giống tăng trưởng hào sứa (*Crassostrea angulata*) và thử nghiệm nuôi thích nghi hào Thái Bình Dương (*Crassostrea gigas* Thunberg, 1973) tại thành phố Hồ Chí Minh và các tỉnh Nam bộ);

Giấy phép này có giá trị kể từ ngày ký đến hết tháng 12/2022;

Cơ sở phải thực hiện theo các quy định của pháp luật hiện hành./.

Nơi nhận:

- Cục Thú y (p/h);
- Chi cục Hải quan cửa khẩu Sân bay quốc tế Tân Sơn Nhất (biết, p/h);
- Viện NC NTTS II (nhập khẩu);
- Sở Nông nghiệp và Phát triển nông thôn tỉnh Bà Rịa – Vũng Tàu (phối hợp giám sát);
- Lưu: VT, NTTS.

TỔNG CỤC TRƯỞNG



Trần Đình Luân

Độc lập – Tự do – Hạnh phúc

TP. Hồ Chí Minh, ngày 18 tháng 07 năm 2022

Số: 107/HĐ-VTS.II

*Căn cứ Hợp đồng số 177/HĐ-VTS.II ngày 02 tháng 10 năm 2020 giữa Viện Nghiên Cứu nuôi trồng Thủy sản II và CÔNG TY TNHH TMDV THIẾT BỊ VÀ HÓA CHẤT KHKT NAM Ý về việc Thực hiện Gói thầu 1 “Hầu bố mẹ, dẫu màu và tảo giống” thuộc nhiệm vụ: “Nghiên cứu chọn giống tăng trưởng và thử nghiệm nuôi thích nghi Hầu Thái Bình Dương (*Crassostrea gigas* Thunberg, 1793) tại Thành phố Hồ Chí Minh và các Tỉnh Nam Bộ”*

Căn cứ phụ lục hợp đồng số 02/2021/PLHĐ-VTS.II ngày 10 tháng 05 năm 2021 giữa Viện Nghiên Cứu nuôi trồng Thủy sản II và CÔNG TY TNHH TMDV THIẾT BỊ VÀ HÓA CHẤT KHKTNAM Ý về việc thay đổi địa điểm nhập hàng Thái Bình Dương.

Căn cứ phụ lục hợp đồng số Số 177-HĐ/PLHĐ-VTS.II ngày 18 tháng 05 năm 2022 giữa Viện Nghiên Cứu nuôi trồng Thủy sản II và CÔNG TY TNHH TMDV THIẾT BỊ VÀ HÓA CHẤT KHKT NAM Ý về việc thay đổi đối tượng và địa điểm nhập hàng.

Căn cứ giấy phép số 1104/GP-TCTS-NTTS ngày 11 tháng 07 năm 2022 của Tổng Cục Thủy Sản cấp phép cho Viện Nghiên cứu NTTS II nhập khẩu đầu sứa (hay đầu Bồ Đào Nha) (*Crassostrea angulata*) từ Đài Loan về Việt Nam.

Chúng tôi, đại diện cho các bên ký Hợp đồng gồm có:

BÊN A (Bên ủy thác):

VIỆN NGHIÊN CỨU NUÔI TRỒNG THỦY SẢN II

- Đại diện: Ông Nguyễn Thanh Tùng và Ông Nguyễn Thành Luân
- Địa chỉ: 116 Nguyễn Đình Chiểu, phường Đa Kao, Quận 1, Tp.HCM
- Điện thoại: 028.38299592
- Tài khoản số: 3713.0.1054920.00000
- MST: 0301460138
- Chức vụ: Viện Trưởng
- Chức vụ: Chủ nhiệm nhiệm vụ
- Fax: 028.38226807
- Tại: Kho bạc Nhà nước Quận 1, Tp.HCM

BÊN B (Bên nhận ủy thác):

CÔNG TY TNHH TMDV THIẾT BỊ VÀ HÓA CHẤT KHKT NAM Ý

- Đại diện : Ông **NGUYỄN HOÀNG TRÍ** - Chức vụ : Giám đốc
- Địa chỉ : 64 Chấn Hưng, Phường 6, Quận Tân Bình, TP.HCM.

- Điện thoại: 028 39707043 - Fax: 028 39707036
- Mã số thuế: 030 3755 095
- Tài khoản: 007.100.249.7155
- Tại Ngân hàng Vietcombank – CN Hùng Vương – TP.HCM
- Giấy CNĐK doanh nghiệp số 0303755095 do Phòng Đăng ký Kinh doanh- Sở Kế hoạch và Đầu tư –TP.HCM cấp (đăng ký lần đầu ngày 15/04/2005).

Theo hợp đồng số 177/HĐ-VTS.II ngày 02 tháng 10 năm 2020, và các phụ lục số 02/2021/PLHĐ-VTS.II ngày 10 tháng 05 năm 2021 và phụ lục số Số 177-HĐ/PLHĐ-VTS.II ngày 18 tháng 05 năm 2022 Bên B phải cung cấp 1.050 con hào Thái Bình Dương (*Crassostrea gigas*) nhập khẩu từ Nhật, Úc, Canada và 350 con hào sữa hay hào Bò Đào Nha (*Crassostrea angulata*) từ Đài Loan cho bên A. Tuy nhiên, loài hào sữa hay hào Bò Đào Nha (*Crassostrea angulata*) nhập khẩu vào Việt Nam cần phải được cấp phép của Tổng Cục Thủy Sản cho Viện Nghiên cứu Nuôi trồng thủy sản II. Số lượng nhập khẩu tối thiểu theo yêu cầu của đối tác xuất khẩu của Đài Loan là khoảng 1.000 con (tương đương 50 – 120kg). Vì vậy, hai bên thống nhất thỏa thuận nội dung hợp đồng như sau:

Điều 1. Nội dung công việc ủy thác :

Bên A ủy thác cho bên B nhập khẩu mặt hàng sau đây :

STT	Tên hàng	Đơn vị tính	Số lượng/ Trọng lượng	Ghi chú
1	Hào sữa hay hào Bò Đào Nha (<i>Crassostrea angulata</i>)	Con Kg	1.000 50 – 120	Nguồn gốc Hào: Đài Loan - Theo giấy phép số 1104/GP- TCTS-NTTS ngày 11 tháng 07 năm 2022 của Tổng Cục Thủy Sản

Điều 2. Thủ tục nhập khẩu hàng hóa:

- 2.1. Bên A có trách nhiệm chuyển cho bên B những giấy tờ cần thiết sau:
 - Giấy phép của Tổng cục Thủy sản cho phép nhập khẩu hào sữa hay hào Bò Đào Nha (*Crassostrea angulata*) từ Đài Loan về Việt Nam.
 - Các giấy tờ khác (nếu yêu cầu) liên quan đến việc nhập khẩu hàng hóa.
- 2.2. Bên B có trách nhiệm giao dịch với bên nước ngoài để nhập khẩu hàng hóa với điều kiện có lợi nhất cho bên A (Chất lượng tốt, kích cỡ, thời gian nhanh v.v...).
- 2.3. Bên A có trách nhiệm nhận hàng để bên B nhập về tại địa điểm và thời gian do bên B thông báo khi hàng về.

Điều 3. Quy cách, chất lượng và bảo quản hàng nhập khẩu :

- 3.1. Bên B có trách nhiệm tìm nguồn hàng nhập khẩu theo yêu cầu về qui cách, phẩm chất đúng nội dung đặt hàng của bên A như điều 1 của Hợp đồng này.
- 3.2. Quy chuẩn đóng hàng và nhiệt độ phù hợp với điều kiện sống của sản phẩm.
- 3.3. Quá trình bốc dỡ và vận chuyển sản phẩm ra hoặc vào kho lạnh phải sử dụng thiết bị phù hợp để bốc dỡ, vận chuyển sản phẩm nhẹ nhàng, nhanh chóng, tránh ảnh hưởng đến chất lượng sản phẩm.

Điều 4. Điều kiện thanh toán:

- 4.1. Sau khi bên B hoàn thành trách nhiệm như điều 1 của Hợp đồng này và đồng thời cam kết thực hiện đầy đủ các nghĩa vụ và trách nhiệm được nêu trong Hợp đồng.
- 4.2. Phương thức thanh toán: như điều 5 của Hợp đồng số 177/HĐ-VTS.II ngày 02/10/2020.

Điều 5. Điều khoản chung:

- 5.1. Quyền và nghĩa vụ mỗi bên được quy định trong Hợp đồng số 177/HĐ-VTS.II ngày 02/10/2020 không thay đổi.
- 5.2. Các điều khoản khác và nội dung thực hiện trong Hợp đồng số 177/HĐ-VTS.II ngày 02/10/2020 không thay đổi.

Điều 6. Hiệu lực của hợp đồng:

- 6.1. Hợp đồng này có hiệu lực kể từ ngày ký.
- 6.2. Hợp đồng này sẽ được làm thành 04 bản, có giá trị pháp lý như nhau, mỗi bên giữ 02 bản.

<u>ĐẠI DIỆN BÊN A</u> CHỦ NHIỆM NHIỆM VỤ VIỆN TRƯỞNG    NGUYỄN THÀNH LUÂN NGUYỄN THANH TÙNG	<u>ĐẠI DIỆN BÊN B</u> GIÁM ĐỐC   NGUYỄN HOANG TRÍ
---	---

297-83589295

297- 83589295

Shipper's Name and Address LONG LIFE PET FISH CO., LTD. 1F., NO.47, LN. 2, JIANFENG RD., PINGTUNG CITY, PINGTUNG COUNTY 900, TAIWAN (R.O.C.) TEL:08-7797878 ATTN:MS. LIAO		Shipper's Account Number		NOT NEGOTIABLE Air Waybill CHINA AIRLINES Issued by	
Consignee's Name and Address NAM Y CO., LTD. 64 CHAN HUNG STREET, WARD 6, TAN BINH DISTRICT, HO CHI MINH CITY, VIET NAM TEL:+84-08-39707043 ATTN:Mr. Nguyen Hoang Tri		Consignee's Account Number		Copies 1, 2 and 3 of this Air Waybill are originals and have the same validity. It is agreed that the goods described herein are accepted in apparent good order and condition (except as noted) for carriage SUBJECT TO THE CONDITIONS OF CONTRACT ON THE REVERSE HEREOF. ALL GOODS MAY BE CARRIED BY ANY OTHER MEANS INCLUDING ROAD OR ANY OTHER CARRIER UNLESS SPECIFIC CONTRARY INSTRUCTIONS ARE GIVEN HEREON BY THE SHIPPER, AND SHIPPER AGREES THAT THE SHIPMENT MAY BE CARRIED VIA INTERMEDIATE STOPPING PLACES WHICH THE CARRIER DEEMS APPROPRIATE. THE SHIPPER'S ATTENTION IS DRAWN TO THE NOTICE CONCERNING CARRIER'S LIMITATION OF LIABILITY. Shipper may increase such limitation of liability by declaring a higher value for carriage and paying a supplemental charge if required.	
Issuing Carrier's Agent Name and City Agent's Code 3439097		Account No.		Accounting Information FREIGHT PREPAID	
Airport of Departure (Addr. of First Carrier) and Requested Routing KAOHSIUNG, TAIWAN		Reference Number		Optional Shipping Information	
To TPE	By First Carrier C19002G/AUG.31	Routing and Destination to SGN	by CI781	to SEP.01	by
Airport of Destination HOCHIMINH CITY, VIETNAM		Requested Flight/Date		Currency TWD	CHGS Code PP
Amount of Insurance NIL		Declared Value For Carriage N.V.D.		Declared Value for Customs N.C.V.	
INSURANCE - If carrier offers insurance, and such insurance is requested in accordance with the conditions thereof, indicate amount to be insured in figures in box marked "Amount of Insurance."					
ATTENTION DOCUMENT "SPX" ** 24HR EMERGENCY TEL:886-8-7797878 ** ** KEEP COOL +8-+12 DEGREE C ** CARRIER WILL NOT BE LIABLE FOR ANY DAMAGE, INJURY, DEATH DUE TO TEMP VARIATION OR OTHER CIRCUMSTANCES BEYOND CARRIER CONTROL.					
SCI					
No of Pieces RCP 8	Gross Weight 145K	Kg lb	Rate Class N	Commodity Item No.	Chargeable Weight 145.0K
Rate 188.00TWD		Charge 27,260.00		Total 27,260.00	
Nature and Quantity of Goods (incl. Dimensions or Volume) CRASSOSTREA ANGULATA					
Prepaid TWD 27,260.00		Weight Charge Collect		Other Charges CB:TWD 40.00 MY:TWD 3,045.00	
Valuation Charge		Tax		Total Other Charges Due Agent	
Total Other Charges Due Carrier TWD 3,085.00		Total Prepaid TWD 30,345.00		Signature of Shipper or his Agent LONG LIFE PET FISH CO., LTD. RA00041	
Currency Conversion Rates		CC Charges in Dest. Currency		Signature of Issuing Carrier or its Agent YNN-1	
For Carrier's Use only at Destination		Charges at Destination		Total Collect Charges 31.AUG.2022 KHH at(place)	

ORIGINAL 3- FOR SHIPPER

297- 83589295

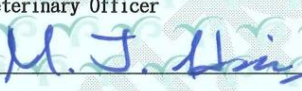
行政院農業委員會動植物防疫檢疫局
Bureau of Animal and Plant Health Inspection and Quarantine
Council of Agriculture, Executive Yuan

ORIGINAL

TAIWAN, REPUBLIC OF CHINA

輸出動物檢疫證明書
VETERINARY CERTIFICATE
for EXPORT of LIVE ANIMALS

證書號碼 Certificate No.
VP305010263008

1. 申請人 Applicant LONG LIFE PET-FISH CO., LTD. 長生觀賞魚有限公司		2. 收貨(件)人 Consignee NAM Y CO., LTD. 64 Chan Hung Street, Ward 6, Tan Binh District, Ho Chi Minh City, Viet Nam				
3. 輸出國 Exporting Country TW (TAIWAN, ROC)		4. 目的地國家 Country of Delivery Destination VN (VIET NAM)				
5. 檢疫日期 Date of Inspection Aug. 26, 2022		6. 輸出入 Exporter LONG LIFE PET-FISH CO., LTD.				
7. 檢疫處理 Quarantine Treatment THIS ITEM IS OMITTED.						
8. 貨物資訊 Description of Consignment						
項次 Item No.	貨物名稱 Description of Goods	數量 Quantity	淨重 (KGM) Net Weight	識別號碼 ID No.	雌雄 Sex	年齡 Age
0	Crassostrea angulata	8 BOXES	100	NIL	NIL	NIL
毛色及特徵 Color & Characteristics NIL						
總申報數量 Total Quantity 8 BOXES						
動物防疫檢疫說明 Sanitary information It is certified that there has been no outbreak of Rinderpest and Anthrax in Taiwan since 1951 and 1999 respectively. In addition, African Horse Sickness, African Swine Fever, Blackleg, Contagious Bovine Pleuropneumonia, Glanders and Peste des petits ruminants have not been known to occur in Taiwan, Republic of China. One zone covering Taiwan, Penghu and Matsu areas has been designated as the FMD free zone where vaccination was not practiced since June 13, 2020.						
9. 附註 Additional Declaration These products are taken from healthy breeding facilities and found free from infectious diseases. Name and Address of the farm of origin: Tan Hou Ocean Development Co., Ltd No. 54, Erkan, Xiyu Township, Penghu County, Taiwan (R.O.C.)						
中華民國動植物防疫檢疫局及其官員或代表不承擔簽發本證書的任何財經責任。 No financial liability with respect to this certificate shall attach to Bureau of Animal and Plant Health Inspection and Quarantine or to any of its officers or representatives.						
10. 發證日期 Date Issued Aug. 26, 2022				12. 印戳 Seal		
11. 簽署官員 Name of Veterinary Officer Hsieh, Meng Tung 簽名 Signature 						

5000358547



Long Life Pet Fish Co., Ltd.
 TEL/886-8-779-7878 FAX/886-8-778-4381
 Cell Phone/886-987787321 E-Mail/soniclonglife@gmail.com
 1F., No. 47 Lane 2, Jianfeng Rd., Pingtung City, Pingtung County 900, Taiwan(R.O.C.)

Invoice

Airfreight Fm: Taipei
 For account and risk of Messers

To: NAM Y CO., LTD.

64 Chan Hung Street, Ward 6, Tan Binh District,

Ho Chi Minh City, Viet Nam

Contact: Mr. Nguyen Hoang Tri

Tel: +84-08-39707043

Shipping date: Aug. 31th, 2022

Invoice No.: EX2022-Aug-1

Item No.	no.	Scientific Name	Qty	US\$/kg	Amount	BOX NO.
1	1	<i>Crassostrea angulata</i>	100kg (1000pcs)	7.00	700.00	1-8
					700.00	8 boxes

Long Life Pet Fish Co., Ltd.





Long Life Pet Fish Co., Ltd.
 TEL/886-8-779-7878 FAX/886-8-778-4381
 Cell Phone/886-987787321 E-Mail/ soniclifelonglife@gmail.com
 IF., No. 47 Lane 2, Jianfeng Rd., Pingtung City, Pingtung County 900, Taiwan(R.O.C.)

Packing List

Airfreight Fm: Taipei
 For account and risk of Messers

To: NAM Y CO., LTD.

64 Chan Hung Street, Ward 6, Tan Binh District,

Ho Chi Minh City, Viet Nam

Contact: Mr. Nguyen Hoang Tri

Tel: +84-08-39707043

Shipping date: Aug. 31th, 2022

Invoice No.: EX2022-Aug-1

Item No.	no.	Scientific Name	Qty	Packing	BOX NO.
1	1	<i>Crassostrea angulata</i>	100kg (1000pcs)	12.5 kgs *8 boxes	1-8
					8 boxes

Long Life Pet Fish Co., Ltd.



1. Exporter's Name and Address 53626616 LONG LIFE PET FISH CO., LTD. 1F., NO. 47, LN. 2, JIANFENG RD., PINGTUNG CITY, PINGTUNG COUNTY 900, TAIWAN	CERTIFICATE NO. EI22CC00002 Page 1 of 1 CERTIFICATE OF ORIGIN (Issued in Taiwan) ORIGINAL	
2. Importer's Name and Address NAM Y CO., LTD. 64 CHAN HUNG STREET, WARD 6, TAN BINH DISTRICT, HO CHI MINH CITY, VIET NAM	4. Port of Discharge HO CHI MINH CITY, VIETNAM 5. Country of Destination VIET NAM	
3. Port of Loading KAOHSIUNG TAIWAN		
6. Description of Goods; Packaging Marks and Numbers NO. 1-UP PRODUCT OF TAIWAN Crassostrea angulata SAY TOTAL 8 BOX ONLY.		7. Quantity/Unit 100 KGM 100 KGM vvvvvvvvvvvvvvvv
This certificate shall be considered null and void in case of any alteration.		
Certification It is hereby certified that the goods described in this certificate originate in Taiwan. KAOHSIUNG CHAMBER OF COMMERCE  Authorized signature No. 8, Cianguang Rd., Gushan District, Kaohsiung City 804, Taiwan Tel: 886-7-5318121 Fax: 886-7-5217761  AUG 31. 2022 Certificate of Origin KAOHSIUNG CHAMBER OF COMMERCE Date of Certification : AUG 31 2022		

CHI CỤC THỦ Y VÙNG VI
TRẠM KIỂM DỊCH ĐỘNG VẬT TÂN SƠN NHẤT



CỘNG HÒA XÃ HỘI CHỦ NGHĨA VIỆT NAM
Độc lập – Tự do – Hạnh phúc

Mẫu: 09 TS

**GIẤY CHỨNG NHẬN VẬN CHUYỂN
ĐỘNG VẬT, SẢN PHẨM ĐỘNG VẬT THỦY SẢN NHẬP KHẨU**

Số: **001768** /TSN-CN-VCTSNK

Công ty TNHH TM DV Thiết bị & Hóa chất KHKY Nam Ý
Số 64 Chấn Hưng, P.6, Q.Tân Bình, Tp.HCM

Họ tên chủ hàng (hoặc người đại diện):

Địa chỉ giao dịch:

Điện thoại:

Fax:

Email:

Nhập khẩu số động vật thủy sản/ sản phẩm động vật thủy sản sau:

Stt	Tên thương mại	Tên khoa học	Kích thước cá thể/Dạng sản phẩm ⁽¹⁾	Số lượng/ Trọng lượng
1	Hàu sữa (hàu Bò Đào Nha) AWB: 297-83589295	Crassostrea angulata ĐKBKD: 4306/2022/E002/ĐKB	40-100 g/con	1.000 con (100 kg)
			Tổng số	1.000 con

Mục đích sử dụng: Nghiên cứu khoa học

Quy cách đóng gói/ bảo quản: Thùng xốp

Số lượng bao gói: 08

Tên, địa chỉ tổ chức, cá nhân xuất khẩu: LONG LIFE PET FISH CO.,LTD
TAIWAN

Tên, địa chỉ cơ sở sản xuất:

TAN HOU OCEAN DEVELOPMENT CO.,LTD
TAIWAN

Vùng/nước xuất khẩu: TAIWAN

Nước quá cảnh:

Cửa khẩu nhập vào Việt Nam: Sân bay Tân Sơn Nhất

Thời gian nhập: 01/9/2022

Hồ sơ giấy tờ có liên quan: Văn bản đồng ý nhập khẩu của Cục Thú y số: 3758/TY-KDPS (16/8/2022)

Giấy chứng nhận kiểm dịch của nước xuất: VP305010263008 (26/8/2022)

CHỨNG NHẬN

Tôi kiểm dịch viên động vật ký tên dưới đây chứng nhận:

- Lô hàng nhập khẩu có đầy đủ giấy tờ hợp lệ.
- Thực trạng sức khỏe động vật thủy sản/ điều kiện vệ sinh thú y của sản phẩm thủy sản khi nhập khẩu:
- Phương tiện vận chuyển, các vật dụng khác có liên quan kèm theo đảm bảo tiêu chuẩn vệ sinh thú y, đã được khử trùng tiêu độc bằng nồng độ
- Được phép vận chuyển số hàng trên về:

Địa chỉ:

Nghiên cứu nuôi trồng thủy sản 23167 - Phụng Văn, Tp Vũng Tàu, Bà Rịa-Vũng Tàu.
Trung tâm quốc gia giống hải sản Nam Bộ - Viện

1. Số hàng trên phải được vận chuyển đến địa điểm nêu trên trước ngày

02/9/2022

2. Chỉ được vận chuyển theo lộ trình: Sân bay Tân Sơn Nhất đến địa điểm khu cách ly trên.

3. Nghiêm cấm vứt chất thải, rác thải, xác thủy sản trong quá trình vận chuyển.

Giấy có giá trị đến Trong ngày Cấp tại TP.HCM, ngày 01/9/2022

Kiểm dịch viên động vật

(Ký, ghi rõ họ tên)

TRƯỞNG TRẠM

(Ký, đóng dấu, ghi rõ họ tên)



TRƯỞNG TRẠM

CỤC THỦ Y
CHI CỤC THỦ Y VÙNG VI

CỘNG HÒA XÃ HỘI CHỦ NGHĨA VIỆT NAM
Độc lập - Tự do - Hạnh phúc

Số: 1588/TBCLKD

Tp. Hồ Chí Minh, ngày 07 tháng 9 năm 2022

THÔNG BÁO

Kết thúc thời gian cách ly kiểm dịch động vật thủy sản

1. Tên đơn vị nhập khẩu động vật: Công ty TNHH TMDV Thiết bị và hóa chất Khoa học kỹ thuật Nam Ý.
2. Loại động vật nhập khẩu: Hàu sữa (hàu Bò Đào Nha) (*Crassostrea angulata*).
3. Số ĐK: 4306/2022/E02/ĐKB.
4. Thời gian nhập khẩu: 01/9/2022; Trọng lượng: 1.000 con (100 kg);
Nguồn gốc: Đài Loan; Long Life Pet Fish Co., Ltd.
5. Tình trạng động vật khi vận chuyển đến khu cách ly kiểm dịch: (Trung Tâm Quốc Gia Giống Hải Sản Nam Bộ - Viện Nghiên Cứu Nuôi Trồng Thủy Sản 2; số 167 Đường Thùy Vân, TP. Vũng Tàu, Tỉnh Bà Rịa-Vũng Tàu) Bình thường.
6. Các giấy tờ kèm theo: Văn bản chấp thuận của Cục Thú y; Giấy chứng nhận kiểm dịch của nước xuất khẩu.
7. Tình hình động vật thủy sản trong thời gian nuôi cách ly kiểm dịch: Bình thường
 - a/ Số con ốm: 0 con
Triệu chứng lâm sàng: Không
Chẩn đoán: Không
 - b/ Số con chết: 0 con
Triệu chứng lâm sàng: Không
Bệnh tích: Không
Chẩn đoán: Không.
 - c/ Trọng lượng còn lại: 1.000 con (100 kg).
8. Động vật thủy sản trên không thực hiện lấy mẫu xét nghiệm bệnh, chỉ thực hiện theo dõi lâm sàng trong thời gian cách ly kiểm dịch.
9. Kết luận: **Toàn đàn hoàn toàn khỏe mạnh./.**

Nơi nhận:

- Cty TNHH TMDV TB&HCKHKT Nam Ý;
- Chi cục chăn nuôi và Thú y Bà Rịa-Vũng Tàu;
- Trạm KD ĐV Tân Sơn Nhất;
- Lưu: KD, TH.



PHÓ CHI CỤC TRƯỞNG
LÝ HOÀI VŨ

Phụ lục 9. Kết quả xét nghiệm sạch bệnh OsHV-1 thu thập 4 quần đàn hàu sữa

VIỆN NGHIÊN CỨU NUÔI TRỒNG THỦY SẢN II
TRUNG TÂM QUAN TRẮC MÔI TRƯỜNG
VÀ BỆNH THỦY SẢN NAM BỘ

116 Nguyễn Đình Chiểu - P. DaKao - Q. 1 - Thành phố Hồ Chí Minh
 ĐT: 028.38228976 - Fax: 028.38237051 - Email: ttqtria2@gmail.com



Kết quả in lần thứ 1

KẾT QUẢ THỬ NGHIỆM

Số: 210325VT-01

THÔNG TIN KHÁCH HÀNG:

Khách hàng: Trung tâm Quốc gia Giống Hải sản Nam Bộ.

Địa chỉ: 167 Thùy Vân, phường Thắng Tam, Tp. Vũng Tàu, Bà Rịa- Vũng Tàu.

Loại mẫu: Hàu

Mô tả mẫu: Mẫu cố định sẵn trong cón.

Ngày nhận mẫu: 05/09/2022

Phương pháp thử: OsHV-1 Realtime

STT	Kí hiệu mẫu	OsHV-1
1	1	Âm tính
2	2	Âm tính
3	3	Âm tính
4	4	Âm tính
5	N1	Âm tính
6	N2	Âm tính
7	N3	Âm tính
8	V1	Âm tính
9	V2	Âm tính
10	V3	Âm tính
11	D1	Âm tính
12	D2	Âm tính
13	D3	Âm tính
14	D4	Âm tính

Ghi chú:

Kết quả chỉ có giá trị trên mẫu gửi thử nghiệm

Âm tính: Mẫu không phát hiện mầm bệnh

OsHV-1: Ostrea Herpesvirus-1

Thời gian lưu mẫu: 5 ngày kể từ ngày ra phiếu kết quả

Dương tính: Mẫu có phát hiện mầm bệnh

Tp Hồ Chí Minh, ngày 07 tháng 09 năm 2022

PHÒNG NGHIÊN CỨU BỆNH THỦY SẢN
TRƯỜNG PHÒNG

TS. Nguyễn Việt Dũng



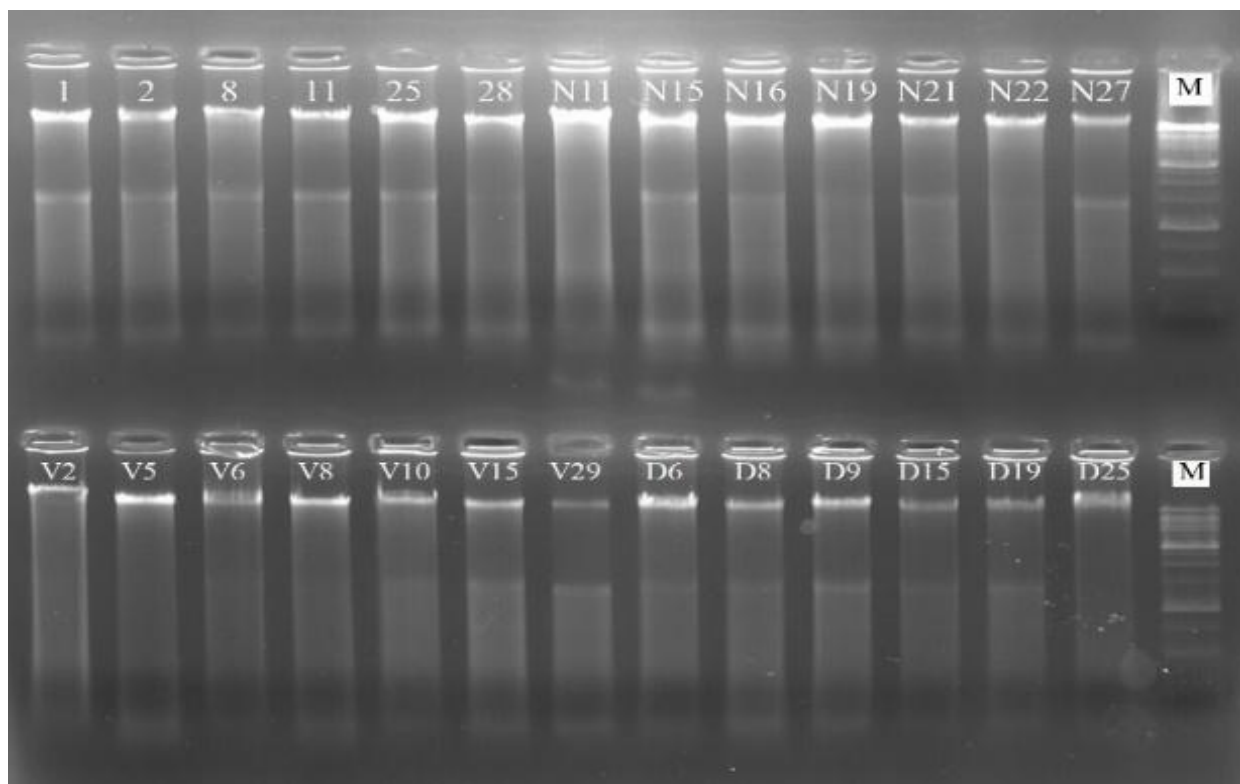
GIÁM ĐỐC

Lê Hồng Phước

Phụ lục 10. Thông tin 9 cặp mồi khảo sát chọn lựa chỉ thị microsatellite

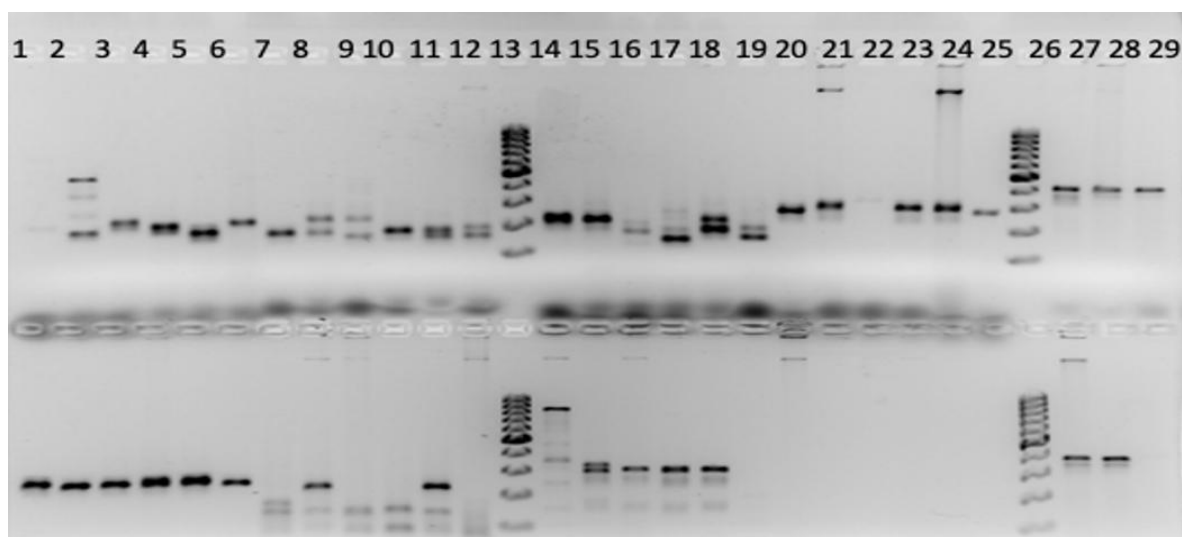
Tên mồi	Trình tự (5'→ 3')	Tác giả
L8F	AGAGGTTCAATGACGCTGGTG	Huvet et al., 2000
L8R	GATAAACAGTTTTCTGGTGTTAC	Huvet et al., 2000
L10F	GGTCAATTCAAAGTCAATTTCCC	Huvet et al., 2000
L10R	CATGTTTTCCCTTGACTGATCC	Huvet et al., 2000
L16F	CGGACGAATAAGATATTTGGTC	Huvet et al., 2000
L16R	TGGATCTGCGCATCATCTCG	Huvet et al., 2000
ucdCg-128F	CGGAGAGTCGTGTTCTGTTTT	Li et al., 2003
ucdCg-128R	TGAGAAACGGAGTTGCTTTTG	Li et al., 2003
ucdCg-139F	CCCAAACACCTTTACATTCCA	Li et al., 2003
ucdCg-139R	GGCAATTGTCGTTTTTCATTCA	Li et al., 2003
ucdCg-174F	CTTCCTGCTGCAGAACCTGT	Li et al., 2003
ucdCg-174R	AATGACGGGATGATGATGATG	Li et al., 2003
ucdCg-133F	GTTGGCGCGAAATATAGGAA	Li et al., 2003
ucdCg-133R	TGAACTTGTGATGTGCAGGA	Li et al., 2003
cgsili44F	TGGCATTTCATGGTTAATTT	Sauvage, 2009
cgsili44R	TGTTGTATGAAATGTCGGAA	Sauvage, 2009
cgsili57F	CAGTCCCTCTACGCTACATC	Sauvage, 2009
cgsili57R	ACACTACCGCTTTCCTGATA	Sauvage, 2009

Phụ lục 11. Các mẫu DNA tổng số đại diện cho bốn quần thể hàu trong nghiên cứu



Ghi chú: Hàng 1: Sáu cột đầu tiên được dán nhãn hiển thị tổng số DNA quần thể Vũng Tàu (1-28), bảy cột tiếp theo hiển thị tổng số DNA từ quần thể Khánh Hòa (N11-N27)); Hàng 2, bảy cột đầu tiên hiển thị tổng số DNA quần thể Quảng Ninh (V2-V29)) và sáu cột còn lại hiển thị tổng số DNA quần thể Đài Loan (D6-D25). Cột cuối cùng ở hai hàng hiển thị thang 1kb trong đó M là viết tắt của Marker.

Phụ lục 12. Điện di gel agarose 1,8% kiểm tra khả năng hoạt động của các chỉ thị



Hàng 1: cột 1-6: chỉ thị L8; cột 7-12: chỉ thị L10; cột 14-19: chỉ thị L16; cột 20-25: chỉ thị ucdCg-128; Hàng 2: cột 1-6: chỉ thị ucdCg-139; cột 7-12: chỉ thị ucdCg-174; cột 14-19: chỉ thị ucdCg-133

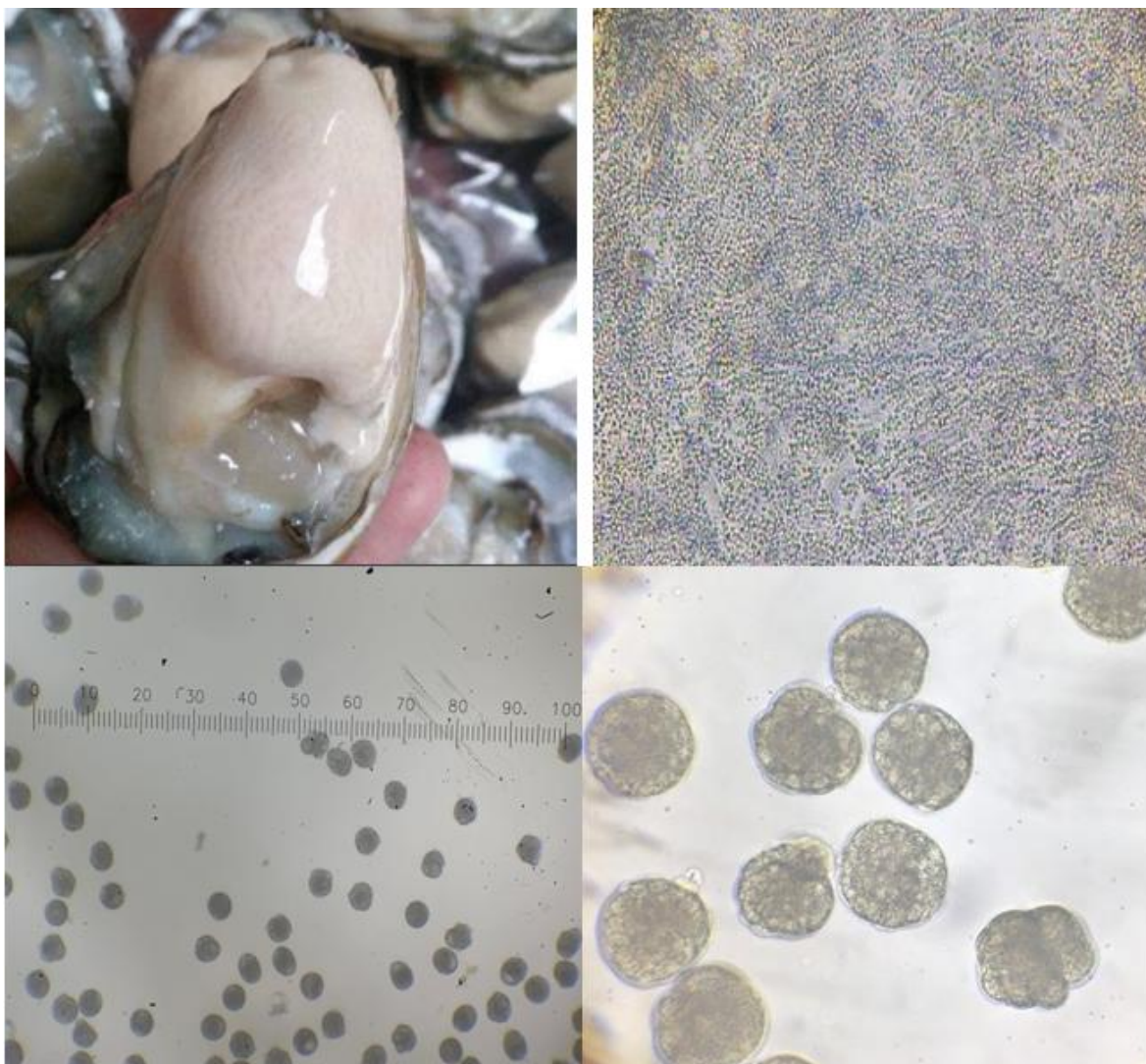
Phụ lục 13. Nuôi cấy tảo và ương nuôi ấu trùng hàu sữa



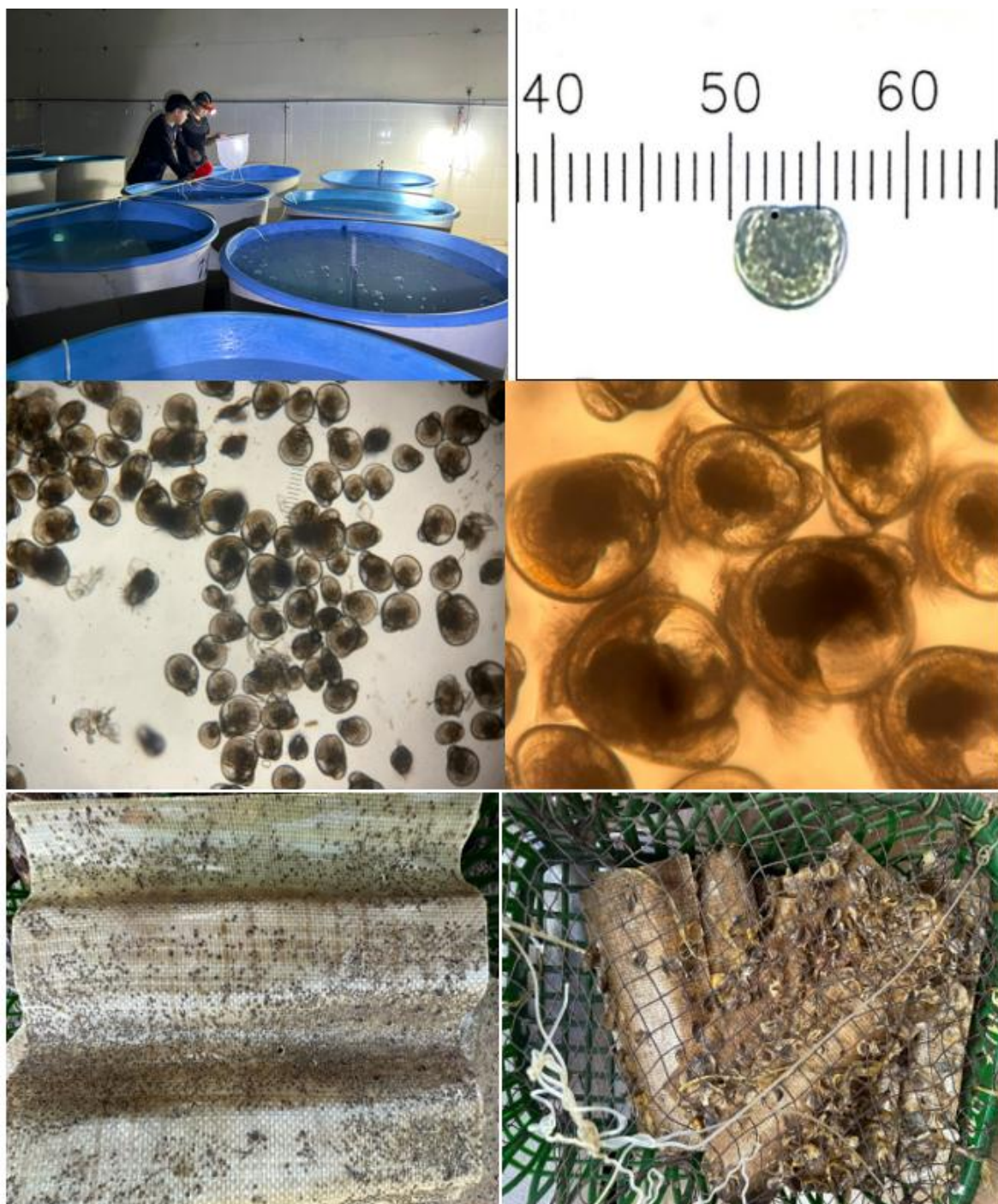
Phụ lục 14. Nuôi thuần dưỡng và nuôi vỗ hàu sữa bố mẹ trong điều kiện nhân tạo



Phụ lục 15. Kiểm tra chất lượng trứng và tinh hầu sữa bố mẹ cho sinh sản



Phụ lục 16. Phối ghép và ương nuôi ấu trùng gia đình hàu sữa các thể hệ



Phụ lục 17. Chế độ cho ăn các giai đoạn phát triển của ấu trùng hàu (Helm et al., 2004)

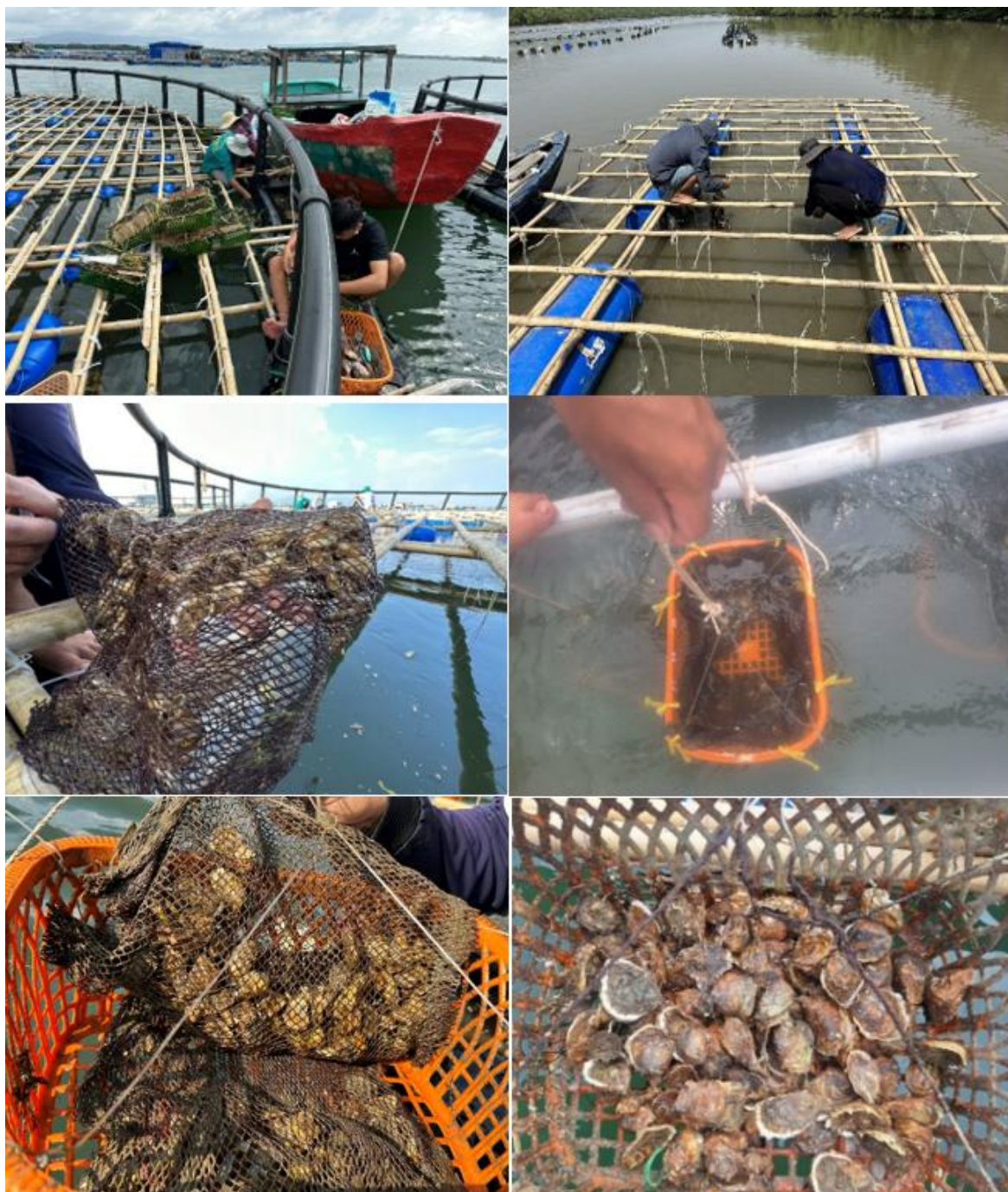
Giai đoạn	Tuổi (ngày)	Kích thước (μm)	Mật độ (AT/mL)	Loại thức ăn	Chế độ cho ăn	
					Mật độ (tb/mL)	Khẩu phần (lần/ ngày)
AT chữ D	1	70-90	10	100% Iso	20.000- 40.000	1
AT đỉnh vỏ trung kỳ	4-5	100-120	5-10	60% Iso; 40% Chaeto	60.000	2
AT đỉnh vỏ hậu kỳ	8-12	150-200	5-10	20% Tetra; 40% Iso; 40% Chaeto	80.000	2
AT điểm mắt	14-21	230-350	5	30% Iso; 30% Tetra; 40% Chaeto	140.000	2
AT bám	21	> 400	5	20% Iso; 20% Tetra; 30% Chaeto; 30% Skele	160.000	2

Iso: Isochrysis galbana, Chaeto: Chaetoceros sp., Tetra: Tetraselmis sp., Skele: Skeletonema sp., AT: ấu trùng

Phụ lục 18. Cân đo, đánh dấu cá thể

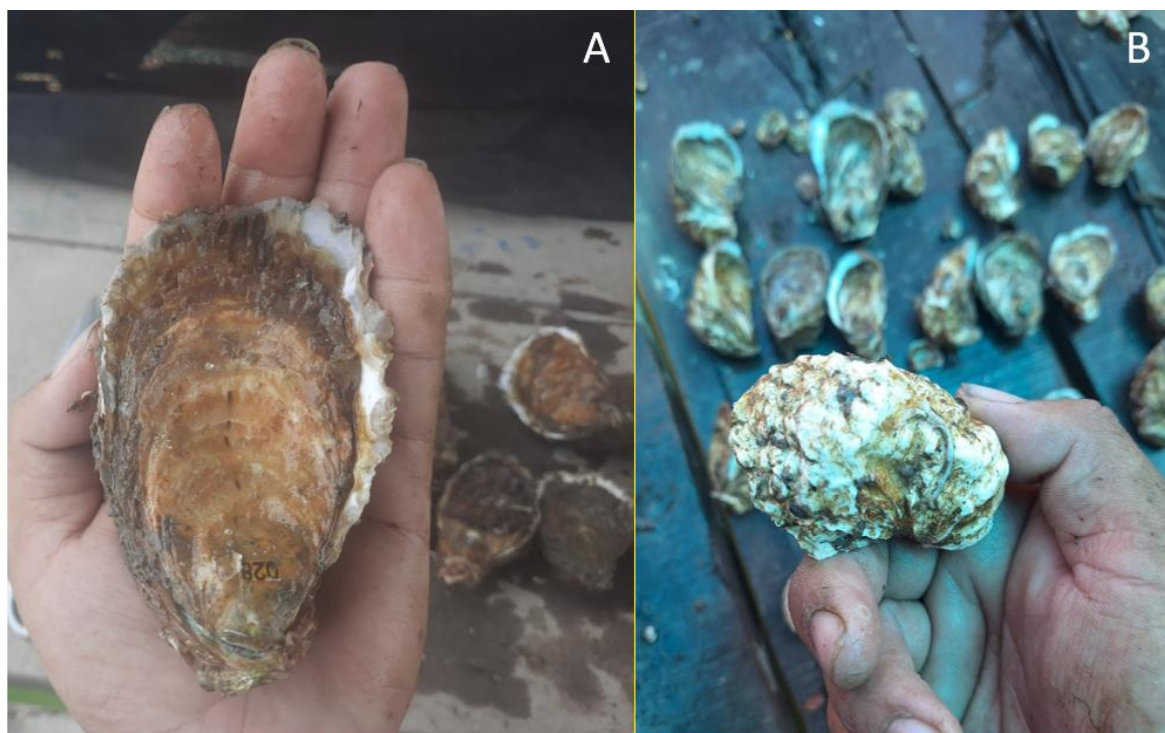


Phụ lục 19. Nuôi đánh giá sinh trưởng hào sữa tại các địa điểm



Phụ lục 20. Cân đo hào sứa khi thu hoạch nuôi đánh giá sinh trưởng



Phụ lục 21. Hình hào sữa bố mẹ lúc thu hoạch ở Long Sơn (A) và Long Hòa (B)**Phụ lục 22.** Phương sai (ANOVA) các ảnh hưởng cố định bằng mô hình GLM

Yếu tố ảnh hưởng	Khối lượng thân (g)			Tỷ lệ sống (%)		
	DF	F-value	P-value	DF	F-value	P-value
E	2	7102,13	<0,001	2	4548,53	<0,001
G	15	6,61	<0,001	15	16,99	<0,001
G×E	30	3,1	<0,001	30	7,51	<0,001
NurseAge	-	-	-	1	6,01	0,014
TotalAge	1	5,8	0,016	-	-	-
R ²		0,62			0,23	

GLM: General Linear Model; G: phép lai; NurseAge: thời gian ương các phép lai từ khi sinh sản tới khi thả nuôi đánh giá sinh trưởng; TotalAge: thời gian nuôi từ khi sinh sản tới thu hoạch đánh giá sinh trưởng; DF: Độ tự do; F-value: kiểm định F; P – value: mức ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$).

DANH MỤC CÁC CÔNG TRÌNH CÔNG BỐ LIÊN QUAN ĐẾN LUẬN ÁN

1. Nguyễn Thành Luân, Nguyễn Thị Mai Anh, Nguyễn Thảo Sương, Nguyễn Như Trí, Nguyễn Văn Sáng (2022). Đánh giá chất lượng sinh sản các quần đàn hào *Crassostrea angulata* Lamarck, 1819 làm vật liệu ban đầu cho chọn giống. *Tạp chí Nghề cá sông Cửu Long*, 23, 3-10.
2. Nguyễn Thành Luân, Nguyễn Thị Mai Anh, Nguyễn Thảo Sương, Nguyễn Thị Nga, Nguyễn Như Trí và Nguyễn Văn Sáng (2024). Nghiên cứu ảnh hưởng của chế độ dinh dưỡng lên tăng trưởng và tỷ lệ sống của ấu trùng hào sứa (*Crassostrea angulata*) phục vụ chọn giống. *Bản B của Tạp chí Khoa học và Công nghệ Việt Nam*, 66(11).
3. Nguyen, L. T., Nguyen, T. H., Nguyen, L. H., Le, N. H. K., Nguyen, S. T., Nguyen, T. M., Nguyen T. N. & Nguyen, S. V. (2025). Species identification and genetic diversity of Portuguese oyster (*Crassostrea angulata*): implications for breeding in Vietnam. *Indonesian Aquaculture Journal*, 20(1), 75-86.
4. Nguyen, L. T., Nguyen, A. M. T., Le, N. H. K., Nguyen, S. T., Nguyen, N. H., Nguyen, T. N., & Van Nguyen, S. (2025). Additive and non-additive genetic effects in complete diallel cross of *Crassostrea angulata* strains tested in monsoon tropical farming environments. *Aquaculture International*, 33(6), 600.
5. Nguyễn Thành Luân, Nguyễn Thị Mai Anh, Nguyễn Thảo Sương, Nguyễn Như Trí, Nguyễn Văn Sáng (2025). Thông số di truyền tính trạng sinh trưởng và tỷ lệ sống của hào sứa (*Crassostrea angulata*) chọn giống trong điều kiện nhiệt đới gió mùa Long Sơn, Vũng Tàu. *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển* (Xác nhận đăng ngày 10/10/2025).
6. Tham dự HỘI NGHỊ
Nguyễn Thành Luân, Nguyễn Hồng Lộc, Nguyễn Viết Dũng, Nguyễn Thảo Sương, Nguyễn Thị Mai Anh, Lê Đức Anh. Mối quan hệ di truyền giữa các quần đàn hào Bò Đào Nha *Crassostrea angulata* (Lamarck, 1819) thu thập tại Việt Nam và Đài Loan dựa trên phân tích trình tự gen ty thể. HỘI NGHỊ KHOA HỌC TRẺ TOÀN QUỐC NGÀNH THỦY SẢN – LẦN THỨ 12: PHÁT TRIỂN THỦY SẢN HIỆN ĐẠI VÀ BỀN VỮNG, ngày 23/6/2023 tại Trường Đại học Cần Thơ.