Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam 2026, 24(9): 1233-1244 https://doi.org/10.31817/tckhnnvn.2026.24. 9.07
vie.vjas.vn

NGHIÊN CỨU ĐỊNH DANH LOÀI VÀ MỘT SỐ ĐẶC ĐIỂM SINH HỌC BÀO NGƯ CHÍN LỖ *(Haliotis diversicolor)* TẠI VÙNG BIỂN CÔ TÔ VÀ BẠCH LONG VĨ

Lại Duy Phương[1], Nguyễn Diệp Anh[2], Lê Hoàng Đạt[2], Lê Duy Hoàng[2], Vũ Thị Hạnh[3], Lưu Xuân Hòa[4], Đỗ Anh Duy[4], Trần Đức Long[2*]

[1]Trung tâm Nghiên cứu Nuôi trồng hải sản miền Bắc, Viện Khoa học Thủy sản Việt Nam
[2]Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, Đại học Quốc gia Hà Nội
[3]Trường THPT chuyên Hùng Vương, tỉnh Phú Thọ
[4]Trung tâm Nghiên cứu hải sản phía Bắc, Viện Khoa học Thủy sản Việt Nam

[*]Tác giả liên hệ: longtd@hus.edu.vn

Ngày nhận bài: 13.07.2026 Ngày chấp nhận đăng: 06.09.2026

TÓM TẮT

Nghiên cứu được thực hiện nhằm xác nhận định danh loài bào ngư chín lỗ bằng chỉ thị DNA kết hợp với phân tích một số đặc điểm sinh học, nhằm cung cấp cơ sở khoa học cho phát triển sản xuất giống và bảo tồn nguồn gen bào ngư tại vịnh Bắc bộ. Chín mẫu bào ngư từ Cô Tô, Bạch Long Vĩ và đàn nuôi F_1 được giải trình tự đoạn gen ty thể *COI* để định loại phân tử; đồng thời, 930 cá thể được theo dõi đặc điểm sinh trưởng và sinh sản trên từ tháng 9/2023 đến tháng 8/2024. Kết quả cho thấy toàn bộ mẫu nghiên cứu đều thuộc loài *H. diversicolor*, hoàn toàn thống nhất với kết quả định danh hình thái. Các chỉ tiêu hình thái và sinh khối có mối tương quan chặt, trong đó mối quan hệ giữa khối lượng toàn thân và chiều dài vỏ đạt R^2 = 0,981. Chu kỳ sinh sản của loài biến động theo mùa, đỉnh thành thục sinh dục vào mùa thu (tháng 9-10), thể hiện qua các chỉ số EGV và GBI đạt giá trị cao nhất. Kết quả cho thấy dữ liệu DNA và đặc điểm sinh học là cơ sở khoa học tin cậy để lựa chọn đàn bố mẹ, quản lý nguồn gen, tối ưu hóa lịch sản xuất giống và hỗ trợ bảo tồn loài tại vùng biển vịnh Bắc bộ.

Từ khóa: Mã vạch DNA, chu kỳ sinh sản, bảo tồn bào ngư.

Species Identification and Biological Characterization of Small Abalone *(Haliotis diversicolor)* off the Coasts of Co To and Bach Long Vi Islands

ABSTRACT

This study was conducted to confirm the species identification of the small abalone (*Haliotis diversicolor*) using DNA markers combined with the analysis of key biological traits. Nine abalone samples from Co To, Bach Long Vi, and an F_1 cultured stock were sequenced for the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I *(COI)* gene fragment for molecular identification. Simultaneously, the growth and reproductive characteristics of 930 individuals were monitored from September 2023 to August 2024. The results revealed that all specimens belonged to *H. diversicolor*, showing full congruence with the morphological identification. Morphological and biomass indicators displayed strong correlations, with the shell length-weight relationship reaching R^2 = 0.981. The reproductive cycle exhibited seasonal variations, with sexual maturity peaking in autumn (September-October), as reflected by the highest values of the effective gonad volume (EGV) and gonad bulk index (GBI). Ultimately, the integrated DNA data and biological characteristics constitute a reliable scientific basis for broodstock selection, genetic management, optimization of seed production schedules, and species conservation in the coastal waters of the Gulf of Tonkin.

Keywords: DNA barcoding, reproductive cycle, abalone conservation.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bào ngư thuộc nhóm động vật thân mềm có giá trị cao và là đối tượng nuôi biển quan trọng ở nhiều quốc gia (FAO, 2022). Trong đó, bào ngư chín lỗ *(Haliotis diversicolor* Reeve, 1846) là loài

giàu tiềm năng nuôi ở vùng biển nhiệt đới (Alcantara & Noro, 2006). Tại Việt Nam, loài này phân bố ở các vùng ven biển và hải đảo thuộc vịnh Bắc bộ, đồng thời đã được nghiên cứu sản xuất giống từ năm 1990 (Nguyễn Chính, 1996). Tuy nhiên, do khai thác quá mức và suy giảm môi trường sống, quần thể tự nhiên đã suy giảm nghiêm trọng và hiện được xếp hạng Cực kỳ nguy cấp (CR) trong Sách Đỏ Việt Nam (Đỗ Văn Tứ & cs., 2024). Vì vậy, phát triển nguồn giống chất lượng cao gắn với bảo tồn nguồn gen đang trở thành yêu cầu tất yếu.

Định danh loài chính xác là yêu cầu then chốt trong nghiên cứu và sản xuất giống bào ngư. Các đặc điểm hình thái vỏ được sử dụng phổ biến trong phân loại *Haliotis* (Geiger & Poppe, 2000; Hylleberg & Kilburn, 2003), tuy nhiên hình thái có thể thay đổi dưới tác động của môi trường sống, làm giảm độ tin cậy khi chỉ dựa vào phân loại hình thái (Dayrat, 2005). Gần đây, chỉ thị DNA và phân tích phát sinh chủng loại đã trở thành công cụ tin cậy trong định danh loài, cho phép phân biệt các loài có hình thái tương đồng và làm rõ mối quan hệ tiến hóa (Hebert & cs., 2003). Một số chỉ thị DNA như ITS (Coleman & Vacquier, 2002; Wang & cs., 2004), gen nhân mã hóa 18S rRNA (Wang & cs., 2004), trình tự lặp lại ngắn (Sekino & Hara, 2007), RAPD (An & cs., 2013), gen ti thể mã hóa 16S rRNA (Wang & cs., 2004) và đặc biệt gen ti thể *COI* (Metz & cs., 1998; Wang & cs., 2004; An & cs., 2005; Hsu & Gwo, 2017; Bachry & cs., 2019) đã được nghiên cứu để phân biệt một số loài bào ngư. Trong đó, Hsu & Gwo (2017) đã cho thấy chỉ thị *COI* có thể giúp đánh giá đa dạng di truyền và quan hệ phát sinh chủng loại giữa các quần thể *H. diversicolor* phân bố ở Đài Loan và Nhật Bản. Những nghiên cứu này cho thấy dữ liệu DNA không chỉ hỗ trợ định danh chính xác mà còn là công cụ quan trọng trong đánh giá đa dạng di truyền, truy xuất nguồn gốc và chọn giống.

Tại Việt Nam, mặc dù đã có nhiều nghiên cứu về sinh học sinh sản và sản xuất giống nhân tạo *H. diversicolor* (Lại Duy Phương & cs., 2025), nhưng dữ liệu *COI* còn hạn chế và chưa được kết hợp với các đặc điểm sinh học nhằm phục vụ lựa chọn đàn bố mẹ và bảo tồn nguồn gen. Xuất phát từ thực tiễn đó, nghiên cứu này được thực hiện nhằm xác nhận định danh *H. diversicolor* bằng dữ liệu DNA kết hợp với phân tích đặc điểm sinh học, từ đó cung cấp cơ sở khoa học cho lựa chọn đàn bố mẹ, định hướng phát triển sản xuất giống và bảo tồn nguồn gen loài tại vịnh Bắc bộ.

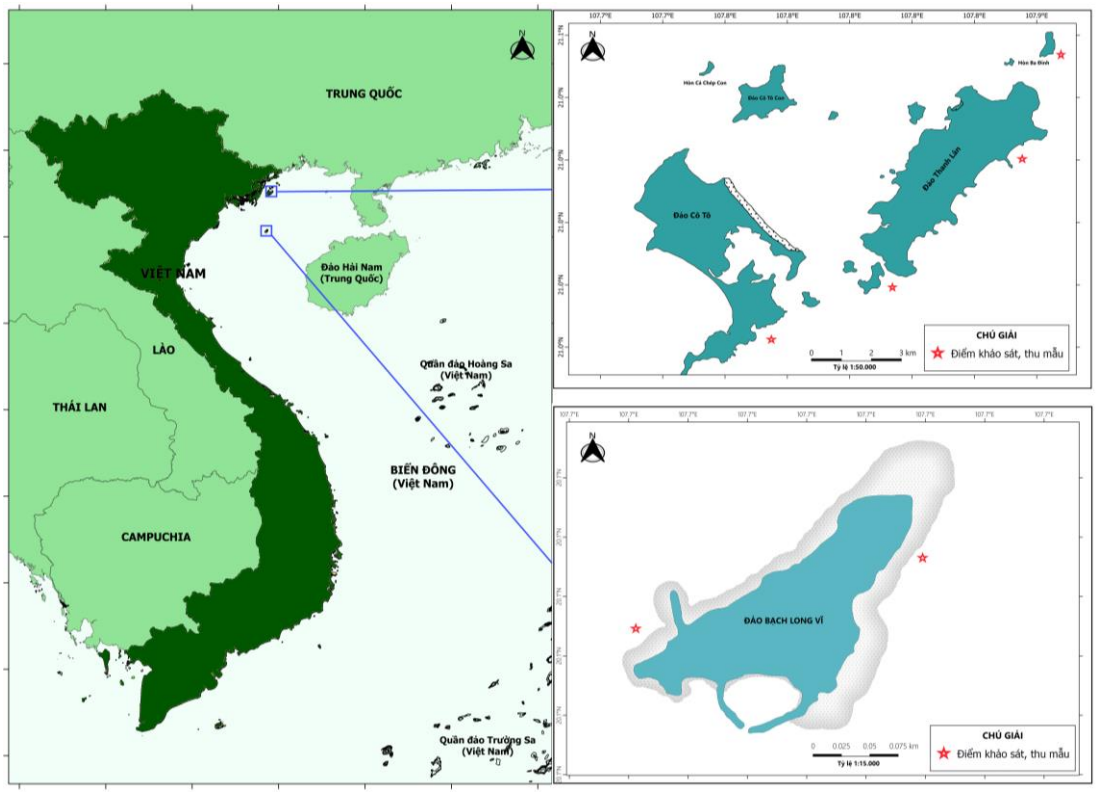
2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng

- Mẫu phân tích DNA: Tổng cộng 9 cá thể bào ngư được thu thập bằng phương pháp lặn scuba, bao gồm 4 cá thể được thu từ quần thể bào ngư tự nhiên tại vùng biển Cô Tô, 2 cá thể từ quần thể bào ngư tự nhiên tại vùng biển Bạch Long Vĩ và 3 mẫu là thế hệ F_1 của đàn bố mẹ có nguồn gốc tự nhiên tại vùng biển Bạch Long Vĩ (Hình 1).

- Mẫu phân tích sinh học: Mỗi tháng thu ngẫu nhiên 60-90 cá thể bào ngư tại Trung tâm Sản xuất giống Bạch Long Vĩ, liên tục từ tháng 9/2023 đến tháng 8/2024 (n = 930). Trên từng cá thể, xác định các chỉ tiêu gồm chiều dài vỏ (L, mm), chiều rộng vỏ (B, mm), chiều cao vỏ (H, mm), khối lượng toàn thân (W_{tt}, g), khối lượng thân mềm (W_{tm}, g) và khối lượng vỏ (W_v, g) để phân tích đặc điểm hình thái, sinh khối và sinh trưởng.

- Mẫu phân tích sinh sản: Hằng tháng, chọn ngẫu nhiên 7-12 cá thể cái từ số mẫu phân tích sinh học để đánh giá đặc điểm sinh sản. Tuyến sinh dục được thu để xác định giai đoạn phát triển, đồng thời đo chiều dài, chiều rộng và chiều dày để xác định thể tích tuyến sinh dục (EGV) và tính chỉ số sinh sản (GBI) theo Weng & cs. (2022). Giai đoạn phát triển tuyến sinh dục được xác định dựa trên đặc điểm hình thái và kiểm chứng chọn lọc bằng phương pháp mô học. Đối với các mẫu kiểm chứng, khối nội tạng chứa tuyến sinh dục được tách, xử lý mô, đúc paraffin; hai lát mẫu được lấy bằng máy cắt mẫu, gồm một vị trí cách đầu mút khối nội tạng khoảng 1cm và một vị trí ở phần giữa, theo Young & DeMartini (1970). Tiêu bản mô học được sử dụng để đối chiếu và xác nhận giai đoạn phát triển tuyến sinh dục.



Hình 1. Sơ đồ thu mẫu phân tích DNA tại vùng biển Cô Tô và Bạch Long Vĩ

2.2. Định danh hình thái

Các mẫu nghiên cứu được định danh loài dựa trên đặc điểm hình thái trước khi phân tích DNA. Các đặc điểm hình thái vỏ bao gồm kích thước (chiều dài, chiều rộng và chiều cao), hình dạng vỏ, số lượng lỗ thở, màu sắc và hoa văn bề mặt vỏ được ghi nhận và đối chiếu với khóa định loại tiêu chuẩn của Hylleberg & Kilburn (2003).

2.3. Tách chiết DNA tổng số, nhân bản và giải trình tự đoạn gen *COI*

DNA tổng số được tách chiết từ mô cơ theo phương pháp CTAB của Badenhorst & Roodt-Wilding (2007). Đoạn gen *COI* được khuếch đại bằng PCR sử dụng GoTaq Master Mix 2× (Promega) với cặp mồi HdiCOI+73F (5′-CTTCGGTATCTGATCTGG AC-3′) được thiết kế trên cơ sở tham khảo Hsu & Gwo (2017) và HdiCOI+994R (5′-CTCAGAGTATGGAGGCT TC-3′) được thiết kế mới. Chu trình PCR gồm: biến tính ở 95°C trong 5 phút; 35 chu kỳ gồm 95°C trong 20 giây, 46°C trong 20 giây và 72°C trong 40 giây; kéo dài ở 72°C trong 5 phút. Sản phẩm PCR được giải trình tự bằng phương pháp Sanger tại công ty 1st Base, Malaysia. Các trình tự được kiểm tra chất lượng, loại bỏ các nucleotide có điểm Phred < 30 ở hai đầu và đoạn gen *COI* dài ~890bp được thu nhận để phục vụ các phân tích tiếp theo.

2.4. Định danh bằng chỉ thị DNA

Trình tự gen *COI* của 9 mẫu nghiên cứu được phân tích cùng với 20 trình tự tham khảo của 4 loài bào ngư (*H. asinina*, *H. diversicolor*, *H. ovina*, *H. varia*) và 2 trình tự nhóm ngoài (*Lepetodrilus nux*, *L. schrolli*) từ GenBank (Bảng 1).

Các trình tự được dóng cột bằng BioEdit (Hall, 1999) tạo ma trận 882 vị trí nucleotide. Khoảng cách di truyền *p-distance* được tính bằng MEGA12 (Kumar & cs., 2024). Quan hệ phát sinh chủng loại được xác định theo hai phương pháp:

Bảng 1. Các trình tự *COI* tham khảo từ Genbank

Tên loài	Mã Genbank của trình tự (mẫu)	Số mẫu
H. asinina	NC077596.1, PV637048.1, PV637049.1, PV637050.1, PV637051.1, KX233870.1	06
H. diversicolor	MZ465525.1, HQ832671.1, HQ832672.1, HQ832673.1, AY319440.1, AY319441.1, AY319442.1, AY319443.1	08
H. ovina	MZ147804.1, MZ147805.1, NC056350.1, PV641184.1, PV641185.1	05
H. varia	OM650730.1	01
L. nux	LC107880.1	01
L. schrolli	KR297250.1	01

- *Hợp lý tối đa (ML):* Thực hiện trên MEGA12 (Kumar & cs., 2024), mô hình HKY+G+I, thuật toán SPR (mức 5), lọc nhánh Weak, đánh giá độ tin cậy bằng 1.000 lần bootstrap;

- *Suy luận Bayes (BI):* Thực hiện trên MrBayes 3.2 (Ronquist & cs., 2012) với mô hình TPM2uf+I+G từ jModelTest v2.1 (Darriba & cs., 2012). Phân tích gồm 2 lượt chạy độc lập, 4 chuỗi MCMC trong 10 triệu thế hệ, lấy mẫu mỗi 500 thế hệ, loại bỏ 25% burn-in; kiểm tra hội tụ qua ASDSF (~0,002) và PSRF (~1,000). Độ tin cậy nhánh được đánh giá bằng xác suất hậu nghiệm.

Cây chủng loại được trực quan hóa bằng TreeViewer v2.2.0 (Bianchini & Sánchez-Baracaldo, 2024).

2.5. Đặc điểm sinh học

- Sinh trưởng: Chiều dài vỏ (L), chiều rộng vỏ (B), chiều cao vỏ (H) được xác định bằng thước kẹp điện tử (± 0,01mm); Khối lượng toàn thân (W_{tt}) và khối lượng thân mềm (W_{tm}) sau khi tách khỏi vỏ được xác định bằng cân kỹ thuật (± 0,01g). Mối quan hệ giữa các chỉ tiêu hình thái và sinh khối được xác định bằng các phương trình hồi quy: $W_{tt} = a_1L^{b1}$; $W_{tt} = a_2B + b_2$; $W_{tt} = a_3W_v + b_3$; $B = a_4L^{b4}$; $H = a_5L^{b5}$; $W_{tt} = a_6W_{tm} + b_6$, trong đó W_v là khối lượng vỏ (g), a và b là các hệ số hồi quy. Tốc độ tăng trưởng được đánh giá thông qua tốc độ tăng trưởng tuyệt đối (AGR), tốc độ tăng trưởng tương đối (RGR) và tốc độ tăng trưởng theo khối lượng (WGR) theo Alcantara & Noro (2006):

$$AGR = \frac{W_2 - W_1}{t_2 - t_1}$$

$$RGR = \frac{\ln(W_2) - \ln(W_1)}{t_2 - t_1} \times 100$$

$$WGR = \frac{W_2 - W_1}{W_1} \times 100$$

Trong đó W_1 và W_2 là khối lượng toàn thân (g) tại các thời điểm t_1 và t_2.

- Sinh sản: Giai đoạn phát triển tuyến sinh dục được xác định dựa trên đặc điểm hình thái và mô học, gồm 5 giai đoạn: chưa phát triển, đang phát triển, thành thục, phóng giao tử và thoái hóa (Lại Duy Phương & cs., 2013). Mùa vụ sinh sản được xác định dựa trên biến động theo tháng của thể tích tuyến sinh dục (EGV), chỉ số sinh sản (GBI) và tỷ lệ cá thể thành thục sinh dục theo phương pháp của Weng & cs. (2022):

+ Thể tích tuyến sinh dục:

$$EGV = \frac{\pi \times L \times W \times H}{6}$$

Trong đó, L, W và H lần lượt là chiều dài, chiều rộng và chiều dày của tuyến sinh dục (mm).

+ Chỉ số sinh sản

$$GBI = \frac{EGV}{W_{tt}}$$

Trong đó W_{tt} là khối lượng toàn thân (g).

2.6. Xử lý số liệu

Số liệu được trình bày dưới dạng Mean ± SD. Phân tích tương quan bằng hồi quy tuyến tính và phi tuyến theo phương pháp bình phương tối thiểu, đánh giá qua hệ số xác định (R^2) và mức ý nghĩa ($P < 0,05$). Sự khác biệt giữa các nhóm được kiểm định bằng ANOVA kết hợp Tukey HSD với

mức ý nghĩa P <0,05. Dữ liệu được kiểm tra phân bố chuẩn và biến đổi logarit khi cần thiết. Phân tích thống kê thực hiện trên phần mềm SPSS (P <0,05).

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Định danh loài

- *Định danh dựa trên đặc điểm hình thái:* Kết quả quan sát cho thấy 9 mẫu bào ngư đều mang đặc điểm hình thái điển hình của *Haliotis diversicolor* (Hình 2), gồm vỏ hình bầu dục thuôn dài, mặt lưng lồi vừa phải, đỉnh vỏ lệch về phía trước, dãy 6-8 lỗ thở còn hoạt động dọc mép trái và lớp xà cừ mặt trong ánh xanh ngọc. Đối chiếu với khóa định loại của Hylleberg & Kilburn (2003), toàn bộ mẫu được xác định là *H. diversicolor*. Một số sai khác về màu sắc, độ dày và cấu trúc bề mặt vỏ được ghi nhận giữa các cá thể nhưng chủ yếu phản ánh biến dị kiểu hình dưới tác động của điều kiện môi trường như nền đáy, độ sâu và nguồn thức ăn.

Kết quả này phù hợp với Geiger & Poppe (2000) và Hylleberg & Kilburn (2003), khi các đặc điểm ổn định như hình dạng vỏ, vị trí đỉnh vỏ và số lỗ thở vẫn là tiêu chí phân loại quan trọng của chi *Haliotis*. Tuy nhiên, sự biến đổi của các đặc điểm hình thái phụ thuộc môi trường có thể làm giảm độ tin cậy khi định danh nếu chỉ dựa trên hình thái (Dayrat, 2005; Weng & cs., 2022). Vì vậy, kết quả định danh hình thái trong nghiên cứu này được xem là bước sàng lọc ban đầu và được kiểm chứng bằng phân tích DNA.

- *Định danh bằng chỉ thị DNA:* Phân tích khoảng cách di truyền (p-distance) cho thấy sự phân tách rõ ràng giữa các cấp phân loại (Bảng 2). Khoảng cách trong cùng loài của *H. diversicolor* rất thấp (0,0023-0,0113), trong khi khoảng cách giữa các loài trong chi *Haliotis* dao động từ 0,1474-0,1893 và giữa các chi đạt từ 0,2177 trở lên. Giá trị p-distance giữa 9 mẫu nghiên cứu và các trình tự *H. diversicolor* trên GenBank đều nằm trong ngưỡng biến dị nội loài, khẳng định các mẫu phân tích thuộc cùng một đơn vị phân loại.

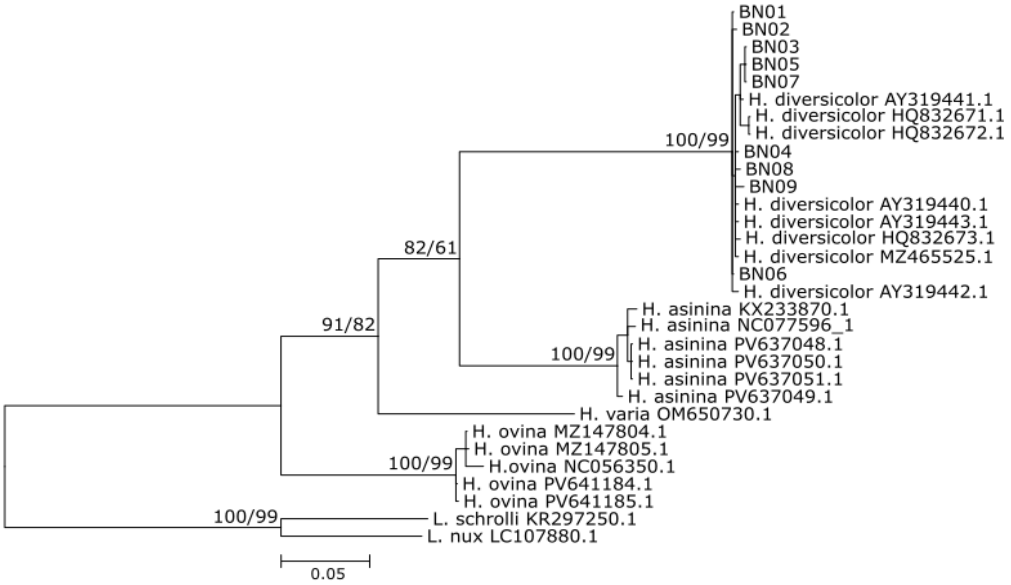


Hình 2. Hình thái vỏ mẫu bào ngư thu thập tại vùng biển Bạch Long Vĩ

Bảng 2. Khoảng cách di truyền p-distance giữa các cặp loài

	Tên loài/mẫu	1	2	3	4	5	6
1	BN01-BN09	0,0000-0,0091					
2	*H. asinina*	0,1599-0,1689	0,0000-0,0136				
3	*H. diversicolor*	0,0023-0,0113	0,1599-0,1678	0,0000-0,0091			
4	*H. ovina*	0,1780-**0,1893**	0,1621-0,1712	0,1791-0,1882	0,0000-**0,0170**		
5	*H. varia*	0,1769-0,1848	**0,1474**-0,1553	0,1803-0,1848	0,1735-0,1814		
6	*L. nux*	0,2449-0,2494	0,2426-0,2472	0,2460-0,2494	0,2211-0,2268	0,2358	
7	*L. schrolli*	0,2381-0,2449	0,2324-0,2347	0,2404-0,2426	**0,2177**-0,2211	0,2381	0,1281

Ghi chú: Đối với các loài có nhiều mẫu, các ô hiển thị giá trị p-distance tối thiểu - tối đa giữa các cặp cá thể thuộc hai loài khác nhau (ô không màu) hoặc cùng một loài (ô màu xám).



Ghi chú: Số tại các nhánh biểu thị xác suất hậu nghiệm/ giá trị bootstrap; thước đo biểu thị tần suất thay thế nucleotide trên mỗi vị trí.

Hình 3. Cây phát sinh chủng loại dựa trên trình tự *COI*

Kết quả này tiếp tục được kiểm chứng bằng cây phát sinh chủng loại xây dựng theo phương pháp Hợp lý tối đa (ML) và Suy luận Bayes (BI) (Hình 3). Hai phương pháp cho cấu trúc cây tương đồng, trong đó các loài tham chiếu (*H. asinina*, *H. ovina*) đều hình thành các nhánh đơn ngành riêng biệt với giá trị hỗ trợ cao. Toàn bộ 9 mẫu nghiên cứu tập hợp trong cùng một nhánh với các trình tự *H. diversicolor* tham chiếu trên GenBank và được hỗ trợ bởi giá trị Bootstrap cao (100/99), khẳng định kết quả định danh.

Việc kết hợp định danh hình thái với chỉ thị *COI* không chỉ nâng cao độ chính xác trong nhận diện loài mà còn hạn chế nguy cơ nhầm lẫn do biến dị kiểu hình. Đây là cơ sở phân loại đối tượng nghiên cứu đáng tin cậy, phục vụ cho các phân tích về sinh trưởng, sinh sản và định hướng quản lý nguồn gen.

3.2. Mối tương quan giữa các chỉ tiêu hình thái và đặc điểm sinh trưởng

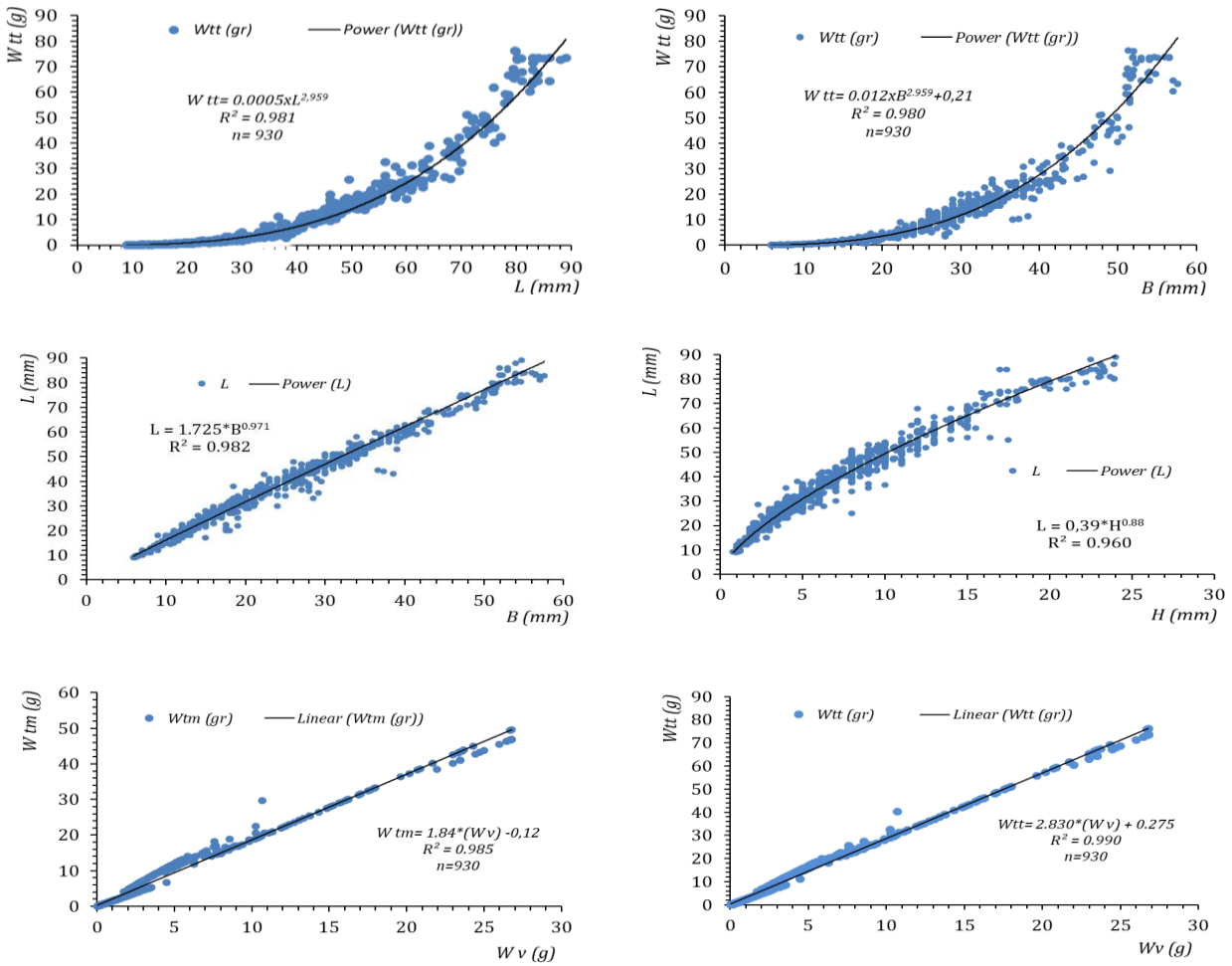
Phân tích dữ liệu từ 930 mẫu cá thể bào ngư *(H. diversicolor)* cho thấy các mối tương quan chặt và có ý nghĩa thống kê giữa các chỉ tiêu hình thái vỏ và khối lượng cơ thể (Hình 4):

- Quan hệ khối lượng toàn thân (W_{tt}) - chiều dài vỏ (L) được biểu diễn tối ưu bằng hàm lũy thừa với hệ số xác định cao (R^2 = 0,981; P <0,05). Hệ số lũy thừa b ≈ 3 biểu thị kiểu sinh trưởng đẳng hình. Ở giai đoạn kích thước nhỏ (< 45mm), tốc độ tăng trưởng chiều dài chiếm ưu thế; ngược lại, sự tích lũy khối lượng diễn ra mạnh mẽ hơn ở các cá thể kích thước lớn.

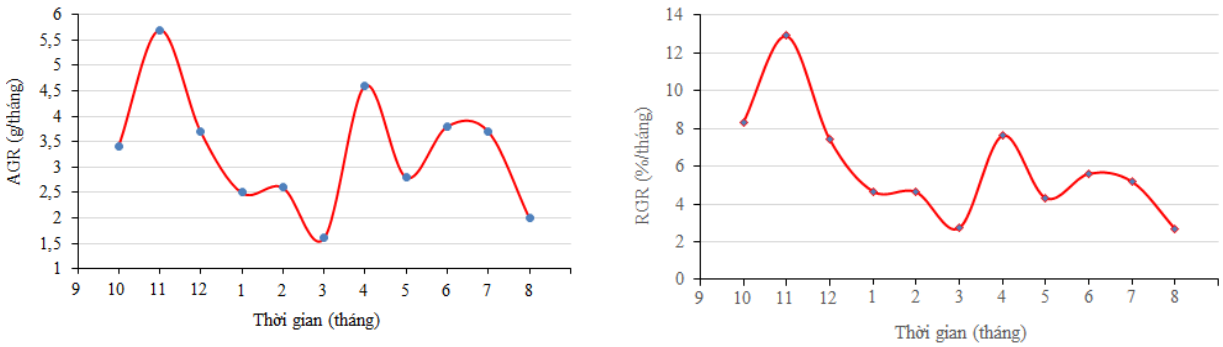
- Quan hệ giữa W_{tt} với chiều rộng vỏ (B) và khối lượng vỏ (W_v) đều thể hiện mối tương quan tuyến tính chặt chẽ (R^2 ≈ 0,98-0,99; P <0,05). Kết quả này khẳng định độ tin cậy của việc ứng dụng các chỉ tiêu hình thái vỏ để ước lượng sinh khối tổng số.

- Quan hệ khối lượng thân mềm (W_{tm}) - khối lượng vỏ (W_v): Đạt hệ số tương quan rất cao (R^2 > 0,98), phản ánh sự phát triển đồng biến, ổn định giữa phần mềm và vỏ trong suốt quá trình sinh trưởng.

- Quan hệ liên hình thái vỏ: Chiều dài vỏ (L) tương quan chặt với chiều rộng (B, R^2 ≈ 0,98) và chiều cao (H, R^2 ≈ 0,96) (P <0,05), minh chứng cho cấu trúc vỏ ổn định. Tuy nhiên, tốc độ tăng trưởng chiều cao có xu hướng chậm lại ở các cá thể lớn, cho thấy sự tái phân phối năng lượng trong giai đoạn trưởng thành.

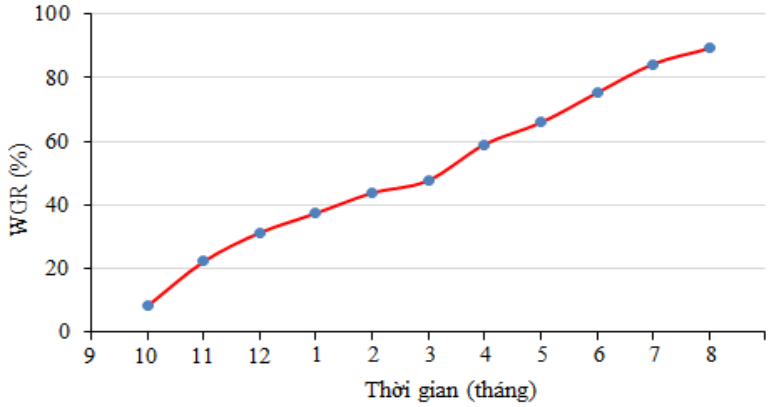


Hình 4. Đồ thị thể hiện các mối tương quan giữa các chỉ tiêu hình thái



Hình 5. Biến động AGR và RGR
của bào ngư nuôi tại Trung tâm sản xuất giống Bạch Long Vĩ

Các chỉ số tốc độ tăng trưởng tuyệt đối (AGR), tương đối (RGR) và theo khối lượng (WGR) biến động rõ rệt theo thời gian: AGR đạt đỉnh vào tháng 11 (5,7 g/tháng) và tháng 4 (4,6 g/tháng), xuống mức thấp nhất vào tháng 3 và tháng 8. RGR đạt giá trị cực đại ở giai đoạn đầu chu kỳ nuôi và giảm dần theo tỷ lệ nghịch với kích thước cơ thể (Hình 5).



Hình 6. Biến động tăng trưởng theo khối lượng (WGR) **của bào ngư nuôi tại Trung tâm sản xuất giống Bạch Long Vĩ**

WGR tăng liên tục theo thời gian và đạt cực đại vào giai đoạn giữa đến cuối chu kỳ nuôi, phản ánh sự chi phối đồng thời của điều kiện môi trường và trạng thái sinh lý đến quá trình sinh trưởng của cá thể (Hình 6).

Tóm lại, bào ngư chín lỗ thể hiện tiềm năng sinh trưởng cao và ổn định trong điều kiện nuôi nhân tạo. Sự biến động theo mùa của các chỉ số tăng trưởng liên quan chặt chẽ với chu kỳ sinh sản. Giai đoạn tăng trưởng mạnh trùng với thời kỳ tích lũy năng lượng trước sinh sản; ngược lại, tốc độ sinh trưởng giảm sút trong giai đoạn thành thục tuyến sinh dục và phóng giao tử.

Về mặt ứng dụng thực tiễn, các phát hiện này cung cấp cơ sở khoa học quan trọng để xác định thời điểm tối ưu cho việc tuyển chọn và nuôi vỗ đàn bố mẹ. Việc ưu tiên nuôi vỗ vào các giai đoạn tích lũy sinh khối cao sẽ giúp tiết kiệm thời gian, chi phí và tối ưu hóa chất lượng đàn bố mẹ, chuẩn hóa lịch sản xuất giống, từ đó nâng cao hiệu quả sản xuất.

3.3. Đặc điểm sinh sản

Phân tích đồng thời biến động thể tích tuyến sinh dục cái (EGV) (Bảng 3) và chỉ số sinh sản (GBI) (Hình 7) minh chứng bào ngư chín lỗ có chu kỳ sinh sản theo mùa rõ rệt.

Giá trị EGV đạt cực đại vào tháng 9-10 (2,57-2,61cm^3), đồng thời GBI cũng đạt đỉnh (≈ 0,06), với sự chiếm ưu thế của các cá thể ở giai đoạn thành thục và phóng giao tử (giai đoạn IV-V). Sự đồng pha giữa hai chỉ số này khẳng định mùa thu (tháng 9-10) là mùa sinh sản chính của loài. Sau giai đoạn này, EGV và GBI giảm nhanh vào cuối mùa hè đến giữa mùa đông (tháng 11-1), phù hợp với sự chuyển sang giai đoạn sau sinh sản. Đến đầu mùa xuân (tháng 3-4), EGV tăng trở lại (2,19-2,27cm^3) cùng với sự phục hồi của GBI, tuy nhiên tỷ lệ cá thể đạt giai đoạn thành thục thấp hơn so với mùa thu, gợi ý khả năng xuất hiện một đợt sinh sản phụ với cường độ thấp hơn. EGV sau đó giảm xuống 0,77cm^3 vào tháng 5 và thấp nhất vào tháng 6 (0,48cm^3), rồi tăng dần qua tháng 7-8 (1,37-1,85cm^3), đồng thời các giai đoạn phát triển sớm (I-II) chiếm ưu thế, phản ánh giai đoạn tích lũy và chuẩn bị cho chu kỳ sinh sản tiếp theo của loài vào đầu mùa thu.

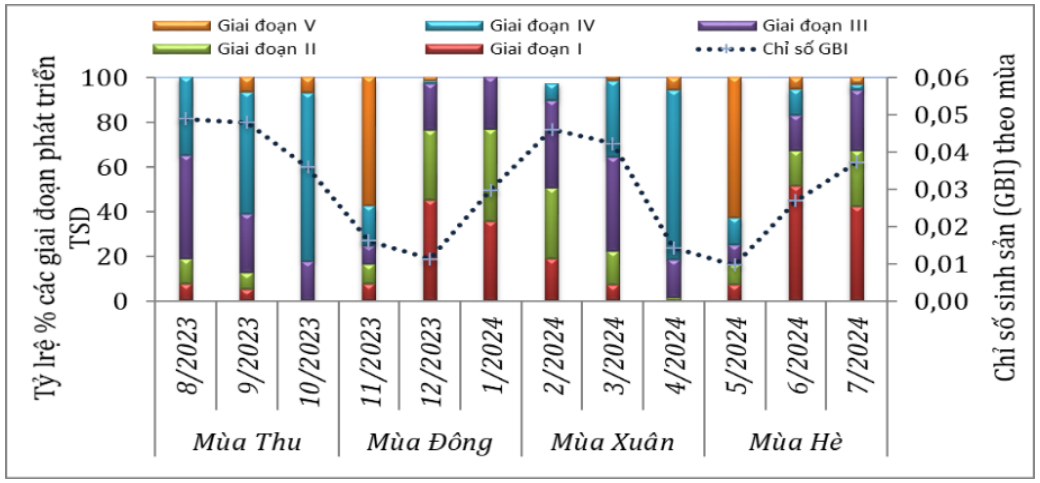
Sự biến động các chỉ số sinh sản thể hiện quy luật phân bổ năng lượng luân phiên giữa sinh trưởng và sinh sản dưới sự chi phối của môi trường. Đối chiếu với dữ liệu sinh trưởng, giai đoạn tăng trưởng mạnh (đầu và giữa chu kỳ nuôi) trùng khớp với pha tích lũy năng lượng cho tuyến sinh dục. Ngược lại, vào mùa sinh sản, tốc độ tăng trưởng cơ thể suy giảm tương đối do năng lượng được ưu tiên chuyển hướng cho hoạt động phát triển tuyến sinh dục và sinh sản.

Mùa vụ sinh sản ghi nhận trong nghiên cứu này tương đồng với nhiều báo cáo trên các loài bào ngư nhiệt đới và cận nhiệt đới. Tại vịnh Sagami, Nhật Bản, *H. diversicolor* có thể sinh sản quanh năm nhưng vẫn xuất hiện một hoặc hai đỉnh sinh sản rõ rệt gắn với biến động nhiệt độ theo mùa (Onitsuka & cs., 2010).

Bảng 3. Thể tích tuyến sinh dục cái (EGV) của bào ngư chín lỗ theo mùa tại Bạch Long Vĩ

Các tham số	Mùa thu			Mùa đông			Mùa xuân			Mùa hè		
	T9	T10	T11	T12	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T7	T8
Số mẫu (n)	12	9	7	11	8	9	12	9	9	8	9	9
EGV (cm^3)	$2,57^{a} \pm 0,06$	$2,61^{a} \pm 0,03$	$1,76^{b} \pm 0,03$	$0,76^{a} \pm 0,05$	$0,56^{b} \pm 0,02$	$1,49^{c} \pm 0,02$	$2,19^{a} \pm 0,06$	$2,27^{b} \pm 0,02$	$0,77^{c} \pm 0,02$	$0,48^{a} \pm 0,04$	$1,37^{b} \pm 0,02$	$1,85^{c} \pm 0,05$
P (giữa các tháng trong mùa)		<0,001			<0,001			<0,001			<0,001	
EGV trung bình mùa		$2,38^{A} \pm 0,37$			$0,94^{C} \pm 0,40$			$1,79^{B} \pm 0,68$			$1,26^{C} \pm 0,57$	
P (giữa các mùa)						<0,001						

Ghi chú: Số liệu được trình bày dưới dạng trung bình ± độ lệch chuẩn (Mean ± SD). Trong cùng một mùa, các giá trị EGV theo tháng mang chữ cái thường khác nhau ($^{a, b, c}$) khác biệt có ý nghĩa thống kê; các giá trị mang cùng chữ cái không khác biệt có ý nghĩa thống kê. Các chữ cái in hoa khác nhau ($^{A, B, C}$) biểu thị sự khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa giá trị EGV trung bình của các mùa.



Hình 7. Biến động chỉ số sinh sản (GBI) theo mùa

Tại vùng biển phía Nam đảo Lombok (Indonesia), *H. asinina* sinh sản quanh năm nhưng hoạt động sinh sản tập trung chủ yếu trong giai đoạn từ tháng 8 đến tháng 11, đồng thời sự phát triển tuyến sinh dục có mối liên hệ chặt chẽ với các yếu tố môi trường (Setyono, 2006). *Mặc dù thời điểm sinh sản cực đại có thể khác nhau giữa các khu vực do điều kiện khí hậu và hải dương học, nhiều nghiên cứu đều cho thấy quá trình phát triển và thành thục tuyến sinh dục của bào ngư chịu ảnh hưởng mạnh bởi các yếu tố môi trường, đặc biệt là nhiệt độ nước, quang chu kỳ và nguồn thức ăn (Counihan & cs., 2001; Setyono, 2006; Onitsuka & cs., 2010). Điều này cho thấy chu kỳ sinh sản của quần thể H. diversicolor tại vịnh Bắc bộ không chỉ phản ánh đặc điểm sinh học vốn có của loài mà còn thể hiện sự thích nghi với điều kiện sinh thái đặc trưng của khu vực*

Tóm lại, các chỉ số EGV và GBI đã làm rõ quy luật sinh sản theo mùa của *H. diversicolor*. Việc xác lập các đặc điểm sinh sản trên nền tảng đàn bố mẹ được xác nhận bằng chỉ thị DNA đã nâng cao độ tin cậy của kết quả, đồng thời tạo cơ sở khoa học vững chắc cho sản xuất giống và bảo tồn nguồn gen loài tại vịnh Bắc bộ.

3.4. Ý nghĩa của định danh loài và đặc điểm sinh học đối với sản xuất giống

Kết quả giải trình tự gen *COI* đã xác nhận toàn bộ 9 mẫu nghiên cứu thuộc loài *Haliotis diversicolor*, thống nhất với kết quả định danh hình thái và tạo cơ sở tin cậy để phân tích các đặc điểm sinh trưởng, sinh sản của quần thể. Trong bối cảnh *H. diversicolor* đã được xếp hạng Cực kỳ nguy cấp (trong Sách Đỏ Việt Nam năm 2024, việc xác định chính xác đơn vị loài bằng chỉ thị DNA có ý nghĩa quan trọng đối với quản lý nguồn gen, hạn chế nhầm lẫn giữa các loài có hình thái tương đồng và chuẩn hóa đàn bố mẹ phục vụ sản xuất giống, bảo tồn nguồn gen.

Kết quả sinh học cho thấy *H. diversicolor* có mối tương quan chặt chẽ giữa các chỉ tiêu hình thái và sinh khối, đồng thời thể hiện chu kỳ sinh sản theo mùa rõ rệt. Đỉnh phát triển tuyến sinh dục tập trung vào mùa thu (tháng 9-10), khi EGV và GBI đạt giá trị cao nhất. Từ diễn biến phát triển tuyến sinh dục theo mùa, kết quả gợi ý tháng 7-8 có thể là giai đoạn phù hợp để bắt đầu nuôi vỗ, chuẩn bị đàn bố mẹ trước thời kỳ sinh sản cao điểm. Đây là cơ sở sinh học để tham khảo trong bố trí thời điểm tuyển chọn, nuôi vỗ và kích thích sinh sản phù hợp với chu kỳ sinh sản tự nhiên của loài.

Nhìn chung, chỉ thị *COI* trong nghiên cứu này có giá trị hỗ trợ xác nhận chính xác loài *H. diversicolor*, trong khi các dữ liệu sinh trưởng và sinh sản cung cấp thông tin sinh học phục vụ định hướng sản xuất giống. Các vấn đề về cấu trúc và đa dạng di truyền quần thể, mức độ cận huyết cần được đánh giá trong các nghiên cứu tiếp theo với cỡ mẫu lớn hơn và hệ thống chỉ thị di truyền có độ phân giải phù hợp.

4. KẾT LUẬN

Kết hợp phân tích hình thái với chỉ thị *COI* cho thấy các mẫu bào ngư tự nhiên tại Cô Tô, Bạch Long Vĩ và đàn nuôi F_1 thuộc loài bào ngư chín lỗ (*Haliotis diversicolor* Reeve, 1846). Nghiên cứu sinh trưởng và sinh sản của đàn bào ngư nuôi nhân tạo đã xác định được các mối tương quan chặt chẽ giữa các chỉ tiêu hình thái và sinh khối ($R^2 \geq 0,96$), đồng thời xác định được quan hệ giữa khối lượng toàn thân và chiều dài vỏ đạt $R^2 = 0,981$. Hoạt động sinh sản thể hiện tính mùa vụ rõ rệt, với EGV và GBI đạt giá trị cao nhất vào mùa thu, xác định tháng 9-10 là giai đoạn phát triển tuyến sinh dục và sinh sản cao điểm. Những kết quả này cung cấp thông tin sinh học làm cơ sở tham khảo cho việc lựa chọn đàn bố mẹ và bố trí lịch sản xuất giống phù hợp với chu kỳ sinh sản tự nhiên của *H. diversicolor*.

LỜI CẢM ƠN

Tác giả xin trân trọng cảm ơn Trung tâm Nghiên cứu hải sản phía Bắc, Ban Quản lý Khu bảo tồn biển Bạch Long Vĩ, Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, Đại học Quốc gia Hà Nội và KS. Phạm Trần Đình Nho đã tạo điều kiện về chuyên môn, thời gian và cơ sở vật chất trong suốt quá trình thu thập, phân tích mẫu vật và hoàn thiện nghiên cứu.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Alcantara L. & Noro T. (2006). Growth of the abalone Haliotis diversicolor (Reeve) fed with macroalgae in floating net cage and plastic tank. Aquaculture Research. 37(7): 708-717.

An H.S., Jee Y.J., Min K.S., Kim B.L. & Han S.J. (2005). Phylogenetic analysis of six species of Pacific abalone (Haliotidae) based on DNA sequences of 16s rRNA and cytochrome c oxidase subunit I mitochondrial genes. Marine Biotechnology. 7(4):373-380.

An H.S., Park J.Y., Myeong J. I. & An C.M. (2013). Genetic relationships of Pacific abalone (Haliotidae) species determined using universal rice primer-polymerase chain reaction fingerprinting. Genetics and Molecular Research. 12(4): 6309-6318.

Bachry S., Solihin D., Gustiano R., Soewardi K. & Butet N. (2019). Genetic Diversity of the *Haliotis diversificolor squamata* from Southern Coastal Java (Banten, Pangandaran and Alas Purwo) and Bali Based on Mitochondrial *CO1* Sequences. Tropical Life Sciences Research. 30(3): 83-93.

Badenhorst D. & Roodt-Wilding R. (2007). Application of various DNA extraction methodologies on abalone, *Haliotis midae*, larvae and juveniles for fluorescent AFLP analysis. Aquaculture Research. 38(5): 546-549.

Bianchini G. & Sánchez-Baracaldo P. (2024). TreeViewer: Flexible, modular software to visualise and manipulate phylogenetic trees. Ecology and Evolution. 14(2): e10873.

Coleman A.W. & Vacquier V.D. (2002). Exploring the phylogenetic utility of ITS sequences for animals: A test case for abalone (*Haliotis*). Journal of Molecular Evolution. 54(2): 246-257.

Counihan R.T., McNamara D.C. & Souter D.C. (2001). Effect of temperature and photoperiod on reproductive conditioning of the New Zealand abalone *Haliotis iris*. Journal of Shellfish Research. 20(3): 1221-1227.

Darriba D., Taboada G.L., Doallo R. & Posada D. (2012). jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. Nature Methods. 9(8): 772.

Dayrat B. (2005). *Towards integrative taxonomy*. Biological Journal of the Linnean Society. 85(3): 407-415.

Đỗ Văn Tứ, Lê Hùng Anh, Trần Mạnh (2024). Phần thân mềm, giáp xác, sam biển, cầu giai và hải sâm ở biển. Trong: Nguyễn Quảng Trường (Chủ biên): Sách đỏ Việt Nam, Tập 1. Động vật (tr. 50). Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam. Nhà xuất bản Khoa học tự nhiên và Công nghệ.

FAO (2022). The State of World Fisheries and Aquaculture 2022: Towards Blue Transformation. Retrieved from https://digitallibrary.un.org/record/3978694?ln=en&v=pdf on Mar 07, 2023.

Geiger D.L. & Poppe G.T. (2000). Conchological Iconography: The Family Haliotidae. ConchBooks. Hackenheim, Germany.

Hall T.A. (1999). BIOEDIT: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/ NT. Nucleic Acids Symposium Series. 41: 95-98.

Hebert P.D.N, Cywinska A., Ball S.L. & deWaard J.R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences. 270(1512): 313-321.

Hsu T.H. & Gwo J.C. (2017). Genetic diversity and stock identification of small abalone (*Haliotis diversicolor*) in Taiwan and Japan. PLoS ONE. 12(6): e0179818.

Hylleberg J. & Kilburn R.N. (2003). Marine Molluscs of Vietnam: Annotations, Voucher Material and Species in Need of Verification. Volume II. Gastropoda. Phuket Marine Biological Center Special Publication. 28: 5-300.

Kumar S., Stecher G., Suleski M., Sanderford M., Sharma S. & Tamura K. (2024). MEGA12: Molecular Evolutionary Genetic Analysis Version 12 for Adaptive and Green Computing. Molecular Biology and Evolution. 41(12): msae263.

Lại Duy Phương, Nguyễn Văn Hiếu & Đỗ Anh Duy (2013). Một số đặc điểm sinh học bào ngư chín lỗ *Haliotisdiversicolor* Reeve, 1846) tại vùng biển ven đảo Bạch Long Vĩ. Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển nông thôn. tr. 183-191.

Lại Duy Phương, Phan Thị Vân & Nguyễn Khắc Bát (2025). Tổng quan tình hình nghiên cứu sinh học sinh sản, kỹ thuật sản xuất và đề xuất hướng nghiên cứu nhằm nâng cao hiệu quả sản xuất giống nhân tạo loài bào ngư chín lỗ *(Haliotis diversicolor* Reeve, 1846). Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam. 23(10): 1404-1413.

Metz E.C., Robles-Sikisaka R. & Vacquier V.D. (1998). Nonsynonymous substitution in abalone sperm fertilization genes exceeds substitution in introns and mitochondrial DNA. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 95(18): 10676-81.

Nguyễn Chính (1996). Một số loài động vật nhuyễn thể (Mollusca) có giá trị kinh tế ở biển Việt Nam. Nhà xuất bản Khoa học và Kỹ thuật. Hà Nội.

Onitsuka T., Kawamura T., Horii T. & Takiguchi N. (2010). Reproduction and Early Life Ecology of

Abalone *Haliotis diversicolor* in Sagami Bay, Japan. Japan Agricultural Research Quarterly (JARQ). 44(4): 375-382.

Ronquist F., Teslenko M., Van Der Mark P., Ayres D.L., Darling A., Höhna S., Larget B., Liu L., Suchard M.A. & Huelsenbeck J.P. (2012). MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. Systematic Biology. 61(3): 539-542.

Sekino M. & Hara M. (2007). Individual assignment tests proved genetic boundaries in a species complex of Pacific abalone (genus Haliotis). Conservation Genetics. 8(4): 823-841.

Setyono D.E. (2006). Reproductive aspects of the tropical abalone, *Haliotis asinina*, from southern Lombok waters, Indonesia. Marine Research in Indonesia. 30: 1-14.

Wang Z.Y., Ho K.C., Yu D.H., Ke C.H., Mak W.Y. & Chu K.H. (2004). Lack of genetic divergence in nuclear and mitochondrial DNA between subspecies of two *Haliotis* species. Journal of Shellfish Research. 23(4): 1143-1146.

Weng X., Xu Y., Dong X., Luo X., You W., Ke C. & Cai M. (2022). Sex-specific markers developed by next-generation sequencing confirmed a male heterogametic sex determination in small abalone, *Haliotis diversicolor*. Aquaculture. 555: 738256.

Young J.S. & DeMartini J.D. (1970). The reproductive cycle, gonadal histology, and sex ratio of the red abalone *Haliotis rufescens* Swainson. The Veliger. 12(4): 377-397.