

**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**

TÓM TẮT LUẬN ÁN TIẾN SĨ NUÔI TRỒNG THỦY SẢN

Thành phố Hồ Chí Minh – 2026

Công trình được hoàn thành tại:

Trường Đại học Nông Lâm Thành phố Hồ Chí Minh

Danh sách các phản biện:

Phản biện 1:

Phản biện 2:

Luận án được bảo vệ trước hội đồng đánh giá luận án họp tại Trường Đại học Nông Lâm TP. Hồ Chí Minh.

Vào hồi , ngày tháng năm

Có thể tìm hiểu luận án tại :

1. Thư viện trường Đại học Nông Lâm TP. Hồ Chí Minh

MỞ ĐẦU

1.1. Đặt vấn đề

Hàu *Crassostrea angulata* (hàu sữa) là đối tượng nuôi chủ lực tại các vùng cận nhiệt đới và nhiệt đới nhờ tốc độ sinh trưởng nhanh, tỷ lệ sống cao và giá trị kinh tế lớn. Tại Việt Nam, hàu sữa được du nhập từ Đài Loan và sau hơn 15 năm đã phát triển mạnh ở miền Bắc và miền Trung, đang mở rộng vào miền Nam với sản lượng đạt khoảng 50.000 tấn. Tuy nhiên, sản xuất giống hiện chủ yếu dựa vào nguồn nhân tạo trong nước hoặc nhập khẩu thiếu cơ sở khoa học, dẫn đến suy giảm đa dạng di truyền, tăng cận huyết và suy giảm sinh trưởng, tỷ lệ sống và khả năng thích nghi. Các chương trình chọn giống hàu đã chứng minh hiệu quả rõ rệt trong việc cải thiện các tính trạng kinh tế, nâng cao sinh trưởng, năng suất và tính bền vững nghề nuôi (Gjedrem, 2005). Ở Việt Nam các chương trình chọn giống đã mang lại thành công trên một số đối tượng chủ lực như cá tra (Nguyễn Văn Sáng và ctv., 2021); cá rô phi đỏ (Phuc et al., 2025). Trong bối cảnh khí hậu Nam Bộ mang đặc trưng nhiệt đới gió mùa khác biệt với các vùng nghiên cứu trước đây, việc xây dựng chương trình chọn giống hàu sữa bài bản, có hệ thống từ thu thập nguồn vật liệu đa dạng di truyền phù hợp tới ước tính các thành phần di truyền các phép lai hỗn hợp để xây dựng quần đàn ban đầu và ước tính các thông số di truyền phục vụ chọn lọc nhằm cải thiện sinh trưởng và tỷ lệ sống là cấp thiết, góp phần nâng cao hiệu quả và phát triển bền vững nghề nuôi hàu sữa tại Nam Bộ và Việt Nam.

1.2. Mục tiêu của đề tài

Mục tiêu tổng quát: Đánh giá các đặc điểm di truyền các quần đàn hàu *Crassostrea angulata* phục vụ chọn giống.

Mục tiêu cụ thể:

- Đánh giá được đa dạng di truyền các dòng hàu 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

1.3. Đối tượng và phạm vi nghiên cứu

Đối tượng nghiên cứu: Hàu sữa (*Crassostrea angulata*) từ bốn dòng vật liệu ban đầu: Quảng Ninh, Khánh Hòa, Bà Rịa – Vũng Tàu và Đài Loan.

Phạm vi nghiên cứu: Đa dạng di truyền được đánh giá bằng năm chỉ thị microsatellite phục vụ xây dựng quần đàn vật liệu ban đầu. Trên cơ sở đó, các dòng được ghép phối tạo 84 gia đình và 16 phép lai hỗn hợp để đánh giá sinh trưởng và ước tính các ảnh hưởng di truyền, hình thành quần đàn G0. Tiếp theo, 80 gia đình G1 được nuôi đánh giá sinh trưởng nhằm ước tính các thông số di truyền, làm cơ sở chọn lọc quần đàn G1 và đề xuất chiến lược chọn giống trong dài hạn.

Địa điểm nghiên cứu: được thực hiện tại Trung tâm Quốc gia giống Hải sản Nam Bộ, Viện Nghiên cứu Nuôi trồng Thủy sản II và hai địa điểm nuôi đánh giá sinh trưởng tại Long Sơn (Bà Rịa – Vũng Tàu) và Long Hòa (TP. Hồ Chí Minh).

Thời gian nghiên cứu: từ tháng 9/2022 - 3/2024.

1.4. Nội dung nghiên cứu

Nội dung 1: Nội dung 1: Nghiên cứu đa dạng di truyền các dòng hàu *C. angulata* 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 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×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.

1.5. Tính mới của luận án

Luận án đã đóng góp những điểm mới quan trọng cho lĩnh vực chọn giống hàu 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 hàu 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 chọn giống hầu sữa ở Nam Bộ.

1.6. Ý nghĩa khoa học

Nghiên cứu đã xây dựng cơ sở dữ liệu di truyền phục vụ đào tạo và phát triển chương trình chọn giống hầu và thủy sản. Các đặc điểm di truyền, ảnh hưởng di truyền cộng gộp và không cộng gộp của các dòng thuần và lai đã được xác định để hình thành quần thể G0, đồng thời ước tính các thông số di truyền của quần thể G1. Đây là nền tảng khoa học quan trọng cho việc xây dựng chiến lược chọn lọc chính xác và hiệu quả cho các thế hệ tiếp theo.

1.7. Ý nghĩa thực tiễn

Xây dựng thành công quần đàn hầu sữa sinh trưởng nhanh thế hệ G1 trong điều kiện nhiệt đới Nam Bộ, từng bước chủ động nguồn giống trong nước, giảm nhập khẩu, rủi ro dịch bệnh và chi phí sản xuất. Chương trình đồng thời nâng cao sinh trưởng, tỷ lệ sống và khả năng thích nghi, duy trì đa dạng di truyền và hạn chế cận huyết, góp phần phát triển nghề nuôi hầu bền vững trong bối cảnh biến đổi khí hậu.

CHƯƠNG 1: TỔNG QUAN TÀI LIỆU

Đánh giá đa dạng di truyền bằng chỉ thị microsatellite là bước đầu tiên và có vai trò nền tảng trong thiết kế quần đàn ban đầu (G0) của chương trình chọn giống. Việc sử dụng các chỉ thị SSR có độ đa hình cao cho phép xác định chính xác mức độ đa dạng, cấu trúc di truyền và quan hệ huyết thống giữa các dòng vật liệu được thu thập từ các vùng sinh thái khác nhau. Thông qua phân tích số alen, độ dị hợp tử, hệ số cận huyết và cấu trúc phân nhóm di truyền, nghiên cứu làm rõ được sự khác biệt di truyền giữa các dòng, từ đó lựa chọn được nguồn vật liệu có đa dạng cao làm dòng hạt nhân và kiểm soát nguy cơ cận huyết ở các dòng có quan hệ gần. Đây là cơ sở khoa học quan trọng để duy trì biến dị di truyền, đảm bảo hiệu quả cải thiện lâu dài cho chương trình chọn giống hầu sữa tại miền Nam Việt Nam.

Trên cơ sở vật liệu ban đầu đã được đánh giá và chọn lọc, phép lai hỗn hợp được ứng dụng để ước tính các thành phần di truyền cộng gộp và không cộng gộp chi phối tính trạng sinh trưởng và tỷ lệ sống. Phương pháp lai có kiểm soát giữa các dòng khác nguồn gốc giúp phân tách ảnh hưởng di truyền cộng gộp, ảnh hưởng con mẹ và ưu thế lai, đồng thời đánh giá khả năng kết hợp chung và riêng của các dòng bố mẹ. Ảnh hưởng di truyền cộng gộp là thành phần chính và ổn định nhất, có thể khai thác hiệu quả thông qua chọn lọc dài hạn, trong khi ưu thế lai và ảnh hưởng con mẹ có xu hướng biến động tùy phép lai và điều kiện môi trường. Việc nhận diện rõ các thành phần di truyền này không chỉ giúp xác định chiến lược chọn giống phù hợp (ưu tiên chọn lọc theo hướng di truyền cộng gộp), mà còn góp phần duy trì đa dạng di truyền và tối ưu hóa hiệu quả sinh trưởng của đàn giống qua các thế hệ.

Từ nền tảng đó, các thông số di truyền chính như phương sai di truyền, hệ số di truyền, tương quan di truyền giữa các tính trạng, tương tác kiểu gen $\times$ môi trường và giá trị giống ước tính (EBV) được ước tính nhằm lượng hóa tiềm năng di truyền và hiệu quả chọn lọc của quần đàn. Phân tích dữ liệu bằng mô hình hỗn hợp (BLUP/REML) cho phép xác định hệ số di truyền cao cho khối lượng thân và trung bình cho tỷ lệ sống, phản ánh khả năng cải thiện đáng kể các tính trạng này qua chọn lọc. Tương quan di truyền thuận cao giữa các tính trạng sinh trưởng cho thấy có thể cải thiện đồng thời khối lượng và kích thước vỏ mà không làm giảm tỷ lệ sống. Kết quả cũng cho thấy tương tác kiểu gen $\times$ môi trường ở mức thấp đối với sinh trưởng, nhưng cao đối với tỷ lệ sống, gợi ý Long Sơn là môi trường hạt nhân thích hợp cho chọn lọc sinh trưởng, trong khi cần đánh giá đa môi trường cho tính trạng tỷ lệ sống. Giá trị giống ước tính (EBV) và hiệu quả chọn lọc (R) cho thấy quần đàn có tiềm năng cải thiện di truyền, với hiệu quả chọn lọc ước tính đạt gần 20%. Những kết quả này là cơ sở khoa học để xây dựng chiến lược chọn lọc thế hệ, kiểm soát cận huyết và phát triển chương trình chọn giống hầu sữa bền vững trong điều kiện nhiệt đới Nam Bộ.

CHƯƠNG 2. CƠ SỞ LÝ THUYẾT VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

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

1. Phương pháp nghiên cứu đa dạng di truyền các dòng hầu *C. angulata* 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. Phương pháp nghiên cứu khả năng sinh trưởng của các phép lai hỗn hợp hầu *C. angulata* 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 tạo 16 phép lai
 - Ương nuôi gia đình của 16 phép lai
- Đánh dấu và nuôi đánh giá sinh trưởng các gia đình và phép lai
 - Phương pháp thu thập số liệu 16 phép lai
- Xử lý số liệu và ước tính các thành phần di truyền 16 phép lai (*ảnh hưởng di truyền cộng gộp, ảnh hưởng con mẹ và ưu thế lai*)
 - Phương án thành lập quần đàn ban đầu G0



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

- Nuôi vỗ thành thực và sinh sản hầu bố mẹ G0
- Ghép phối và ương nuôi gia đình chọn giống thế hệ G1
- Đánh dấu cá thể và nuôi đánh giá sinh trưởng thế hệ G1
 - Thu thập số liệu thế hệ G1
- Xử lý số liệu và ước tính các thông số di truyền hầu *C. angulata* chọn giống thế hệ 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 thế hệ G1 và đề xuất chiến lược chọn giống trong dài hạn

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

2.2.1. Thu thập vật liệu ban đầu

Vật liệu ban đầu gồm ba dòng hầu sữa trong nước (Quảng Ninh - Q, Khánh Hòa - K, Bà Rịa-Vũng Tàu - V) và một dòng tự nhiên nhập nội từ Đài Loan (T), được thu thập tại bốn địa điểm có khoảng cách địa lý xa và điều kiện sinh thái, khí hậu khác biệt từ tháng 05 đến 09/2022. Tổng cộng 1.400 cá thể hầu (*C. angulata*) (350 cá thể/dòng) có khối lượng thân >70 g, chiều cao vỏ >7 cm và sạch vi rút OsHV-1 được thu thập từ 10 bể nuôi mỗi địa điểm, dựa trên phỏng vấn lịch sử thả giống. Việc thu thập nhằm đảm bảo đa dạng di truyền cao phục vụ chọn giống.

2.2.2. Thu mẫu và tách chiết DNA đánh giá đa dạng di truyền

2.2.2.1. Thu mẫu

Bốn dòng hầu bố mẹ được ngẫu nhiên thu mẫu màng áo (80 mẫu/4 dòng, 20 mẫu/dòng) từ tháng 05 đến 09/2022 theo quy trình bảo tồn đa dạng di truyền. Mẫu (kích thước ~3 mm²) được rửa sạch bằng nước biển vô trùng, ngâm ngay trong 3 mL cồn 99% và bảo quản ở -20°C sau 24 giờ tại 4°C. Mỗi mẫu gắn mã số theo địa điểm - số cá thể.

2.2.2.2. Tách chiết DNA

DNA tổng số được tách chiết từ mô màng áo (~1 mm²) bằng phương pháp kết tủa muối cải tiến: ly giải trong dung dịch (50 mM Tris-HCl pH 8.0, 20 mM EDTA pH 8.0, 2% SDS) bổ sung proteinase K, ủ 55°C 2 giờ; thêm NaCl 6M để kết tủa tạp chất, ly tâm 8.000 vòng/phút 15 phút; dịch nổi kết tủa với ethanol 100% lạnh, ủ 4°C 2 giờ, ly tâm 10.000 vòng/phút 15 phút, rửa ethanol 70% (500 µL), làm khô và hòa tan trong 50 µL dung dịch TE (10 mM Tris-HCl, 1 mM EDTA, pH 8.0), bảo quản -20°C. Chất lượng DNA được kiểm tra bằng điện di gel agarose 1,8% (100V, 30 phút) và quang phổ NanoDrop (OD260/280 1,80–2,00; OD260/230 1,82–2,20), chuẩn hóa về 10 ng/µL; mẫu không đạt chuẩn bị loại và lưu trữ -80°C.

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

Kiểu gen được phân tích bằng hệ thống ABI 3500XL Genetic Analyzer với thang chuẩn GeneScan LIZ 500, xác định kích thước alen bằng GeneMapper v.5 (ngưỡng tín hiệu 200–300 RFU, hiệu chỉnh thủ công). Micro-Checker v.2.2.3 phát hiện allelic dropout và null alleles. Sáu chỉ thị (L10, L16, ucdCg-128, ucdCg-139, ucdCg-133, cgsili-57) được sàng lọc, chọn 5 chỉ thị (L10, L16, ucdCg-139, ucdCg-133, cgsili-57) đạt tỷ lệ ghi nhận 92,5–100%. Các chỉ số di truyền (N_a , N_e , P_a , H_o , H_e , PIC, F-null, A_r , F_{is}) được tính bằng GenAlEx v.6.503, Cervus v.3.0.7, FSTAT v.2.9.4 và Arlequin v.3.5. Sự khác biệt giữa dòng (F_{st}) kiểm định bằng Kruskal-Wallis; sai lệch HWE bằng Fisher kết hợp Markov chain trong Genepop v.4.7.5. Cấu trúc di truyền đánh giá bằng AMOVA (Arlequin v.3.5) và mô hình tổ tiên hỗn hợp trong STRUCTURE v.2.3.4 (20 lần chạy, 5.000 chu kỳ burn-in, 50.000 MCMC; K tối ưu bằng Delta K trên Structure Harvester và CLUMPAK). Khoảng cách di truyền và PCoA bằng GenAlEx v.6.5 với ggplot2 trong R.

2.3. Phương pháp nghiên cứu khả năng sinh trưởng của các phép lai hỗn hợp hầu *C. angulata* 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 được nuôi cấy theo quy trình của Helm et al. (2024). Các loài *Nannochloropsis oculata*, *Isochrysis galbana*, *Chaetoceros* sp., *Tetraselmis* sp., *Thalassiosira* sp. và *Skeletonema* sp. được lưu giữ ở 24°C, chiếu sáng 700–1.000 lux. Tảo được hoạt hóa qua cấy chuyển, nhân sinh khối trong bình 250 mL đến 1 L (môi trường Conway/F2), sau đó mở rộng quy mô ở bình 20 L và bể 100 - 2.000 L theo phương pháp nuôi mẻ. Mật độ tế bào được theo dõi hằng ngày để đảm bảo cung cấp tảo phù hợp cho nuôi vỗ bố mẹ và ương ấu trùng hầu.

2.3.2. Nuôi vỗ thành thực và sinh sản hầu bố mẹ

Hầu bố mẹ sạch bệnh của 4 dòng được cân đo và chuyển vào khay nhựa lỗ thoáng trong bể nuôi vỗ an toàn sinh học (mật độ 100 con/m³). Thức ăn hỗn hợp tảo (*Isochrysis galbana*, *Chaetoceros* sp., *Tetraselmis* sp., *Skeletonema* sp.; tỷ lệ 1:1:1:1) duy trì 180.000–200.000 tb/mL, cho ăn 4 lần/ngày (6:00, 10:00, 14:00, 18:00). Điều kiện: nhiệt độ 28,5–31°C, độ mặn 28–30‰, pH 7,6–8,4, dòng chảy tuần hoàn, sục khí 24/24, thay nước 200%/ngày. Kiểm tra thành thực định kỳ đẻ sinh sản ghép phối. Thời gian nuôi vỗ 55 ngày (05/9–30/10/2022).

2.3.3. Ghép phối gia đình cho phép lai hỗn hợp

Phép lai hỗn hợp được thiết lập với tỷ lệ 1♀ × 1♂, tạo 84 gia đình full-sib thuộc 16 phép lai (4 phép lai

nội dòng: QQ, KK, VV, TT và 12 phép lai khác dòng xuôi ngược: QK/KQ, QV/VQ, QT/TQ, KV/VK, KT/TK, VT/TV). Mỗi phép lai từ 5–7 gia đình phục vụ phân tích các thành phần di truyền cộng gộp và không cộng gộp. Hầu bố mẹ đạt chuẩn khối lượng, kích thước và thành thực được chọn lựa để ghép phối. Buồng tinh của mỗi con đực được trộn đều với buồng trứng của một con cái trong xô 20 L chứa nước biển lọc sạch (độ mặn 30–32‰, nhiệt độ 27–29°C), sau đó khuấy đều nhẹ khoảng 30–60 phút, rửa trứng thụ tinh chuyển vào bể ấp sục khí nhẹ, trứng nở thành ấu trùng chữ D sau 24 giờ. Thời gian ghép cặp tạo gia đình và phép lai là 32 ngày.

2.3.4. Ương nuôi gia đình của 16 phép lai

2.2.1.1. Ương nuôi gia đình từ ấu trùng chữ D đến giống bám 5 mm

Mỗi gia đình 500.000 ấu trùng được đánh dấu phả hệ, ương riêng trong bể composite 500 L. Quy trình ương theo Helm et al. (2004) với điều chỉnh: mật độ ban đầu, khẩu phần ăn hỗn hợp tảo (*Isochrysis galbana*, *Chaetoceros* sp., *Tetraselmis* sp., *Skeletonema* sp.) 2 lần/ngày (7:00, 17:00), kiểm tra mật độ trước ăn; thay nước 30%/ngày. Điều kiện: nhiệt độ 26–29°C, độ mặn 30–32‰, pH 7,5–8,5. Sau 16–21 ngày, chuyển sang giá thể PVC để bám; ương thêm 7–10 ngày đến 5 mm.

2.2.1.2. Ương nuôi gia đình từ hậu giống 5 mm tới 3 cm

Mỗi gia đình chọn lựa 2.000 cá thể hậu giống 5 mm, khỏe mạnh chia vào 2 xô nhựa (25×30×40 cm)/gia đình (168 xô) được đánh dấu truy xuất phả hệ. Các gia đình hậu được chia đều ương nuôi tiếp trong hai bể tuần hoàn kín 20 m³, mỗi bể 84 xô (1 xô/ gia đình, 84 gia đình). Sau 15 ngày, hậu giống đạt 1,0–1,5 cm), loại những cá thể yếu và dị hình, chọn 500 cá thể/xô/bể khỏe mạnh tiếp tục ương đến 2–3 cm. Thức ăn là hỗn hợp tảo (*Isochrysis galbana*, *Chaetoceros* sp., *Tetraselmis* sp., *Skeletonema* sp.), mật độ >200.000 tb/mL, cho ăn 2 lần/ngày vào lúc 7:00 và 17:00. Thay nước 100% và vệ sinh xô và bể ương hàng ngày. Điều kiện nuôi: nhiệt độ 28–29°C, độ mặn 30–32‰, pH 7,5–8,5. Kiểm tra OsHV-1 bằng PCR ở 5 mm và 2–3 cm, loại bỏ nhưng gia đình dương tính với vi rút. Tổng thời gian ương giai đoạn này là 39–72 ngày.

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

Hậu giống mỗi gia đình được tách khỏi giá thể thành hậu đơn và đánh số phân biệt để truy xuất phả hệ. Chọn lọc các cá thể khỏe mạnh và không bị dị hình, cân khối lượng thân (TagW, ±0,1 g) và đo chiều cao vỏ (TagSH, ±0,1 mm), chiều dài vỏ (TagSL, ±0,1 mm) và chiều rộng vỏ (TagSW, ±0,1 mm) để xác định khối lượng và kích thước trung bình gia đình tại thời điểm thả nuôi đánh giá. Tổng 16.800 con (100 con/gia đình/địa điểm, 84 gia đình/địa điểm) đánh dấu mã 01–84. Nuôi treo xô trên bè tại Long Sơn (độ mặn 28–33‰) và Long Hòa (22–25‰), nhiệt độ 28–31°C. Diện tích bè 200 m², 8.400 con/bè/địa điểm, mỗi gia đình 01 xô nhựa (25×60×60 cm). Kiểm tra sức khỏe và vệ sinh xô định kỳ 01 tuần/lần tới khi thu hoạch. Thu hoạch sau thời gian nuôi 6 tháng (12/2022–06/2023) và hậu đạt 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

Chất lượng nước được kiểm tra 2 lần/tháng: nhiệt độ, độ mặn, pH, DO, NO₂⁻, TAN. Hàm lượng *Chlorophyll a*, thành phần và mật độ tảo, TSS được phân tích 01 lần/tháng theo phương pháp AOAC (2000).

2.3.6.2. Đánh giá sinh trưởng và tỷ lệ sống

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 (NurseAge = Tagdate - Spawndate), thời gian nuôi đánh giá sinh trưởng từ đánh dấu thả nuôi đến thu hoạch (GrowAge = Hdate - Tagdate), tổng thời gian nuôi từ khi sinh sản tới thu hoạch nuôi đánh giá sinh trưởng (TotalAge = NurseAge + GrowAge).

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 (± 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 (± 0,1 mm). 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. Tỷ lệ sống (Sur) từng gia đình được xác định theo công thức: $Sur (\%) = \frac{N_2}{N_1} \times 100$; 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 16 phép lai

Thu hoạch 7.132 con (5.467 con tại Long Sơn, 1.665 con tại Long Hòa) từ 16.800 con thả nuôi (8.400 con/địa điểm). Dữ liệu mã hóa sống=1/chết=0, rà soát sai sót; phân bố gần chuẩn. Phân tích thống kê được thực hiện theo mô hình tuyến tính tổng quát (GLM – General Linear Model) (SAS Institute Inc., 2003). 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. Mô hình (1) được chọn sau khi sàng lọc tất cả các ảnh hưởng ngẫu nhiên, cố định và hiệp biến như sau:

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

Y_{ijk} là 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 quy 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. Ảnh hưởng di truyền cộng gộp (AGE), ưu thế lai (HE) và ảnh hưởng con mẹ (ME) của các phép lai theo mô hình (2).

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

Y_{ijkl} là 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 quy b_1 ; α_k là tỷ lệ gen mỗi cá thể nhận được từ dòng thứ k ($\alpha_k = 0,0; 0,5$ hoặc $1,0$ và $\sum \alpha_k = 1,0$); 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 AGE, ME và HE cho từng môi trường nuôi, thì không bao gồm thành phần E_i .

Tổng HE (total heterosis effects) cho một phép lai giữa hai dòng được phân tích theo công thức:

$$h_{kl} = \bar{h} + h_k + h_l + s_{kl} \quad (3)$$

$\bar{h}$ là ưu thế lai trung bình cho các dòng tham gia phép lai hỗn hợp; h_k và h_l là ưu thế lai chung của dòng k và l ; s_{kl} là ưu thế lai riêng biệt cho phép lai giữa hai dòng đó.

2.3.8. Phương án thành lập quần đàn ban đầu G0

Chọn lọc kết hợp (Gjedrem, 2005): giữa phép lai (ưu tiên W cao, Sur $\geq$ trung bình 16 phép lai), giữa gia đình (W cao, Sur $\geq$ trung bình phép lai), giữa cá thể (W cao nhất). Lựa chọn 1.000 cá thể thành lập quần đàn ban đầu G0 theo thứ tự ưu tiên từ các phép lai có thành phần di truyền tối ưu và đa dạng di truyền tốt, để nâng cao sinh trưởng, tỷ lệ sống ổn định và duy trì biến dị di truyền phục vụ chọn giống.

2.4. Phương pháp đánh giá khả năng di truyền và biểu hiện sinh trưởng hầu *C. angulata* cho chọn giống thế hệ G1

2.4.1. Nuôi vỗ hầu bố mẹ G0

Tương tự mục 2.3.2 Trang 4; thời gian nuôi từ tháng 6–7/2023.

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

Ghép phôi thứ bậc tránh cận huyết (Gjedrem, 2005): $2\text{♀} \times 1\text{♂}$ tạo các gia đình cùng cha khác mẹ (half-sib) và cùng cha cùng mẹ (full-sib, $1\text{♀} \times 1\text{♂}$). Hầu bố mẹ được kiểm tra thành thực và giới tính bằng phương pháp gây mê, lấy mẫu tuyến sinh dục. Tinh của 01 con đực được trộn đều với trứng của 2 con cái trong xô 20 L nước biển lọc sạch. Sau thời gian thụ tinh khoảng 30–60 phút thì vớt toàn bộ trứng thụ tinh vào bể ấp. Sau 24 giờ, trứng thụ tinh nở thành ấu trùng chữ D. Ưu tiên ghép cặp tạo gia đình G1 từ hầu bố mẹ từ các phép lai khác huyết thống. Thu thập thông tin bố mẹ từng gia đình để truy xuất phả hệ và xử lý số liệu.

Ương nuôi gia đình các giai đoạn tới kích cỡ đánh dấu tương tự ở thế hệ G0 (Mục 2.2.3.1 và 2.2.3.2). Tỷ lệ sống giai đoạn ấu trùng chữ D - 5 mm là $21,11 \pm 1,23\%$ (63.325 ± 3.960 con/gia đình); giai đoạn 5

mm - 3 cm là $81,07 \pm 6,92\%$ (1.621 ± 138 con/gia đình). Thời gian ương từ 06–09/2023.

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

Đánh dấu cá thể bằng phương pháp dán mã số (4×8 mm) ngoài vỏ từ 13/8–04/9/2023. Tại thời điểm thả nuôi hầu đạt trung bình khối lượng thân $2,28 \pm 1,99$ g, chiều cao vỏ $26,49 \pm 7,77$ mm, chiều dài vỏ $19,67 \pm 5,74$ mm và chiều rộng vỏ $8,96 \pm 3,64$ mm.

Nuôi đánh giá sinh trưởng bằng hình thức nuôi hầu đơn, treo rổ trên bè tại Long Sơn và Long Hòa ($200 \text{ m}^2/\text{địa điểm}$), 09/2023–03/2024. Tổng 16.000 con từ 80 gia đình ($100 \text{ con}/\text{rổ}/\text{gia đình}/\text{địa điểm}$), rổ được phủ lưới (mắt lưới 1 cm; $25 \times 60 \times 60$ cm) kín miệng, vệ sinh 5–7 ngày/lần. Thời gian nuôi 6 tháng khi hầu đạt khối lượng thân 50 g.

2.4.4. Phương pháp thu thập số liệu thể hệ G1

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

Chất lượng nước được thu thập đánh giá tương tự ở thể hệ G0, Mục 2.3.6.1, Trang 5

2.4.4.2. Đánh giá sinh trưởng và tỷ lệ sống

Thu thập số liệu: ngày đẻ (Spawn date), lượng trứng, tỷ lệ thụ tinh/nở, hầu bố/mẹ; ngày đánh dấu/thả nuôi (Tag date), khối lượng (TagW/W , $\pm 0,1$ g) và chiều cao vỏ (TagSH/SH , $\pm 0,1$ mm), chiều dài vỏ (TagSL/SL , $\pm 0,1$ mm), chiều rộng vỏ (TagSW/SW , $\pm 0,1$ mm) từng cá thể lần lượt lúc đánh dấu/thả nuôi và lúc thu hoạch và tỷ lệ sống (Survival, %) theo gia đình, mã hóa cá thể còn sống = 1 và chết = 0 phục vụ ước tính các thông số di truyền.

2.4.5. Phương pháp xử lý số liệu và ước tính các thông số di truyền hầu *C. angulata* chọn giống thể hệ G1

Quản lý số liệu bằng Excel 2021; các phương sai thành phần và thông số di truyền (hệ số di truyền ước tính, tương quan di truyền, tương tác kiểu gen và môi trường, giá trị giống) được ước tính thông qua mô hình tuyến tính hỗn hợp bằng phần mềm ASRemL v.4.2. Hiệu quả chọn lọc ước tính được ước tính thông qua giá trị giống ước tính.

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). Ảnh hưởng cố định thử nghiệm đưa vào mô hình toán gồm W hầu mẹ (g) và hầu bố (g), W 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 nuôi 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 giữ lại các yếu tố ảnh hưởng là TagW và GrowAge cho W là:

$$Y_{ij} = \mu + \beta_1 \times \text{TagW}_i + \beta_2 \times \text{GrowAge}_i + ID_i + Dam_j + e_{ij} \quad (4)$$

Trong đó, Y_{ij} là khối lượng thân của cá thể i khi thu hoạch, μ là khối lượng trung bình của quần đàn, β_1 là hệ số hồi quy của hiệp biến W 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 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 riêng rẽ đến đánh dấu (ảnh hưởng con mẹ), σ_E^2 là phương sai sai số ngẫu nhiên. Phương sai kiểu hình (σ_P^2) được ước tính: $\sigma_P^2 = \sigma_A^2 + \sigma_C^2 + \sigma_E^2$. 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 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 đưa vào mô hình toán như mô hình (4), nhưng chỉ có biến TagW_i là ảnh hưởng có ý nghĩa thống kê nên giữ lại trong mô hình. Các phương sai thành phần của tỷ lệ sống (Survival) được ước tính theo mô hình toán như sau:

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

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 riêng rẽ (c^2) của tỷ lệ sống được ước tính như cho W, do mô hình Logic hay Probit khi áp dụng gặp khó

khản trong hội tụ (không converged được) nên trong nghiên cứu này chỉ áp dụng mô hình tuyến tính cá thể hỗn hợp để phân tích.

2.4.5.2. Ước tính tương quan di truyền

Ước tính thông qua tương quan di truyền (r_g) của hai tính trạng cùng một môi trường theo mô hình từng cặp 2 biến. Tương quan di truyền giữa các tính trạng sinh trưởng và tỷ lệ sống được ước tính theo công thức $r_g = \frac{\sigma_{12}}{\sqrt{\sigma_1^2 \times \sigma_2^2}}$, 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.

2.4.5.3. Ước tính tương tác kiểu gen - môi trường

Ước tính thông qua tương quan di truyền (r_g) của cùng tính trạng giữa 2 môi trường theo mô hình từng cặp 2 biến. Tương quan di truyền được tính theo công thức $r_g = \frac{\sigma_{12}}{\sqrt{\sigma_1^2 \times \sigma_2^2}}$, 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.

2.4.5.4. Ước tính giá trị chọn giống

Ước tính EBV cho W sử dụng phương pháp chọn lọc giữa gia đình và trong gia đình là:

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

Trong đó, EBV_i là giá trị chọn 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 W. 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:

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

2.4.5.5. Ước tính hiệu quả chọn lọc

Hiệu quả chọn lọc (R) ước tính cho W thế hệ G1 dựa trên công thức:

$$R = i \times h^2 \times \sigma_p$$

Trong đó: R là hiệu quả chọn lọc ước tính; i là cường độ chọn lọc; h^2 là hệ số di truyền ước tính; σ_p là độ lệch chuẩn W quần đàn.

2.4.6. Phương án chọn lọc và đề xuất chiến lược chọn giống hàu *C. angulata* sinh trưởng nhanh thế hệ G1

Chiến lược chọn lọc kết hợp giữa các gia đình và cá thể trong gia đình, ưu tiên các gia đình và cá thể có EBV cao, ổn định giữa các môi trường nuôi, đồng thời duy trì đa dạng di truyền và kiểm soát hệ số cận huyết. Quần đàn bố mẹ G1 được hình thành từ các gia đình có W vượt trội và Sur dương, nhằm cải thiện tốc độ sinh trưởng mà không làm suy giảm tỷ lệ sống. Trong dài hạn, chương trình cần tiếp tục tập trung vào tính trạng sinh trưởng nhanh (W), duy trì tỷ lệ sống và đa dạng di truyền ổn định và cần đánh giá định kỳ các thông số di truyền chủ chốt (hệ số di truyền, tương quan di truyền, tương tác kiểu gen-môi trường) để tối ưu hóa hiệu quả chọn giống hàu sữa sinh trưởng nhanh trong điều kiện nhiệt đới gió mùa.

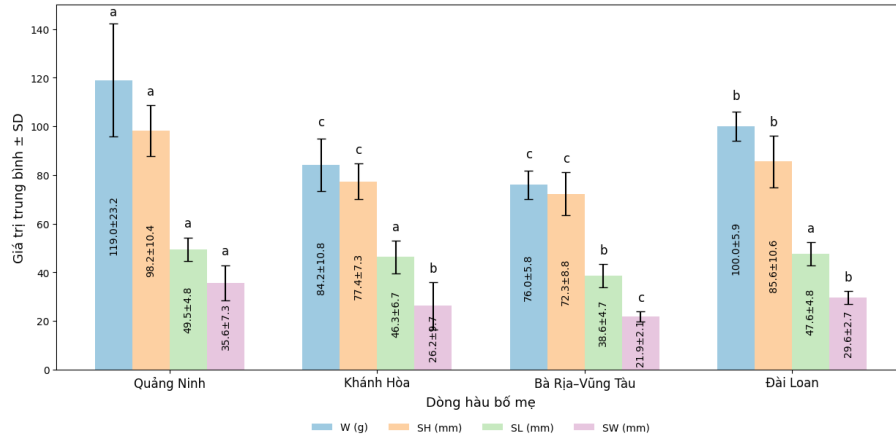
CHƯƠNG 3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đa dạng di truyền các dòng hàu *C. angulata* vật liệu ban đầu

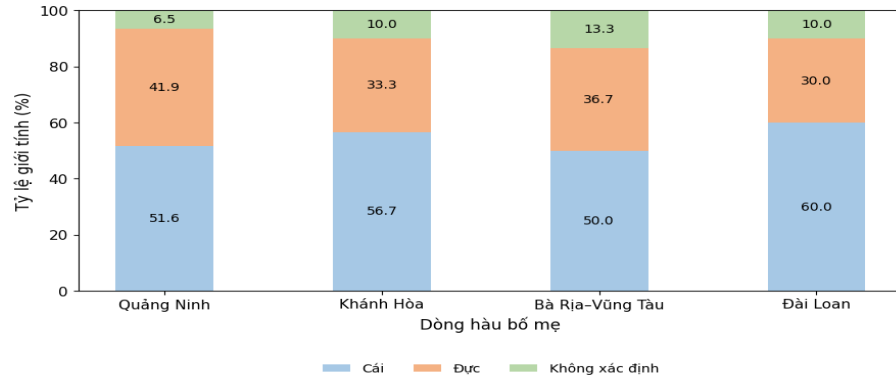
3.1.1. Kích thước, khối lượng thân và tỷ lệ giới tính hàu bố mẹ

Bốn dòng hàu bố mẹ vật liệu ban đầu (Hình 3.1), mỗi dòng 350 cá thể, đều âm tính với vi rút OsHV-1 và khác biệt có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$) về khối lượng thân và kích thước vỏ. Dòng Quảng Ninh có khối lượng thân trung bình cao nhất và thấp nhất là Bà Rịa – Vũng Tàu.

Tỷ lệ giới tính của bốn dòng hàu bố mẹ vật liệu ban đầu (Hình 3.2) tương đối cân bằng, với tỷ lệ cá thể cái dao động từ 50,00% đến 60,00% và đực từ 30,00% đến 41,94%. Tỷ lệ cá thể không xác định giới tính chiếm từ 6,45% đến 13,33% tùy dòng.



Hình 3.1. Trung bình khối lượng thân và kích thước hầu 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: Đà Loan; SL: Số lượng; W: Khối lượng thân; SH: Chiều cao; SL: Chiều dài; SW: Chiều rộng vó



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

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

3.1.2.1. Đa dạng di truyền qua dữ liệu microsatellite

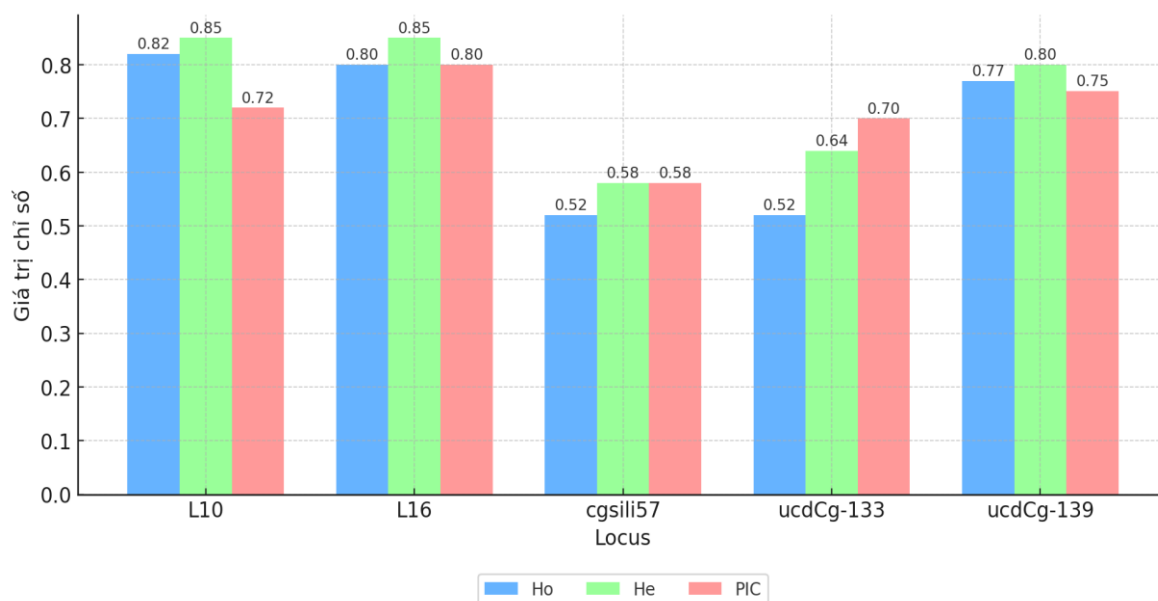
Các chỉ số đa dạng di truyền tại năm locus microsatellite được trình bày ở Bảng 3.1.

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

Chỉ thị	N	N _a	H _o	H _e	PIC	F _{is}	F _{st}	F _{Null}	HWE
L10	80	16	0,823	0,846	0,724	0,032	0,054	-0,024	-
L16	77	17	0,804	0,849	0,803	0,153	0,061	-0,016	-
cgsili57	80	5	0,520	0,576	0,583	0,078	0,073	-0,031	-
ucdCg-133	74	15	0,517	0,642	0,698	0,204	0,042	-0,143	***
ucdCg-139	80	13	0,774	0,803	0,751	0,058	0,037	-0,042	-
Trung bình		13,20 ± 4,82	0,688 ± 0,160	0,743 ± 0,130	0,712 ± 0,080	0,105 ± 0,070	0,053 ± 0,010	-0,051 ± 0,050	

N: số mẫu được xác định kiểu gen; N_a: số alen trên mỗi locus; H_o và H_e: tần suất dị hợp tử quan sát và lý thuyết; PIC: chỉ số thông tin đa hình; 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; ***: $P < 0,05$

Số alen trung bình đạt $13,20 \pm 4,82$, với $H_o = 0,688 \pm 0,160$ và $H_e = 0,743 \pm 0,130$. Chỉ số PIC cao ($0,712 \pm 0,080$) phản ánh mức đa hình tốt. Hệ số cận huyết và phân hóa di truyền thấp ($F_{is} = 0,105 \pm 0,070$; $F_{st} = 0,053 \pm 0,010$), cho thấy cấu trúc quần thể tương đối ổn định. Tần suất alen ảo thấp ($F_{Null} = -0,051 \pm 0,050$). Locus ucdCg-133 lệch cân bằng Hardy-Weinberg ($P < 0,05$).



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

3.1.2.2. Đa dạng di truyền các dòng hậu *C. angulata* dựa trên microsatellite

Số alen trung bình đạt $20,40 \pm 9,30$, dao động từ 6 đến 30 alen/locus. Tần suất dị hợp tử quan sát (H_o) và lý thuyết (H_e) lần lượt là $0,681 \pm 0,160$ và $0,871 \pm 0,135$. Chỉ số thông tin đa hình (PIC) trung bình đạt cao $0,855 \pm 0,147$. Tần suất alen ảo (F_{null}) trung bình là $0,120 \pm 0,089$, thấp nhất ở locus L10 (0,042) và cao nhất ở locus ucdCg133 (0,269) (Bảng 3.2).

Bảng 3.2. Thông số đa dạng di truyền theo từng locus ở bốn dòng hậu *C. angulata*

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

Bảng 3.3. Các thông số đa dạng di truyền trong bốn dòng hậu dựa trên 5 microsatellite

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

N_e : số lượng alen hiệu quả ($\pm SD$); A_r : độ phong phú alen ($\pm SD$); P_a : số lượng alen riêng ($\pm SD$); 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.

Bốn dòng hậu sữa có mức đa dạng di truyền cao, với số alen trung bình 7,80–16,00, độ phong phú alen trung bình 10,30 và số alen riêng 3–17. Dị hợp tử quan sát ($H_o = 0,68$) tương đương dị hợp tử lý thuyết ($H_e = 0,80$), cùng hệ số cận huyết thấp ($F_{is} = 0,179$).

3.1.2.3. Biến động di truyền và cấu trúc quần thể giữa 4 dòng hầu *C. angulata*

Tổng biến dị di truyền được phân bố chủ yếu trong cá thể (76,89%), tiếp theo là giữa các cá thể trong cùng dòng (16,87%) và giữa các dòng (6,24%). Khác biệt di truyền đáng kể ($F_{ST} = 0,062$, $P < 0,001$) giữa bốn dòng hầu sữa được khảo sát (Bảng 3.4).

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

Nguồn biến thiên	DF	SS	Var	%Var	F_{ST}	P-value
Giữa các dòng	3	23,49	0,138	6,24	0,062	<0,001
Giữa cá thể trong cùng dòng	76	180,86	0,373	16,87		
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.

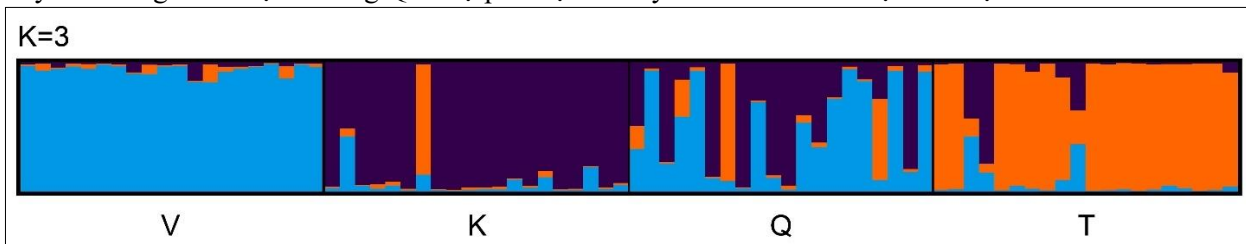
Mức phân hóa di truyền (F_{ST}) theo cặp ở 4 dòng (Bảng 3.5) từ 0,043 đến 0,093 ($P < 0,05$), thấp nhất giữa Quảng Ninh (Q) và Bà Rịa-Vũng Tàu (V) và cao nhất giữa Đài Loan (T) và Khánh Hòa (K).

Bảng 3.5. Phân tích F_{ST} các cặp dòng hầu *C. angulata* 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*

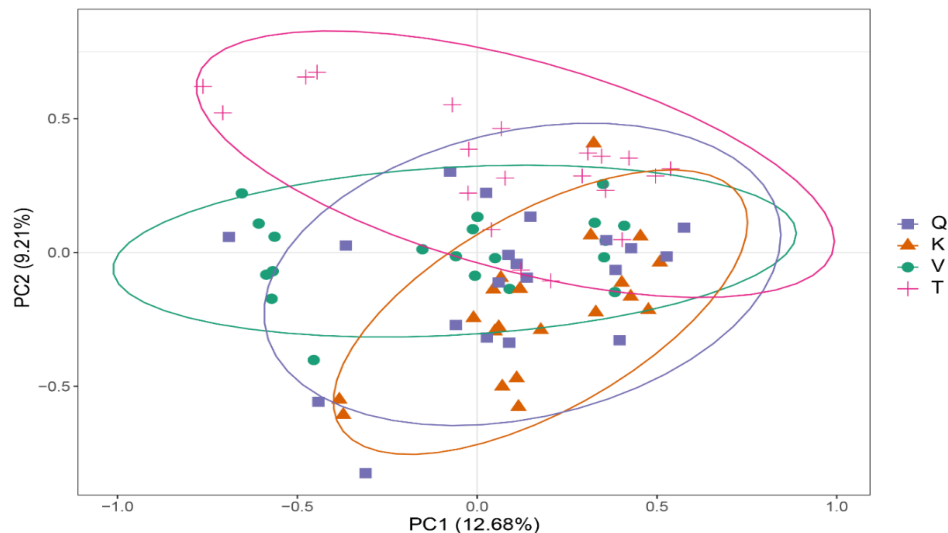
* Mức ý nghĩa thống kê $P < 0,05$

Cấu trúc quần thể được phân thành ba cụm di truyền (Hình 3.2). Các dòng K, V, T có sự phân tách di truyền rõ ràng và ổn định. Dòng Q có sự pha trộn di truyền cao của cả ba cụm còn lại.



Cột dọc với màu khác nhau biểu thị một cụm di truyền riêng biệt. Thành phần di truyền của từng cá thể từ bốn dòng được phân vào ba cụm ($K=3$)

Hình 3.2. Phân tích phân cụm sử dụng phần mềm STRUCTURE bằng 5 microsatellite



Hình 3.3. Tọa độ chính (PCoA) từ bốn dòng hầu *C. angulata*. Q: Quảng Ninh; K: Khánh Hòa; V: Bà Rịa – Vũng Tàu; T: Đài Loan

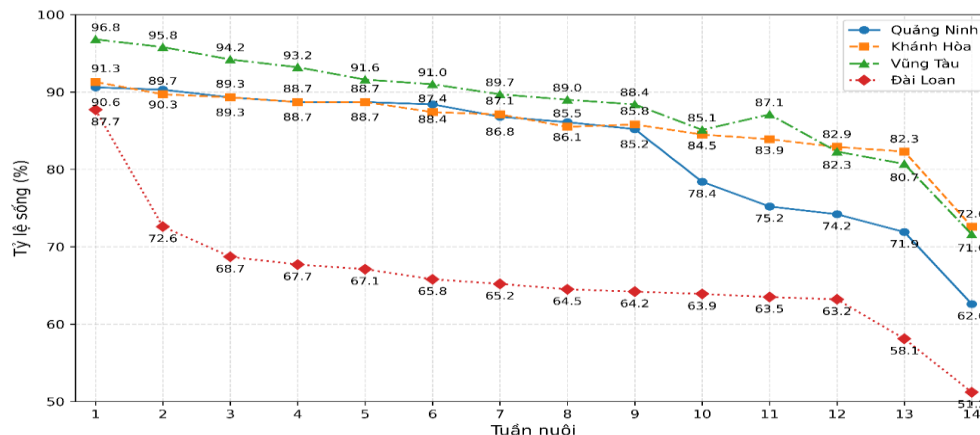
Sự phân hóa di truyền giữa bốn dòng hầu *C. angulata* qua phân tích tọa độ chính (PCoA) (Hình 3.3). Hai trục tọa độ chính PC1 và PC2 lần lượt giải thích 12,68% và 9,21% tổng phương sai, phản ánh sự phân bố không đồng nhất giữa các cá thể theo nguồn gốc địa lý. Dòng T tạo thành nhóm riêng biệt, trong khi dòng K và V cũng tách thành hai nhóm tương đối rõ ràng. Ngược lại, dòng Q có sự phân tán rộng và xen lẫn với các dòng khác, cho thấy mức độ pha trộn di truyền cao hơn so với các dòng còn lại.

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

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

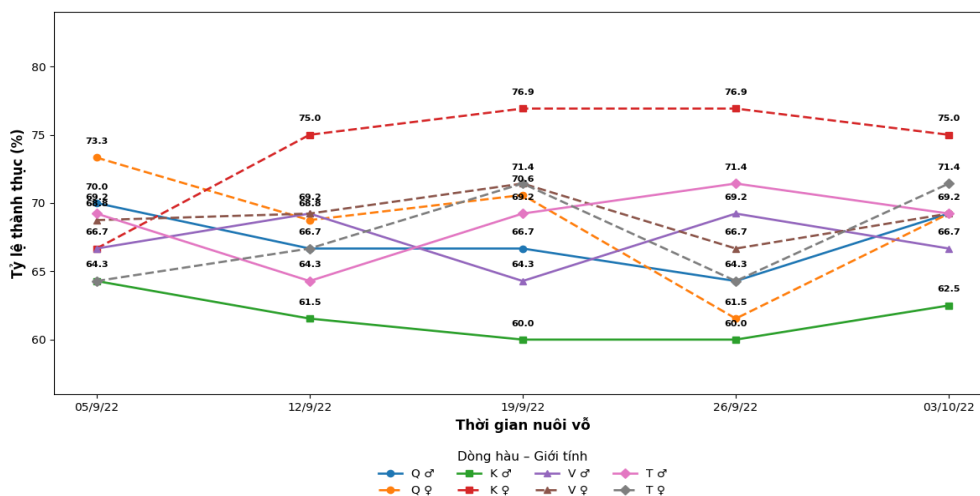
3.2.1.1. Khả năng thành thực hầu bố mẹ

Dòng V có tỷ lệ sống cao nhất (72,58%), dòng T đạt thấp nhất (51,29%) cho thấy khả năng thích nghi của các dòng trong nước cao hơn so với dòng nhập nội từ Đài Loan (Hình 3.6).



Hình 3.4. Tỷ lệ sống nuôi vỗ bốn dòng hầu sữa bố mẹ vật liệu ban đầu

Tỷ lệ thành thực tương đối cao và đồng đều giữa các dòng (Hình 3.7), dao động từ 60,00–71,43% ở cá thể đực và 61,54–76,92% ở cá thể cái. Cả bốn dòng đều đạt khả năng sinh sản tốt, đáp ứng yêu cầu sản xuất thế hệ tiếp theo. Tỷ lệ nhỏ cá thể (5,33–12,00%) chưa xác định được giới tính, có thể do đặc điểm sinh lý chuyển đổi giới tính đặc trưng của loài hầu sữa.



Hình 3.5. 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 hầu bố mẹ

Sức sinh sản thực tế của các dòng hầu từ 8,26 đến 12,69 triệu trứng/hầu mẹ. Dòng K có sức sinh sản cao nhất (10,94–12,69 triệu trứng/hầu mẹ) và dòng Q thấp nhất (8,26–9,43 triệu trứng/hầu mẹ). Tỷ lệ thụ tinh và tỷ lệ nở của 16 phép lai đều cao và ổn định, lần lượt từ 89,35–95,66% và 78,60–88,74%.

Bảng 3.1. Sức sinh sản, tỷ lệ thụ tinh và tỷ lệ nở của 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: Đà Loan; Giá trị trình bày là trung bình ± độ lệch chuẩn; giá trị trong cùng cột có các chữ cái khác nhau thì khác biệt có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$)

3.2.2. Khả năng sinh trưởng và tỷ lệ sống của 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 3.2). Long Sơn cung cấp điều kiện sinh thái ổn định và thuận lợi hơn cho sinh trưởng của hàu sữa, trong khi Long Hòa môi trường biến động, thích hợp để đánh giá khả năng thích nghi và duy trì tỷ lệ sống.

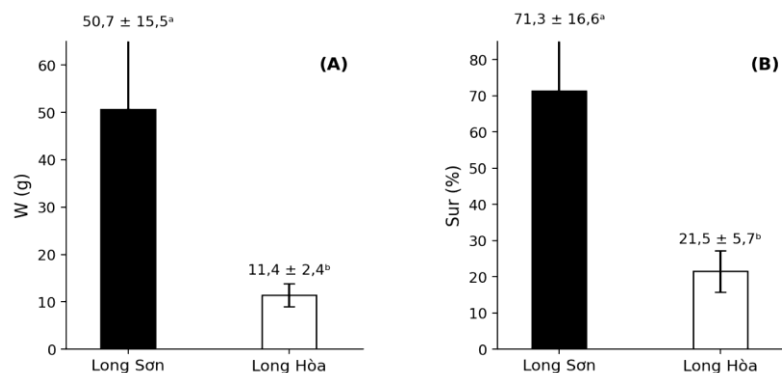
Bảng 3.2. Chất lượng nước và thành phần thực vật phù du ở hai địa điểm nuôi

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

Các giá trị được trình bày dưới dạng trung bình ± 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

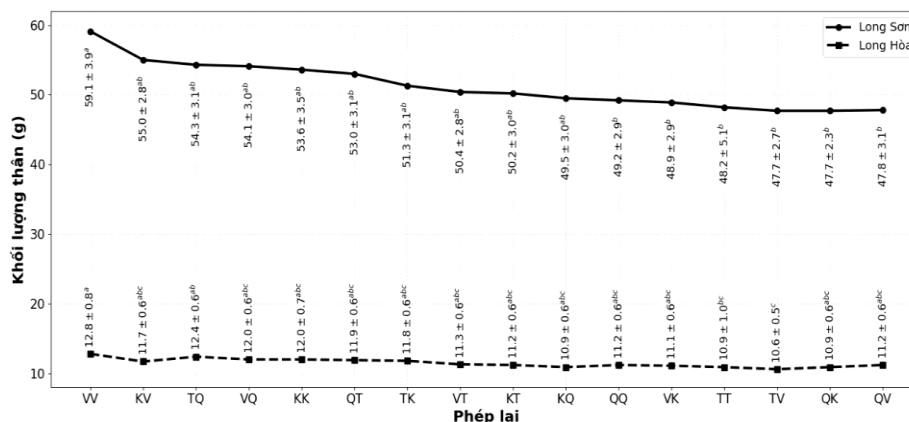
3.2.2.2. Khả năng sinh trưởng và tỷ lệ sống của 16 phép lai ở hai môi trường nuôi

Khối lượng thân và tỷ lệ sống trung bình của quần đàn hàu sữa có sự khác biệt rõ rệt giữa hai môi trường nuôi (Hình 3.8). Tại Long Sơn, khối lượng thân trung bình đạt 50,7 ± 15,5 g và tỷ lệ sống 71,3 ± 16,6%, trong khi tại Long Hòa chỉ đạt 11,4 ± 2,4 g và 21,5 ± 5,7%.

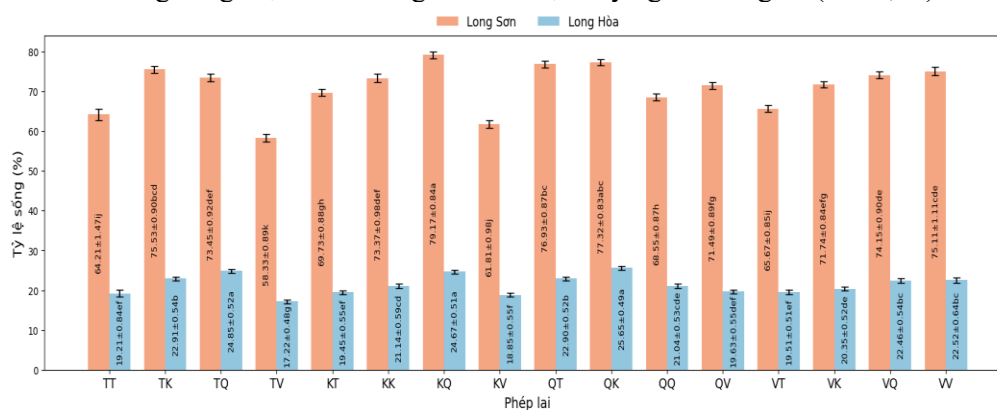


Hình 3.6. Khối lượng thân - W (A) và tỷ lệ sống – Sur (B) của quần thể khi lai hỗn hợp 4 × 4 hàu sữa tại hai môi trường nuôi ở thời điểm thu hoạch. Các giá trị được trình bày là trung bình ± độ lệch chuẩn; các giá trị trung bình cùng tính trạng chứa các chữ cái khác nhau là khác biệt có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$).

Trong số các phép lai, VV, VQ và KK có khối lượng thân cao nhất (53,65–59,08 g) (Hình 3.9) và tỷ lệ sống trên 73%, trong khi QK, KQ và TQ đạt tỷ lệ sống cao nhất tại Long Hòa (24,67–25,65%). Các phép lai TV, TT và KV có tỷ lệ sống thấp nhất (<20%) ở cả hai môi trường (Hình 3.10).



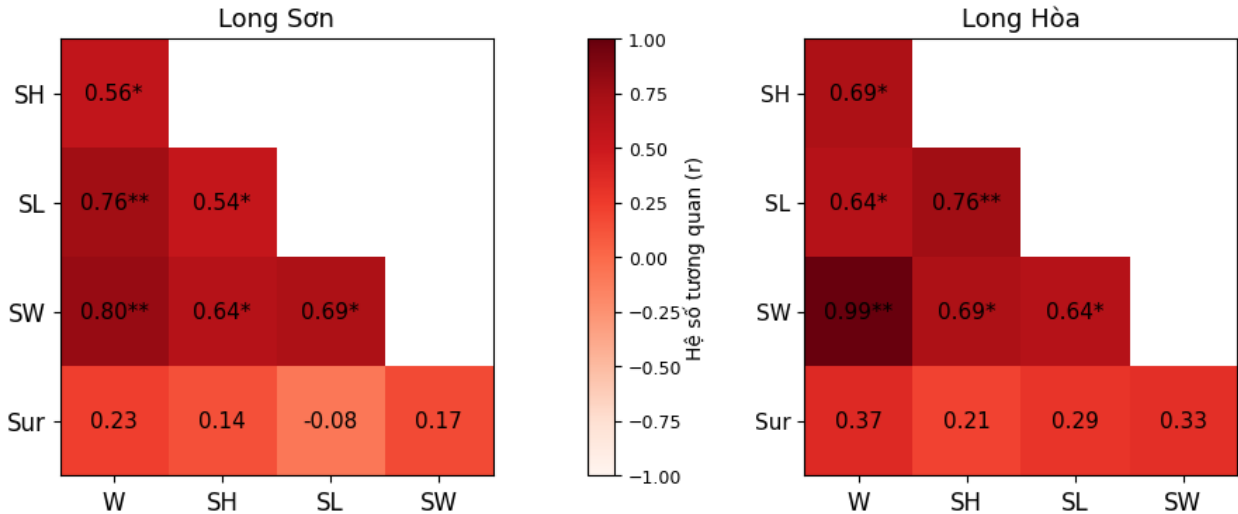
Hình 3.7. Trung bình bình phương tối thiểu (LSM) của khối lượng thân của 16 phép lai ở hai môi trường nuôi tại thời điểm thu hoạch. Giá trị được trình bày là trung bình ± sai số chuẩn; các giá trị trung bình chứa chữ cái khác nhau trong cùng một môi trường là khác biệt có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$).



Hình 3.8. Trung bình bình phương tối thiểu (LSM) của tỷ lệ sống của 16 phép lai ở hai môi trường nuôi tại thời điểm thu hoạch. Các giá trị được trình bày dưới dạng trung bình ± sai số chuẩn; giá trị trung bình kèm các chữ cái khác nhau trong các cột cùng màu là khác biệt có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$).

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

Khối lượng thân của hầu sữa có tương quan thuận cao với các chỉ tiêu kích thước vỏ tại cả hai môi trường ($r = 0,54-0,99$), trong đó cao nhất với chiều rộng vỏ ($r = 0,80$ tại Long Sơn và $r = 0,99$ tại Long Hòa). Ngược lại, tương quan giữa tỷ lệ sống và các tính trạng sinh trưởng nhìn chung thấp và không ổn định ($r = -0,08$ đến $0,37$). Kết quả cho thấy khối lượng thân là tính trạng trung tâm trong chương trình chọn giống, đồng thời cần kết hợp đánh giá ở môi trường thuận lợi và bất lợi để lựa chọn các phép lai phù hợp cho các thế hệ tiếp theo.



Hình 3.9. Tương quan giữa các tính trạng 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 $P < 0,01$.

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

3.2.4.1. Ảnh hưởng di truyền cộng gộp ước tính

Ảnh hưởng di truyền cộng gộp (AGE) đối với khối lượng thân (W) và tỷ lệ sống (Sur) của 16 phép lai hầu sữa có sự khác biệt rõ rệt giữa các dòng và môi trường nuôi (Bảng 3.12). Tại Long Sơn, AGE thể hiện tích cực hơn so với Long Hòa ở hầu hết các dòng. Trong các dòng thuần, dòng V có AGE dương cao nhất cho cả khối lượng thân (13,269%) và tỷ lệ sống (7,058%), tiếp theo là dòng K với AGE dương thấp hơn nhưng ổn định (2,459–13,343%). Ngược lại, các dòng Q và T có AGE âm đối với cả hai tính trạng, đặc biệt dòng T có giá trị âm cao nhất (-13,300% cho tỷ lệ sống).

Ở nhóm dòng lai, phép lai giữa dòng K và V (KV) có AGE dương cao và ổn định ở cả hai môi trường, đạt 7,864% cho khối lượng thân và 10,201% cho tỷ lệ sống. Một số phép lai khác như QV, VT, QK và KT có AGE dương ổn định đối với khối lượng thân, trong khi các phép lai QT và TV thể hiện AGE âm ở cả hai tính trạng.

3.2.4.2. Ảnh hưởng con mẹ

Ảnh hưởng con mẹ (ME) cho W ở dòng Q và T dương (3,472% và 1,815%), dòng K và V âm (-0,861 đến -3,592%) tại Long Sơn. Cho Sur, dòng K và T có ME dương (5,476 - 8,325%), dòng V âm thấp nhất (-11,033%). Các dòng lai có mẹ dòng Q hoặc T có ME dương, đặc biệt QT đạt 2,644% cho W và 1,354% cho Sur, trong khi các dòng lai có mẹ dòng V biểu hiện ME âm.

3.2.4.3. Ưu thế lai

Ưu thế lai (HE) âm rõ rệt cho W (-0,337 đến -11,477%) và hầu hết cho tỷ lệ sống (-19,907 đến 21,128%) ở 16 phép lai. Phần lớn các phép lai thể hiện HE âm, phản ánh mức đóng góp thấp của di truyền tính trội ở hai tính trạng. Hiệu quả lai ở hầu sữa trong điều kiện nghiên cứu còn hạn chế và chiến lược chọn giống nên tập trung khai thác ảnh hưởng di truyền cộng gộp ổn định thay vì ưu thế lai.

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

	Khối lượng						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; * (non significance): không có ý nghĩa thống kê và ngược lại ($P < 0,05$)

Bảng 3.3. Ảnh hưởng con mẹ đối với khối lượng thân và tỷ lệ sống của 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 ($P < 0,05$).

Bảng 3.4. Ảnh hưởng ưu thế lai đối với khối lượng thân và tỷ lệ sống của 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: Đài Loan; Est. (Estimate): giá trị ước tính; *: không có ý nghĩa thống kê ($P > 0,05$) và ngược lại ($P < 0,05$).

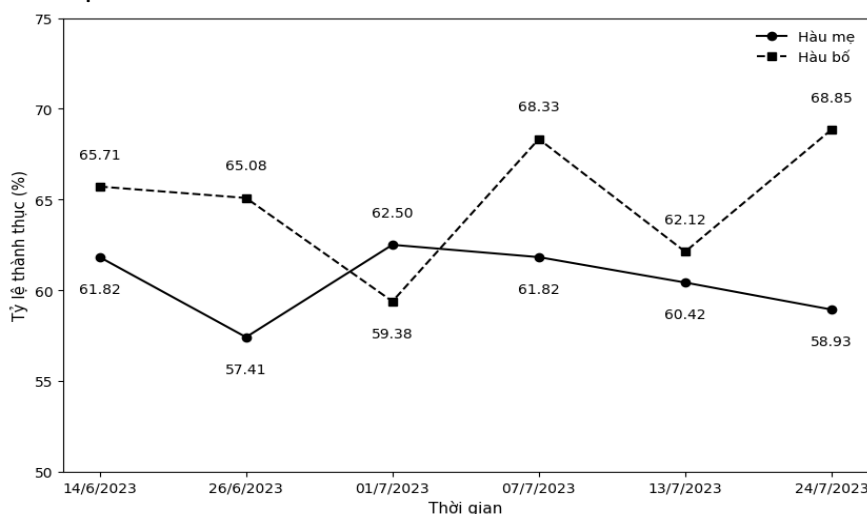
3.2.5. Chọn lọc quần đàn ban đầu G0 phục vụ chọn giống

Ngoài bốn dòng thuần, các dòng lai có ảnh hưởng di truyền cộng gộp dương và biểu hiện tốt được ưu tiên bổ sung nhằm tăng biến dị di truyền và hiệu quả sinh trưởng, gồm KV, VK, QV, VQ, VT, TV, QK, KQ, KT, và TK. Quần đàn G0 được hình thành từ 1.000 cá thể với tỷ lệ đóng góp 35% (V), 30% (K), 20% (T), và 15% (Q), đảm bảo duy trì đa dạng di truyền, cân bằng hiệu suất sinh trưởng và tỷ lệ sống, tạo nền tảng vững chắc cho chương trình chọn giống hầu sữa sinh trưởng nhanh và bền vững trong điều kiện nhiệt đới Nam Bộ.

3.3. Khả năng di truyền và biểu hiện sinh trưởng hầu *C. angulata* cho chọn giống

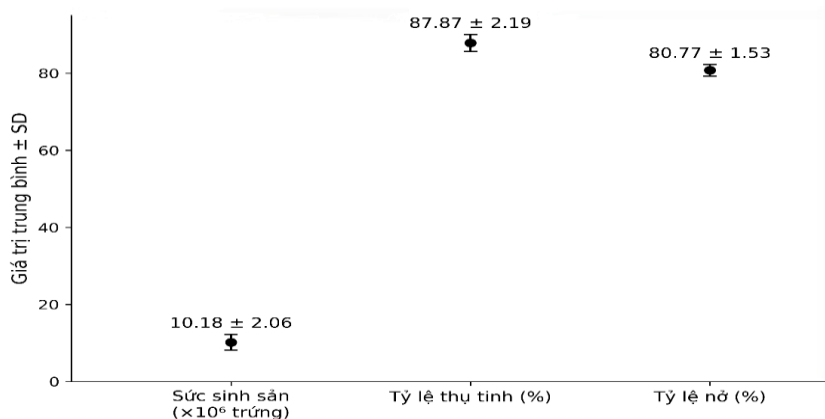
3.3.1. Khả năng thành thực và sinh sản hầu bố mẹ thế hệ G0

Tỷ lệ thành thực sinh dục (Hình 3.12) của hầu bố mẹ thế hệ G0 đạt từ 57,41–62,50% ở hầu cái và 59,38–68,85% ở hầu đực.



Hình 3.10. Tỷ lệ thành thực hầu bố mẹ G0

Sức sinh sản trung bình của hầu mẹ G0 đạt $10,31 \pm 1,74$ triệu trứng/con, tỷ lệ thụ tinh và tỷ lệ nở lần lượt đạt $87,05 \pm 2,54\%$ và $81,56 \pm 2,20\%$, phản ánh chất lượng sinh sản cao và ổn định.



Hình 3.11. Khả năng sinh sản hầu bố mẹ G0

3.3.2. Sinh trưởng và tỷ lệ sống các gia đình thế hệ G1

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

Điều kiện môi trường tại cả hai địa điểm (Bảng 3.11) đều phù hợp cho sinh trưởng hầu sữa, với nhiệt độ ổn định ($29,27\text{--}29,47^\circ\text{C}$) và không phát hiện NH_4/NH_3 , NO_2^- . Long Sơn có độ mặn ($31,6\text{‰}$), pH ($7,98$)

và DO (6,31 ppm) cao và ổn định hơn, cùng hàm lượng Chlorophyll a cao hơn (16,93 $\mu\text{g/L}$). Long Hòa có mật độ tảo cao hơn nhưng biến động lớn.

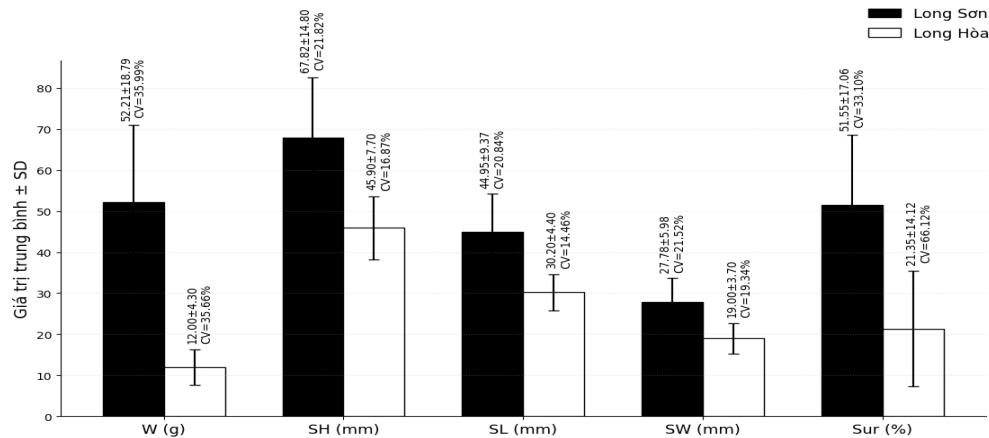
Bảng 3.5. Chất lượng nước tại hai môi trường nuôi đánh giá sinh trưởng G1

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
Chlorophyll a ($\mu\text{g/L}$)	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 hàng chứa chữ cái khác nhau là khác biệt có ý nghĩa thống kê ($P < 0,05$).

3.3.2.2. Sinh trưởng và tỷ lệ sống các gia đình thế hệ G1

Sinh trưởng và tỷ lệ sống của hầu sữa G1 khác biệt giữa hai môi trường sau 183 ngày nuôi. Khối lượng thân trung bình đạt 52,21 g/con và tỷ lệ sống đạt 51,55% tại Long Sơn, trong khi chỉ đạt 21,35% và 12,0 g/con tại Long Hòa. Các kích thước vỏ tại Long Hòa cũng thấp hơn đáng kể (Hình 3.14).



Hình 3.12. Sinh trưởng và tỷ lệ sống của 80 gia đình G1 khi thu hoạch ở hai môi trường nuôi. Các giá trị được trình bày là trung bình $\pm$ 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.

3.3.3. Các thông số di truyền ước tính các tính trạng thế hệ chọn giống G1

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

Phương sai thành phần và hệ số di truyền của hầu sữa thế hệ G1 cho thấy sự khác biệt rõ giữa hai môi trường nuôi (Bảng 3.12). Tại Long Sơn, hệ số di truyền của khối lượng thân đạt mức cao ($0,46 \pm 0,12$) và của tỷ lệ sống đạt mức trung bình ($0,28 \pm 0,09$), phản ánh khả năng di truyền tốt của hai tính trạng này. Ngược lại, tại Long Hòa, hệ số di truyền của khối lượng thân thấp ($0,19 \pm 0,07$), trong khi tỷ lệ sống vẫn ở mức trung bình ($0,28 \pm 0,08$). Phương sai di truyền cộng gộp của khối lượng thân tại Long Sơn (143,98) cao hơn gần 20 lần so với Long Hòa (7,63), trong khi ảnh hưởng môi trường riêng rẽ (c^2) ở Long Sơn thấp

($0,011 \pm 0,040$) nhưng cao hơn tại Long Hòa ($0,074 \pm 0,030$). Long Sơn là môi trường thích hợp để đánh giá và chọn lọc sinh trưởng do phần lớn biến dị kiểu hình được chi phối bởi yếu tố di truyền, trong khi Long Hòa chịu ảnh hưởng mạnh của môi trường, làm giảm hiệu quả chọn lọc.

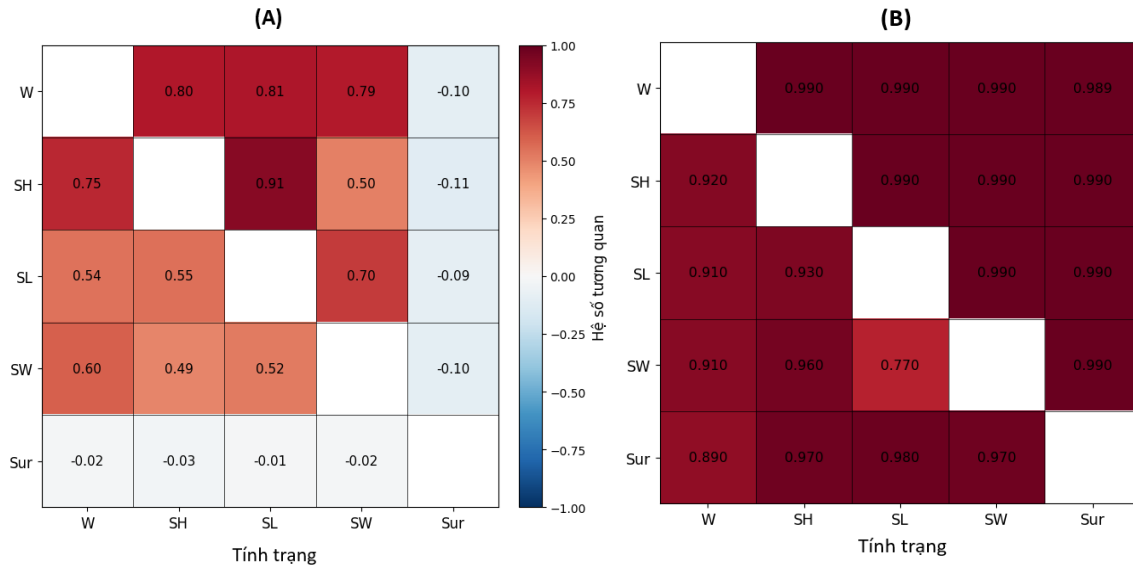
Bảng 3.12. Phương sai thành phần và hệ số di truyền các tính trạng khối lượng thân và tỷ lệ sống hầu *C. angulata* thế hệ G1

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	$0,46 \pm 0,12$	$0,011 \pm 0,040$
Sur	0,072	0,007	0,183	0,261	$0,276 \pm 0,092$	$0,026 \pm 0,035$
<i>Môi trường Long Hòa</i>						
W	7,63	2,92	28,87	39,42	$0,19 \pm 0,07$	$0,074 \pm 0,030$
Sur	0,073	0,003	0,184	0,259	$0,280 \pm 0,081$	$0,011 \pm 0,030$

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

3.3.3.2. Tương quan di truyền

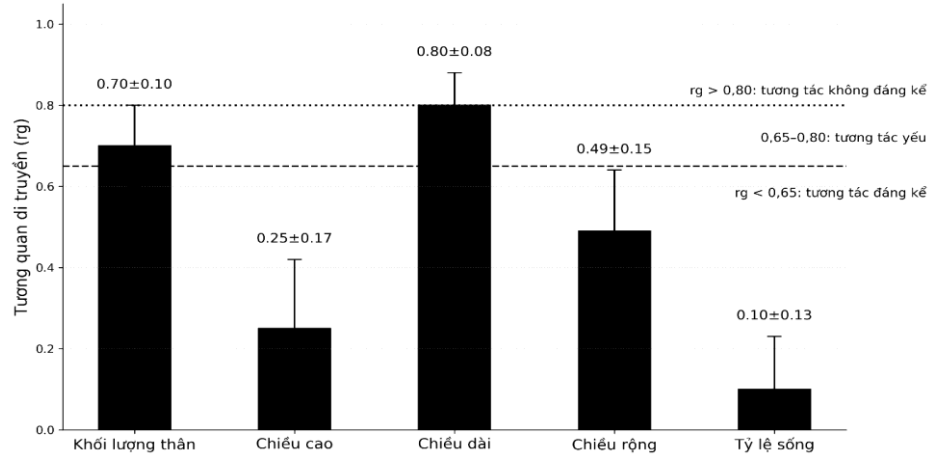
Tương quan di truyền cao ($r_g = 0,70 - 0,91$) giữa các tính trạng sinh trưởng tại Long Sơn, trong khi thấp và nghịch nhẹ ($r_g = -0,10$) giữa sinh trưởng và tỷ lệ sống. Ngược lại, tương quan di truyền giữa sinh trưởng và tỷ lệ sống rất cao ($r_g = 0,97 - 0,99$) tại Long Hòa, phản ánh cá thể sinh trưởng tốt cũng có khả năng sống sót cao hơn trong môi trường bất lợi.



Hình 3.13. Tương quan di truyền (r_g) bên dưới đường chéo và tương quan kiểu hình (r_p) bên trên đường chéo của quần đàn 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.

3.3.3.3. Tương tác kiểu gen - môi trường

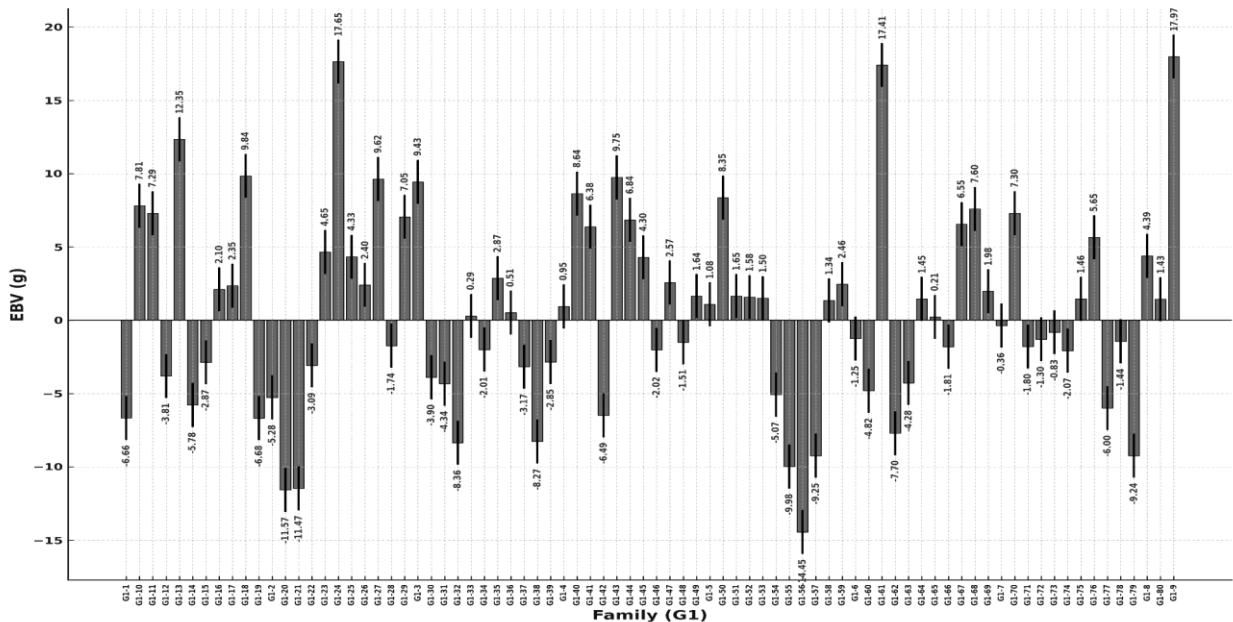
Tương quan di truyền của các tính trạng sinh trưởng chính giữa Long Sơn và Long Hòa ở mức cao (W: $r_g = 0,70 \pm 0,10$; SH: $r_g = 0,80 \pm 0,08$), cho thấy tương tác kiểu gen $\times$ môi trường (G $\times$ E) yếu và thứ hạng di truyền ổn định, nên có thể chọn lọc hiệu quả tại Long Sơn cho cả hai môi trường. Ngược lại, r_g của Sur rất thấp ($r_g = 0,10 \pm 0,13$), phản ánh G $\times$ E mạnh và khả năng đảo thứ hạng cao giữa các môi trường. Do đó, chọn lọc Sur cần được thực hiện tại môi trường mục tiêu, trong khi Long Sơn vẫn phù hợp làm quần đàn hạt nhân cho chọn lọc sinh trưởng.



Hình 3.14. Tương quan di truyền (r_g) cùng tính trạng ở hầu sữa G1 giữa hai môi trường nuôi Long Sơn và Long Hòa

3.3.3.4. Giá trị chọn giống

Giá trị giống ước tính (EBV) trung bình cho khối lượng thân của quần đàn hầu sữa G1 tại Long Sơn đạt dương (0,61 g), phản ánh tiềm năng di truyền tốt của quần thể được tạo ra từ các dòng bố mẹ G0 khác biệt về nguồn gốc địa lý và sinh thái. EBV ở cấp độ gia đình dao động từ -14,45 đến 17,65 và ở cấp độ cá thể từ -25,35 đến 30,68, cho thấy biến dị di truyền lớn trong quần thể (Hình 3.17). Mức phân hóa rõ rệt giữa các gia đình chứng tỏ thiết kế phép lai hỗn hợp đã khai thác hiệu quả sự tái tổ hợp gen. Tuy nhiên, sự tồn tại EBV âm cho thấy cần tiếp tục sàng lọc bố mẹ và thiết lập ngưỡng chọn lọc hợp lý để loại bỏ các tổ hợp di truyền kém thích nghi, nâng cao chất lượng và tính ổn định của đàn giống.



Hình 3.17. Giá trị chọn giống (EBV) trung bình tính trạng khối lượng thân của 80 gia đình hầu *C. angulata* 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 của hầu sữa G1 tại Long Sơn đạt 10,36 g, tương ứng 19,83% khi chọn 1.000 cá thể (24,24%) từ 4.124 cá thể (Bảng 3.22). Với hệ số di truyền cao ($h^2 = 0,46$) và độ lệch chuẩn kiểu hình lớn ($\sigma_p = 17,71$ g), đây là mức cải thiện di truyền rất đáng khích lệ, phản ánh tiềm năng chọn lọc mạnh mẽ của quần thể G1.

Bảng 3.22. Hiệu quả chọn lọc ước tính (R) cho khối lượng thân 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

3.3.4. Chọn lọc quần đàn hàu *C. angulata* sinh trưởng nhanh G1

Trước chọn lọc, EBV trung bình cho khối lượng thân đạt 0,61 g với biên độ dao động lớn (−14,45 đến 17,65 ở cấp gia đình và −25,35 đến 30,68 ở cấp cá thể), cho thấy biến dị di truyền phong phú. Chương trình đã chọn 1.000 cá thể có EBV cao nhất từ 62 gia đình có EBV trung bình dương, đồng thời giới hạn EBV tỷ lệ sống ở mức dương để đảm bảo khả năng sống sót ổn định. Sau chọn lọc, EBV trung bình khối lượng thân tăng từ 0,61 g lên 10,36 g, tương ứng hiệu quả chọn lọc 19,83%, chứng minh tính hiệu quả của phương pháp chọn lọc kết hợp giữa và trong gia đình.

3.3.5. Chiến lược chọn giống hàu *C. angulata* sinh trưởng nhanh trong dài hạn

Chiến lược chọn giống hàu sữa trong luận án được xây dựng từ các kết quả thực nghiệm về đa dạng di truyền, thành phần di truyền (ảnh hưởng cộng gộp, con mẹ, ưu thế lai) và các thông số di truyền chủ chốt ở thế hệ G1. Khối lượng thân có hệ số di truyền cao ($h^2 = 0,46 \pm 0,12$), cho thấy khả năng cải thiện di truyền tốt và được xác định là tính trạng mục tiêu chính. Ngược lại, tỷ lệ sống có hệ số di truyền trung bình ($h^2 = 0,28 \pm 0,08$) và chịu ảnh hưởng mạnh của môi trường và tương tác $G \times E$, nên được xem là tính trạng ràng buộc nhằm tránh suy giảm tỷ lệ sống khi chọn lọc sinh trưởng. Tương quan di truyền chặt chẽ giữa khối lượng thân và các tính trạng kích thước vỏ cho phép cải thiện đồng thời hình thái thương phẩm thông qua chọn lọc sinh trưởng. Sự phân hóa EBV rõ rệt giữa các gia đình G1 cho phép áp dụng chiến lược chọn lọc kết hợp gia đình – cá thể, đồng thời cần duy trì số lượng gia đình đủ lớn để kiểm soát cận huyết và bảo toàn đa dạng di truyền. Các công nghệ chọn giống hệ gen như MAS, GWAS, GBLUP được xem là định hướng dài hạn khi có đủ dữ liệu SNP mật độ cao.

CHƯƠNG 4. KẾT LUẬN VÀ KIẾN NGHỊ

4.1. Kết luận

Luận án đã hoàn thành các mục tiêu nghiên cứu và cung cấp cơ sở khoa học quan trọng cho chương trình chọn giống hàu sữa sinh trưởng nhanh trong điều kiện nhiệt đới gió mùa Nam Bộ. Đa dạng và cấu trúc di truyền của các dòng vật liệu ban đầu được làm rõ, khẳng định vai trò then chốt của việc lựa chọn và quản lý nguồn bố mẹ nhằm hạn chế suy giảm đa dạng di truyền và cận huyết.

Phân tích các phép lai hỗn hợp cho thấy ảnh hưởng di truyền cộng gộp giữ vai trò chủ đạo đối với sinh trưởng, trong khi các ảnh hưởng không cộng gộp chỉ mang tính thứ cấp và phụ thuộc vào dòng lai. Ở thế hệ G1, các thông số di truyền và EBV được ước tính đầy đủ, với hiệu quả chọn lọc khối lượng thân đạt 19,83%, chứng minh tiềm năng cải thiện di truyền rõ rệt.

Kết quả cũng làm rõ vai trò của môi trường nuôi, trong đó Long Sơn phù hợp làm môi trường hạt nhân cho chọn lọc sinh trưởng, còn Long Hòa thích hợp để đánh giá khả năng thích nghi.

Việc kết hợp di truyền phân tử và di truyền số lượng đã bổ sung các dữ liệu quan trọng về đặc điểm di truyền của hàu sữa trong điều kiện nhiệt đới, góp phần xây dựng nền tảng khoa học vững chắc cho chương trình chọn giống hàu sữa bền vững tại Nam Bộ.

4.2. Kiến nghị

Tiếp tục duy trì và khai thác có kiểm soát các quần đàn G0–G1. Dòng Khánh Hòa và Đài Loan phù hợp làm vật liệu chọn giống, trong khi dòng Bà Rịa – Vũng Tàu cần sử dụng thận trọng và kiểm soát cận huyết bằng chỉ thị phân tử; đồng thời cần bổ sung bộ chỉ thị mật độ cao hơn. Ở các thế hệ tiếp theo (G2), chọn giống nên tập trung vào khối lượng thân dựa trên EBV, còn các tính trạng chất lượng chỉ xem xét khi có đủ dữ liệu. Tỷ lệ sống chịu ảnh hưởng mạnh của $G \times E$, cần mở rộng khảo nghiệm đa môi trường. Các quần đàn G1 có thể khai thác thí điểm trong sản xuất giống, song song với duy trì đàn đối chứng để đánh giá hiệu quả cải thiện di truyền.

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 sữa (*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. Luan Thanh Nguyen, Anh Mai Thi Nguyen, Nguyen Hoang Khoi Le, Suong Thao Nguyen, Nguyen Hong Nguyen, Tri Nhu Nguyen, Sang Van Nguyen (2025). Additive and non-additive genetic effects in complete diallel cross of *Crassostrea angulata* strains tested in monsoon tropical farming environments. *Aquaculture International*. Accepted: 1 October 2025.
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 sữa (*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 Bồ 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.