

ĐẠI HỌC ĐÀ NẴNG
TRƯỜNG ĐẠI HỌC BÁCH KHOA


TRƯỜNG THỊ OANH

PHÁT HIỆN VÀ NGHIÊN CỨU ỨNG DỤNG
CÁC CHỈ THỊ ĐA HÌNH NUCLEOTIDE ĐƠN (SNPs)
BẰNG KỸ THUẬT EzRAD CỦA BA LOÀI CÁ
ĐIỂN HÌNH Ở LƯU VỰC HẠ LƯU SÔNG MEKONG

Chuyên ngành: Công nghệ Sinh học
Mã số: 9420201

LUẬN ÁN TIẾN SĨ KỸ THUẬT
PHẦN PHỤ LỤC

ĐÀ NẴNG – 2026

PHỤ LỤC

Phụ lục 1. Các thông số sử dụng trong đánh giá đa dạng di truyền	2
Phụ lục 2. Hình ảnh ba loài cá mục tiêu, thu mẫu thực địa, quy trình xử lý và bảo quản mẫu	3
Phụ lục 3. Số lượng mẫu của các loài cá được thu thập theo thời gian tại các địa điểm nghiên cứu ở lưu vực sông Mekong.....	4
Phụ lục 4. Quy trình tách chiết và xác định nồng độ DNA	6
Phụ lục 5. Các công thức tính	8
Phụ lục 6. Các thông số được sử dụng để khảo sát phương pháp lắp ráp <i>de novo</i> hệ gen	9
Phụ lục 7. Khoảng cách địa lý (km) giữa các quần thể.....	11
Phụ lục 8. Nồng độ của DNA tổng số, thư viện gen và dung lượng giải trình tự của các mẫu cá trong nghiên cứu.....	13
Phụ lục 9. Số lượng cá thể của các loài cá trước và sau khi sàng lọc SNPs.....	24
Phụ lục 10. Số lượng mẫu và chỉ thị SNPs giữa ba loài cá nghiên cứu theo tiến trình xử lý dữ liệu.....	24
Phụ lục 11. Giá trị khác biệt di truyền theo cặp quần thể (F_{ST}) ở phía dưới đường bên và độ tin cậy (p-value) tương ứng ở phía trên đường bên của ba loài nghiên cứu.....	25
Phụ lục 12. Giá trị trung bình của K theo phương pháp của Evanno từ dữ liệu SNPs trung tính	26
Phụ lục 13. Kết quả giá trị p hiệu chỉnh theo phương pháp Benjamini-Hochberg	27
Phụ lục 14. Các trục MEM-2-6 giữa sai khác di truyền và khoảng cách địa lý từ phân tích dbMEM của các loài cá	31
Phụ lục 15. Các kết quả phân tích sử dụng bộ dữ liệu loci đáp ứng	33
Phụ lục 16. Các kết quả thuộc nội dung 3.....	36

Phụ lục 1. Các thông số sử dụng trong đánh giá đa dạng di truyền

Thông số	Công thức/ Tính chất cơ bản	Ý nghĩa sinh học
Số lượng alen (Na)	Tổng số alen quan sát tại mỗi locus	Thể hiện mức độ phong phú di truyền, giá trị Na cao thì quần thể có tính đa hình lớn.
Số lượng alen hiệu quả (N _E)	$N_E = 1 / \sum p_i^2,$ <i>với p_i là tần suất của alen i</i>	Phản ánh mức độ cân bằng của phân bố alen; giá trị cao cho thấy các alen có tần suất tương đương.
Tỉ lệ dị hợp tử quan sát (H _O)	Tỉ lệ cá thể dị hợp tử thực tế trong quần thể	Biểu thị mức độ biến dị di truyền hiện có; H _O thấp có thể do giao phối cận huyết hoặc phân tách quần thể
Tỉ lệ dị hợp tử mong đợi (H _E)	$H_E = 1 - \sum p_i^2$ (theo mô hình Hardy–einberg)	Xác suất hai alen chọn ngẫu nhiên từ quần thể là khác nhau; chỉ số chính của đa dạng quần thể.
Hệ số cận huyết (F _{IS})	$F_{IS} = (H_E - H_O) / H_E$	Đo mức độ sai lệch khỏi cân bằng Hardy–Weinberg; F _{IS} > 0: cận huyết; F _{IS} < 0: dư thừa dị hợp tử
Hệ số khác biệt di truyền giữa các quần thể (F _{ST})	$F_{ST} = (H_T - H_S) / H_T,$ <i>với H_T: dị hợp tử toàn bộ; H_S: dị hợp tử trung bình của quần thể</i>	Phản ánh mức độ phân tách di truyền giữa các quần thể; F _{ST} ≈ 0: dòng gen mạnh, F _{ST} > 0,15: phân hóa rõ rệt.
Đa dạng haplotype (H _d)	$H_d = \frac{N_h}{N_h - 1} \left(1 - \sum_{i=1}^k p_i^2 \right)$ <i>với: N_h là số lượng haplotype trong một mẫu; P là tần số của từng haplotype trong mẫu.</i>	Chỉ số đánh giá mức độ xuất hiện các haplotype trong một quần thể. H _d = 1 khi toàn bộ cá thể trong quần thể có haplotype khác nhau.
Đa dạng nucleotide (π)	$\pi = \left(\frac{n}{n-1} \right) \sum X_i X_j \pi_{ij}$ <i>với: X_i, X_j là tần số của các alen i và j; π_{ij} là tần suất sai khác giữa alen i và j; n là chiều dài của chuỗi nucleotide</i>	Chỉ số thể hiện giá trị trung bình tỉ lệ sai khác nucleotide giữa các cặp trình tự so sánh

Phụ lục 2. Hình ảnh ba loài cá mực tiêu, thu mẫu thực địa, quy trình xử lý và bảo quản mẫu

1.1. Hình ảnh thu mẫu, định loại và thu nhận mô cơ cá tại thực địa



Hình ảnh thu mẫu, định loại và thu nhận mô cơ cá tại thực địa.

*A. Cá chạch lá tre; B. Cá ét mọi; C. Cá vồ đém; D. Thu mẫu trực tiếp từ ngư dân;
E. Định loại cá tại thực địa; F. Thu nhận mô cơ cá*

1.2. Quy trình thu xử lý và bảo quản mẫu cá



Mẫu cá ét mọi được thu thập
tại thực địa



Mã số hóa các mẫu cá
(Địa điểm – Loài cá – Số thứ tự)



Mẫu được chuyển về Phòng thí nghiệm
Sinh học phân tử, Trường Đại học Nha
Trang để thực hiện phân tích di truyền



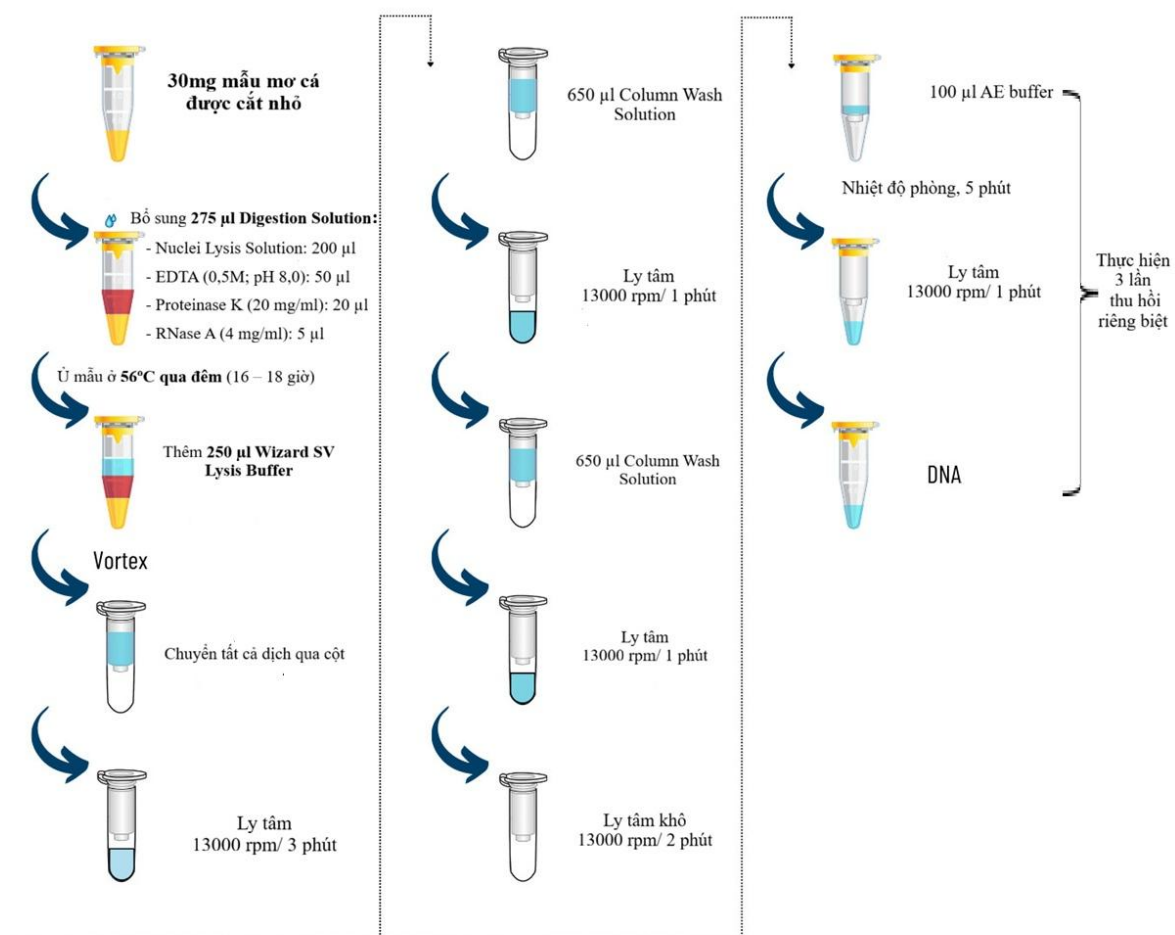
Mẫu mô cơ (~ 100 mg) được thu nhận
và bảo quản trong cồn 95%

Phụ lục 3. Số lượng mẫu của các loài cá được thu thập theo thời gian tại các địa điểm nghiên cứu ở lưu vực sông Mekong

Địa điểm thu mẫu (Kí hiệu)	Cá chạch lá tre		Cá ét mọi		Cá vồ dêm	
	Số lượng cá thể	Năm thu mẫu	Số lượng cá thể	Năm thu mẫu	Số lượng cá thể	Năm thu mẫu
Tacheilek (TK)	32	09/2019	8	09/2019	1	09/2019
Luang Prabang (LP)	32	06/2019	22	09/2019	--	--
Paksan (PA)	34	08/2018	32	08/2018	21	08/2019
Pakse (PE)	27	07/2017	32	08/2018	--	--
Ubon Ratchathani (UB-MK)	--	--	28	06/2017	29	08/2017
Ubon Ratchathani (UB-MR)	60	06/2019	--	--	24	08/2019
Roi Et (RE)	--	--	30	08/2018	--	--
Stung Treng (ST)	40	09/2017	28	09/2017	32	09/2018
Kratié (KT)	28	09/2018	27	09/2017	--	--
Siêm Riệp (SR)	--	--	--	--	30	12/2018
Đồng Tháp (DT)	25	06/2017	32	06/2017	32	06/2017
An Giang (AG)	30	06/2017	24	06/2017	24	06/2017
Tổng cộng	308		263		193	

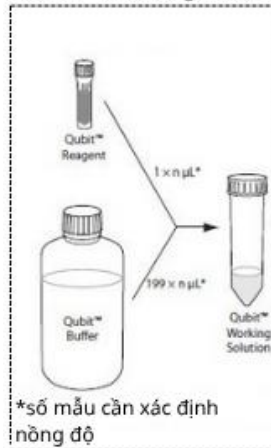
Phụ lục 4. Quy trình tách chiết và xác định nồng độ DNA

1. Quy trình tách chiết DNA tổng số sử dụng bộ kit Wizard SV Genomic DNA Purification (Promega, USA)

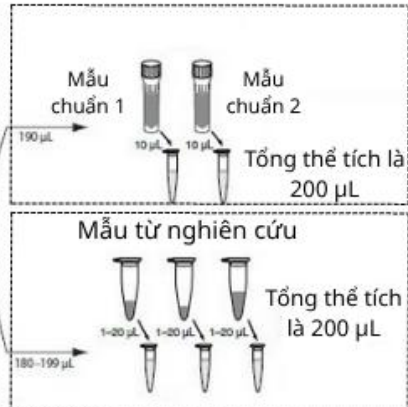


2. Quy trình xác định nồng độ DNA bằng máy đo huỳnh quang Qubit 2.0 Fluorometer

Bước 1. Tạo hỗn hợp Qubit™ working solution



Bước 2. Tạo mẫu chuẩn



Bước 3. Tạo mẫu cần xác định nồng độ, thể tích mẫu cần đo dao động từ 1-20 µL

Bước 4. Tiến hành trên máy Qubit 2.0

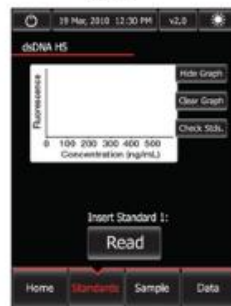


Bước 5. Chọn DNA trên màn hình chính



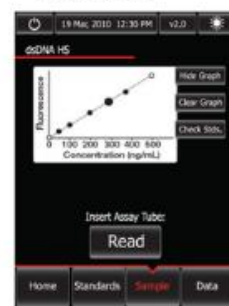
Bước 6. Thiết lập đường chuẩn

Đặt lần lượt mẫu chuẩn 1 và 2 vào máy và nhấn Read



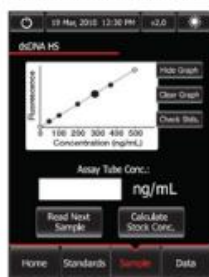
Bước 7. Đo nồng độ DNA của mẫu

Đặt lần lượt các tube chứa mẫu vào máy và nhấn Read



Bước 8. Xác định nồng độ DNA của mẫu

Nhấn Calculate Stock Conc., và chọn thể tích DNA ban đầu đưa vào (1-20 µL)



Bước 9. Chuyển đổi đơn vị tính (nếu cần)



Phụ lục 5. Các công thức tính

1. Sự tương quan giữa điểm chất lượng và tỉ lệ chính xác của mỗi nucleotide

Điểm chất lượng (Phred score)	Tỉ lệ số lượng nucleotide bị sai (Probability of incorrect base call)	Tỉ lệ chính xác (%) (Base call accuracy)
10	1/10	90
20	1/100	99
30	1/1000	99,9
40	1/10000	99,99
50	1/100000	99,999

2. Công thức tính p hiệu chỉnh (p_{adj})

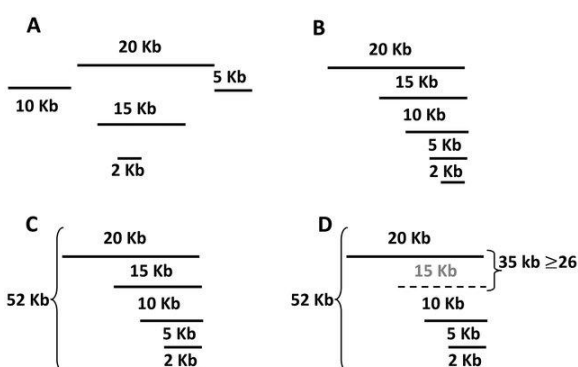
$$p_{adj} = \frac{p \times m}{k}$$

Trong đó: p : giá trị ban đầu được tính toán bởi phần mềm Alrequin 3.5

m : số lượng cặp quần thể được kiểm định

k : thứ tự của giá trị p sau khi được sắp xếp từ nhỏ đến lớn

3. Cách xác định giá trị N50



- Thu thập dữ liệu đoạn contig: tập hợp các đoạn contig và độ dài tương ứng của chúng;
- Sắp xếp các đoạn contig theo thứ tự giảm dần theo độ dài;
- Tính tổng chiều dài: Cộng tất cả các độ dài của các đoạn contig để có được tổng chiều dài của hệ gen lắp ráp (ví dụ 20+15+10+5+2 = 52 kb);
- Tìm ngưỡng 50% bằng cách chia tổng chiều dài cho 2 (ví dụ 52/2 = 26 kb), sau đó, bắt đầu từ đoạn contig dài nhất, cộng dồn độ dài của các đoạn contig cho đến khi tổng này vượt quá ngưỡng 50%. Giá trị N50 là độ dài của đoạn contig cuối cùng được cộng vào để vượt qua ngưỡng 50% (ví dụ là 15 kb)

Phụ lục 6. Các thông số được sử dụng để khảo sát phương pháp lắp ráp *de novo* hệ gen

1. Công cụ dDocent 4.5

Mô tả	Thông số	Giá trị cài đặt
PE=ddRAD & ezRAD paired-end, non-overlapping reads; SE=single-end reads; OL=ddRAD & ezRAD overlapping reads, miseq; RPE=oregonRAD, restriction site + random shear	Type of reads for assembly	PE
Use CDHIT to cluster and collapse unique reads by similarity threshold	cdhit Clustering_Similarity_Pct (0-1)	0.9
Use unique reads that have at least this much coverage for making the reference genome	Cutoff1 (integer)	3
Use unique reads that occur in at least this many individuals for making the reference genome	Cutoff2 (integer)	9
Percentile-based minimum number of seqs to assemble in a precluster	rainbow merge -r <percentile> (decimal 0-1)	0.5
Percentile-based maximum number of seqs to assemble in a precluster	rainbow merge -R <percentile> (decimal 0-1)	0.95

2. Công cụ Stack 2.4

denovo_map.pl -m 3 -M 9 -o ./stacks --popmap ./mystudy_popmap --samples ./samples

trong đó: -M: number of mismatches allowed between stacks within individuals (for ustacks).

--samples [path]: specify a path to the directory of samples (samples will be read from population map).

--popmap [path]: path to a population map file (format is "[name] TAB [pop]", one sample per line).

-o [path]: path to write pipeline output files.

3. Công cụ ipyrad 0.9.84

Mô tả	Thông số	Giá trị cài đặt
Type of input data	datatype	EzRAD
Restriction enzyme overhang	restriction_overhang	GATC
Quality filtering	max_low_qual_bases	5
	phred_Qscore_offset	30
	max_barcode_mismatch	0
	filter_adapters	2
	filter_min_trim_len	35
Minimum read depth for base calling	mindepth_statistical	6
	mindepth_majrule	3
Maximum allowed cluster depth withinsamples	maxdepth	10000
Percent similarity required to cluster reads into a locus	clust_threshold	0.8
Maximum number of alleles per site in consensus sequences	max_alleles_consens	2
Maximum number of N's (uncalled bases) and heterozygotes allowed in consensus (R1, R2)	max_Ns_consens	0.05
	max_Hs_consens	0.05
Minimum number of samples required to share a locus in order to be retained in final assembly	min_samples_locus	9
Maximum number of SNPs, indels, or heterozygous sites allowed per locus	max_SNPs_locus	0.2
	max_Indels_locus	8
	max_shared_Hs_locus	0.5
Trim raw read edges	trim_reads	0, 0, 0, 0
Trim locus edges	trim_loci	0, 0, 0, 0

Phụ lục 7. Khoảng cách địa lý (km) giữa các quần thể

1. Các quần thể cá chạch lá tre

Quần thể	TK	LP	PA	PE	UB-MR	ST	KT	DT	AG
TK	0								
LP	544	0							
PA	843	605	0						
PE	1442	1184	523	0					
UB-MR	1566	1346	657	134	0				
ST	1800	1524	745	223	356	0			
KT	1935	1661	880	358	491	135	0		
DT	2254	1979	1199	676	809	454	318	0	
AG	2355	2080	1300	777	911	555	420	101	0

2. Các quần thể cá ét mọi

Quần thể	LP	PA	PE	UB	RE	ST	KT	DT	AG
LP	0								
PA	605	0							
PE	1184	523	0						
UB-MK	1265	620	120	0					
RE	1320	992	293	236	0				
ST	1524	745	223	356	540	0			
KT	1661	880	358	445	664	135	0		
DT	1979	1199	676	809	964	454	318	0	
AG	2080	1300	777	911	1065	555	420	101	0

3. Các quần thể cá vồ dẽm

Quần thể	PA	UB-MK	UB-MR	ST	SR	DT	AG
PA	0						
UB-MK	501	0					
UB-MR	657	93	0				
ST	745	313	356	0			
SR	1067	609	647	296	0		
DT	1199	759	809	454	510	0	
AG	1300	832	911	555	612	101	0

Phụ lục 8. Nồng độ của DNA tổng số, thư viện gen và dung lượng giải trình tự của các mẫu cá trong nghiên cứu

1. Cá chạch lá tre

STT	Tachilek				Luang Prabang				Paksan			
	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)
1	TK_MS_1	15,1	46,2	1,95	LP-MS-1	13,5	20,1	1,60	PA_MS_1	11,4	20,2	1,08
2	TK_MS_2	19,0	48,8	1,02	LP-MS-2	10,9	26,6	2,40	PA_MS_5	12,0	16,9	1,43
3	TK_MS_3	18,7	17,7	1,45	LP-MS-3	8,1	26,9	0,90	PA_MS_7	12,5	21,4	1,47
4	TK_MS_4	20,8	18,6	0,78	LP-MS-4	6,9	26,9	2,00	PA_MS_8	12,8	21,6	0,95
5	TK_MS_5	20,0	38,1	1,13	LP-MS-5	13,5	27,8	2,00	PA_MS_9	41,1	18,3	1,28
6	TK_MS_6	17,0	35,8	1,17	LP-MS-6	10,3	19,6	2,40	PA_MS_10	61,9	20,5	1,18
7	TK_MS_7	17,9	14,0	0,65	LP-MS-7	13,5	29,6	2,00	PA_MS_12	55,1	20,8	1,72
8	TK_MS_8	16,3	56,1	0,98	LP-MS-8	9,3	11,1	1,40	PA_MS_13	57,2	22,1	1,50
9	TK_MS_9	18,8	64	0,88	LP-MS-9	7,5	15,6	2,90	PA_MS_16	22,5	23,0	1,55
10	TK_MS_10	21,9	62,4	1,42	LP-MS-10	7,9	24,4	1,10	PA_MS_17	52,2	24,6	1,28
11	TK_MS_11	23,8	61,2	1,2	LP-MS-11	8,9	26,3	1,46	PA_MS_19	54,8	19,8	0,80
12	TK_MS_12	21,1	48,8	1,25	LP-MS-12	23,5	31,2	2,30	PA_MS_21	23,7	21,7	1,00
13	TK_MS_13	22,4	45,7	0,98	LP-MS-13	24,0	25,2	2,20	PA_MS_24	24,6	22,3	1,77
14	TK_MS_14	21,4	48,8	0,5	LP-MS-14	7,4	23,2	1,6	PA_MS_26	14,1	21,5	1,51
15	TK_MS_15	23,2	37,5	0,7	LP-MS-15	6,1	15,9	1,28	PA_MS_28	11,8	23,9	0,80
16	TK_MS_16	20,6	36,67	1,47	LP-MS-16	6,7	18,0	2,40	PA_MS_30	20,0	19,3	1,44
17	TK_MS_17	20,9	33,67	1,21	LP-MS-17	12,2	28,2	1,67	PA_MS_31	33,3	23,7	2,30
18	TK_MS_18	22,3	27,87	0,5	LP-MS-18	22,6	24,7	2,00	PA_MS_32	26,8	24,8	2,60
19	TK_MS_19	22,6	24,24	1,14	LP-MS-19	18,2	17,7	1,85	PA_MS_35	17,4	24,5	1,90
20	TK_MS_20	14,6	24,39	2	LP-MS-20	13,7	18,5	3,40	PA_MS_36	12,4	23,1	0,75
21	TK_MS_21	13,4	36,33	2,3	LP-MS-21	6,8	19,0	2,40	PA_MS_38	12,9	22,9	2,04

22	TK_MS_22	19,8	26,3	1,6	LP-MS-22	7,7	17,3	2,00	PA_MS_39	71,0	21,3	1,74
23	TK_MS_23	20,5	26,93	0,45	LP-MS-23	6,1	26,9	1,88	PA_MS_40	63,9	18,0	1,41
24	TK_MS_24	11,1	23,14	1,74	LP-MS-24	12,3	21,0	2,60	PA_MS_42	65,2	17,8	0,90
25	TK_MS_25	9,6	23,7	1,44	LP-MS-25	5,5	26,0	1,66	PA_MS_47	72,1	18,4	1,96
26	TK_MS_26	13,1	30	1,11	LP-MS-26	10,1	19,8	1,64	PA_MS_48	72,4	19,3	1,08
27	TK_MS_27	8,8	24,91	0,6	LP-MS-27	12,7	16,3	0,68	PA_MS_49	68,4	17,0	0,99
28	TK_MS_28	13,2	24,06	1,66	LP-MS-28	7,7	16,0	0,94	PA_MS_51	66,1	18,7	2,00
29	TK_MS_29	9,9	24,42	0,78	LP-MS-29	11,9	20,4	1,30	PA_MS_52	44,8	34,4	1,88
30	TK_MS_30	14,0	24,67	0,69	LP-MS-30	14,9	39,7	0,72	PA_MS_53	61,7	53,7	2,60
31	TK_MS_31	16,3	20	0,64	LP-MS-31	23,9	18,7	1,31	PA_MS_54	53,8	32,7	0,66
32	TK_MS_32	17,2	20	1,5	LP-MS-32	32,8	17,2	1,52	PA_MS_55	79,0	31,2	1,64
33									PA_MS_56	9,0	29,7	0,90
34									PA_MS_59	12,7	31,8	1,14

STT	Pakse				Ubon Ratchathani (UB-MR)				Stung Treng			
	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)
1	PE MS 1	12,4	27,1	1,55	UBMR MS 31	6,22	21,44	1,28	ST MS 1	5,44	28,8	1,08
2	PE MS 2	12,0	21,2	3,05	UBMR MS 58	2,94	21,96	1,63	ST MS 2	5,96	22,3	1,43
3	PE MS 3	12,2	25,5	1,25	UBMR MS 13	7,42	22,54	1,67	ST MS 3	6,54	24,0	1,47
4	PE MS 4	11,9	20,4	1,61	UBMR MS 39	7,64	22,82	1,15	ST MS 4	6,82	24,0	0,95
5	PE MS 5	11,9	27,0	2,45	UBMR MS 53	4,32	51,1	1,48	ST MS 5	35,1	37,8	1,28
6	PE MS 6	12,1	27,6	2,35	UBMR MS 25	6,46	71,9	1,38	ST MS 6	55,9	27,8	1,18
7	PE MS 7	12,2	25,4	0,31	UBMR MS 54	6,76	65,1	1,92	ST MS 7	49,1	29,0	1,72
8	PE MS 8	21,5	26,2	1,43	UBMR MS 49	8,06	67,2	1,70	ST MS 8	51,2	35,0	1,5
9	PE MS 9	11,1	25,8	2,55	UBMR MS 15	8,96	32,5	1,75	ST MS 9	16,5	29,1	1,55

10	PE MS 10	18,7	27,6	1,82	UBMR MS 44	10,6	62,2	1,48	ST MS 10	46,2	21,6	1,28
11	PE MS 11	10,5	26,8	2,15	UBMR MS 37	5,76	64,8	1,00	ST MS 11	48,8	30,2	0,8
12	PE MS 12	11,5	25,2	2,00	UBMR MS 35	7,66	33,7	1,20	ST MS 12	17,7	25,0	1
13	PE MS 13	10,2	25,5	3,55	UBMR MS 20	8,28	34,6	1,97	ST MS 13	18,6	32,8	1,77
14	PE MS 14	11,3	21,4	2,55	UBMR MS 38	7,5	24,1	1,71	ST MS 14	8,1	24,0	1,51
15	PE MS 15	11,5	24,6	2,15	UBMR MS 17	9,92	21,81	1,00	ST MS 15	5,81	28,6	0,8
16	PE MS 16	11,1	25,4	2,03	UBMR MS 09	5,28	30	1,64	ST MS 16	14	22,2	1,44
17	PE MS 17	12,1	21,5	2,75	UBMR MS 12	9,7	43,3	2,50	ST MS 17	27,3	43,9	2,3
18	PE MS 18	14,0	21,9	0,81	UBMR MS 01	10,76	36,8	2,80	ST MS 18	20,8	43,7	2,6
19	PE MS 19	13,6	20,0	1,79	UBMR MS 08	10,5	27,4	2,10	ST MS 19	11,4	35,2	1,9
20	PE MS 20	13,3	30,1	0,83	UBMR MS 57	9,12	22,44	0,95	ST MS 20	6,44	33,5	0,75
21	PE MS 21	17,9	20,4	1,09	UBMR MS 40	8,94	22,93	2,24	ST MS 21	6,93	50,0	2,04
22	PE MS 22	25,4	19,4	1,45	UBMR MS 27	7,32	81	1,94	ST MS 22	65	32,8	1,74
23	PE MS 23	14,0	21,4	0,87	UBMR MS 32	4	73,9	1,61	ST MS 23	57,9	33,5	1,41
24	PE MS 24	23,6	21,3	1,46	UBMR MS 48	3,84	75,2	1,10	ST MS 24	59,2	24,1	0,9
25	PE MS 25	12,2	44,8	1,67	UBMR MS 52	4,36	82,1	2,16	ST MS 25	66,1	22,6	1,96
26	PE MS 26	13,6	61,7	2,00	UBMR MS 51	5,3	82,4	1,28	ST MS 26	66,4	26,1	1,08
27	PE MS 27	12,2	23,1	1,88	UBMR MS 63	3,02	78,4	1,19	ST MS 27	62,4	21,8	0,99
28					UBMR MS 03	4,72	76,1	2,20	ST MS 28	60,1	26,2	0,94
29					UBMR MS 59	15	54,8	2,08	ST MS 29	38,8	22,9	1,8
30					UBMR MS 8	21,67	71,7	2,80	ST MS 30	55,7	27,0	1,74
31					UBMR MS 36	20	63,8	0,86	ST MS 31	47,8	29,3	1,44
32					UBMR MS 30	26,67	89	1,84	ST MS 32	73	30,2	1,11

STT	Kratie				An Giang				Đồng Tháp			
	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)
1	KT MS 24	22	22,7	1	AG MS 1	6,8	14,54	1,4	DT MS 36	25,7	17,8	1,67
2	KT MS 9	14	24,8	1,33	AG MS 2	3,2	14,82	0,9	DT MS 37	2,6	36,3	1,45
3	KT MS 54	2,54	24	1,23	AG MS 4	23,1	43,1	1,2	DT MS 61	5,8	31,0	1,50
4	KT MS 7	6,7	21,04	1,77	AG MS 5	14,8	63,9	1,1	DT MS 62	31,8	27,7	1,23
5	KT MS 13	4,66	21,94	1,55	AG MS 6	12,8	57,1	1,7	DT MS 64	37,8	29,0	0,75
6	KT MS 21	4,88	20,32	1,6	AG MS 7	31,3	59,2	1,5	DT MS 65	16,0	7,6	0,95
7	KT MS 26	5,3	22,76	1,33	AG MS 8	26,0	24,5	1,5	DT MS 66	22,7	12,2	1,72
8	KT MS 31	2,51	25,92	0,85	AG MS 10	22,7	54,2	1,2	DT MS 68	18,0	14,5	1,46
9	KT MS 38	2,58	27,78	1,05	AG MS 14	24,0	56,8	0,8	DT MS 69	28,7	12,3	0,75
10	KT MS 42	5,63	25,08	1,82	AG MS 15	2,6	25,7	1,0	DT MS 71	19,3	8,3	1,39
11	KT MS 49	2,5	26,42	1,56	AG MS 16	7,2	26,6	1,7	DT MS 72	17,7	20,3	2,25
12	KT MS 53	4,94	25,38	0,85	AG MS 17	9,5	16,1	1,5	DT MS 73	10,3	27,7	2,55
13	KT MS 55	4,95	27,18	1,49	AG MS 18	7,3	13,81	0,8	DT MS 74	12,3	36,3	1,85
14	KT MS 111	16,67	24,58	2,35	AG MS 19	3,3	22	1,4	DT MS 75	13,0	33,0	0,70
15	KT MS 112	13,67	24,92	2,65	AG MS 20	15,3	35,3	2,3	DT MS 76	25,5	25,0	1,99
16	KT MS C79	7,87	26,34	1,95	AG MS 21	22,7	28,8	2,6	DT MS 77	16,3	40,7	1,69
17	KT MS C63	4,24	26,6	0,8	AG MS 22	31,3	19,4	1,9	DT MS 78	8,7	21,3	1,36
18	KT MS C70	4,39	18,612	2,09	AG MS 23	28,0	14,44	0,7	DT MS C104	15,0	11,2	0,85
19	KT MS M12	16,33	24,82	1,79	AG MS 24	20,0	14,93	2,0	DT MS C105	43,7	18,3	1,91
20	KT MS M52	6,3	26,98	1,46	AG MS 25	35,7	73	1,7	DT MS C107	50,3	42,0	1,03
21	KT MS M17	6,93	24,76	0,95	AG MS 26	16,3	6,3	1,4	DT MS 10	20,3	18,0	0,94
22	KT MS M35	3,14	26,16	2,01	AG MS 27	6,2	6,93	0,9	DT MS 40	15,0	9,0	1,95
23	KT MS 5	3,7	24,94	1,13	AG MS 28	13,3	3,14	1,9	DT MS 19	14,3	15,0	1,83
24	KT MS 1	10	26,58	1,04	AG MS 29	37,0	3,7	1,0	DT MS 47	32,6	14,7	2,55

25	KT MS M28	4,91	24,2	2,05	AG MS 30	13,0	10	0,9	DT MS 16	14,0	10,0	1,61
26	KT MS C60	4,06	25,92	1,9	AG MS 31	4,0	18,6	2,0				
27	KT MS M48	4,42	23,4	2,65	AG MS 32	10,0	8,1	1,8				
28	KT MS M56	4,67	24,32	0,7	AG MS 33	9,7	5,81	2,6				
29					AG MS 34	5,0	14	0,6				
30					AG MS 35	5,3	18	1,6				

2. Cá ét mội

STT	Luang Prabang				Paksan				Pakse			
	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)
1	LP_LC02	17,0	41,6	1,2	PA_LC1	10,8	20,3	1,96	PE_LC1	10,4	32,2	0,96
2	LP_LC03	14,0	46,8	1,25	PA_LC2	13,3	19,7	1,08	PE_LC2	13,1	20,7	1,4
3	LP_LC04	14,9	42,7	0,98	PA_LC3	16,4	19,9	1,00	PE_LC3	25,3	43,1	2,26
4	LP_LC05	13,3	54	0,5	PA_LC4	18,3	17,8	1,64	PE_LC4	26,0	25,9	2,56
5	LP_LC06	15,8	44,3	0,7	PA_LC5	15,6	18,6	2,50	PE_LC5	26,5	16,4	1,86
6	LP_LC07	18,9	47,9	1,47	PA_LC6	16,9	19,3	2,80	PE_LC6	25,5	32,7	0,71
7	LP_LC08	20,8	50	1,21	PA_LC7	15,9	18,0	2,10	PE_LC7	12,4	26,2	2
8	LP_LC09	18,1	26,6	0,7	PA_LC8	17,7	17,4	0,95	PE_LC8	6,5	25,3	2,56
9	LP_LC10	19,4	67,2	1,14	PA_LC9	15,1	19,7	2,24	PE_LC9	8,6	16,4	2,86
10	LP_LC11	18,4	66,1	2	PA_LC10	15,4	21,3	1,94	PE_LC10	7,7	14,0	2,16
11	LP_LC12	20,2	22	2,3	PA_LC11	16,8	17,0	1,61	PE_LC11	14,7	15,7	1,01
12	LP_LC13	17,6	43,2	1,6	PA_LC12	17,1	19,5	1,10	PE_LC12	7,7	42,5	2,3
13	LP_LC14	17,9	54,5	1,45	PA_LC13	9,1	22,9	2,16	PE_LC13	37,3	15,7	2
14	LP_LC15	19,3	58,5	1,74	PA_LC14	7,9	21,7	1,28	PE_LC14	14,3	30,6	1,67
15	LP_LC6	19,6	47,5	2,30	PA_LC15	14,3	20,2	1,19	PE_LC15	13,2	34,1	1,16

16	LP_LC17	11,6	44,7	2,60	PA_LC16	15,0	17,1	2,20	PE_LC16	28,8	48,9	1,05
17	LP_LC18	10,4	58,6	1,90	PA_LC17	5,6	22,9	2,08	PE_LC17	32,1	56,1	2,34
18	LP_LC19	16,8	59,1	0,75	PA_LC18	4,1	20,8	2,80	PE_LC18	16,0	44,3	2,04
19	LP_LC20	17,5	31,2	2,04	PA_LC19	7,6	21,6	0,86	PE_LC19	16,1	23,9	1,71
20	LP_LC21	8,1	38,8	1,74	PA_LC20	6,8	22,3	1,84	PE_LC20	7,5	25,6	1,20
21	LP_LC22	6,6	44,2	1,41	PA_LC21	7,6	21,0	1,51	PE_LC21	11,5	39,1	2,26
22	LP_LC23	10,1	62,3	0,90	PA_LC22	8,3	20,4	0,80	PE_LC22	24,5	39,3	1,38
23					PA_LC23	7,0	53,0	1,44	PE_LC23	51,9	30,1	1,29
24					PA_LC24	6,4	57,0	2,30	PE_LC24	44,2	48,5	2,30
25					PA_LC25	8,7	46,0	2,60	PE_LC25	37,0	32,5	2,18
26					PA_LC26	10,3	43,2	1,90	PE_LC26	24,0	35,8	2,90
27					PA_LC27	6,0	57,1	0,75	PE_LC27	13,4	19,7	0,96
28					PA_LC28	8,5	57,6	2,04	PE_LC28	26,6	19,8	1,94
29					PA_LC29	11,9	29,7	1,74	PE_LC29	13,2	11,2	1,61
30					PA_LC30	10,7	37,3	1,41	PE_LC30	28,8	15,2	0,90
31					PA_LC31	9,2	42,7	0,90	PE_LC31	32,1	28,2	1,54
32					PA_LC32	6,1	60,8	1,96	PE_LC32	16,0	55,6	2,40

	Ubon Ratchathani (UB-MK)				Roi Et				Strung Treng			
STT	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)
1	UBMK_LC_28	4,52	17,18	2,20	RE_LC10	7,2	26,3	1,46	ST_LC1	5,6	22,2	1,34
2	UBMK_LC_29	3,78	18,16	2,50	RE_LC05	8,9	57	1,76	ST_LC2	5,2	38,5	1,08
3	UBMK_LC_35	2,46	17,78	1,80	RE_LC57	9,0	23,8	1,61	ST_LC3	5,4	32,0	1,57
4	UBMK_LC_38	3,07	14,61	0,65	RE_LC55	10,0	27,1	1,90	ST_LC4	5,1	31,1	1,01
5	UBMK_LC_39	3,4	16,92	1,94	RE_LC54	9,6	13,03	1,60	ST_LC5	5,1	22,2	1,87
6	UBMK_LC_40	5,06	18,32	1,64	RE_LC01	6,4	15,71	1,27	ST_LC6	5,3	19,8	2,17

7	UBMK LC 47	5,18	17,7	1,31	RE_LC25	8,7	27,9	0,76	ST LC7	5,4	21,5	1,47
8	UBMK LC 48	6,16	17,92	0,80	RE_LC13	10,1	28,6	0,65	ST LC8	14,7	48,3	1,32
9	UBMK LC 50	5,78	15,81	1,86	RE_LC47	9,5	29,1	1,94	ST LC9	4,3	21,5	1,61
10	UBMK LC 58	2,61	16,58	0,98	RE_LC22	9,7	28,1	1,64	ST LC10	11,9	36,4	2,17
11	UBMK LC 61	4,92	17,3	0,89	RE_LC29	7,6	15,01	1,31	ST LC11	3,7	39,9	2,47
12	UBMK LC 62	6,32	16,02	1,90	RE_LC18	8,4	9,08	0,80	ST LC12	4,7	54,7	1,77
13	UBMK LC 63	5,7	15,37	1,78	RE_LC37	9,1	11,15	1,86	ST LC13	3,4	61,9	1,62
14	UBMK LC 26	5,92	17,72	2,50	RE_LC39	7,8	10,34	0,98	ST LC14	4,5	50,1	1,91
15	UBMK LC 30	3,81	19,26	0,96	RE_LC46	7,2	17,31	0,89	ST LC15	4,7	29,7	1,61
16	UBMK LC 34	4,58	15,03	1,54	RE_LC53	9,5	10,31	1,90	ST LC16	4,3	31,4	1,28
17	UBMK LC 43	5,3	17,52	1,21	RE_LC36	11,1	39,9	1,78	ST LC17	5,3	44,9	0,87
18	UBMK LC 46	4,02	20,92	0,50	RE_LC49	6,8	16,92	2,50	ST LC18	7,2	45,1	2,16
19	UBMK LC 52	3,37	19,74	1,14	RE_LC17	9,3	15,78	1,56	ST LC19	6,8	35,9	2,46
20	UBMK LC 53	5,72	18,22	2,00	RE_LC11	12,7	31,4	1,54	ST LC20	6,5	54,3	1,76
21	UBMK LC 57	7,26	15,06	2,30	RE_LC12	11,5	34,73	1,21	ST LC21	11,1	38,3	0,61
22	UBMK LC 59	3,03	20,92	1,60	RE_LC09	10,0	18,61	0,50	ST LC22	18,6	41,6	1,9
23	UBMK LC 60	5,52	18,81	0,85	RE_LC04	6,9	18,66	1,14	ST LC23	7,2	25,5	1,6
24	UBMK LC 64	8,92	19,58	1,74	RE_LC02	17,4	10,07	2,00	ST LC24	16,8	25,6	1,27
25	UBMK LC 49	7,74	20,3	1,44	RE_LC24	17,5	14,07	1,20	ST LC25	5,4	17,0	0,96
26	UBMK LC 51	6,22	19,02	1,11	RE_LC52	8,9	27,1	2,26	ST LC26	6,8	21,0	1,65
27	UBMK LC 56	3,06	18,37	0,60	RE_LC22	12,9	54,5	1,38	ST LC27	5,4	34,0	1,94
28	UBMK LC 57	6,32	15,81		RE_LC34	25,9	46,8	1,29	ST LC28	9,5	61,4	1,64
29					RE_LC08	53,3	39,6	2,30				
30					RE_LC60	45,6	26,6	2,18				
31					RE_LC61	38,4	16	2,90				
32					RE_LC62	25,4	29,2	0,96				

3. Cá vồ đếm

STT	Paksan				Ubon Ratchathani (UB-MK)				Ubon Ratchathani (UB-MR)			
	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thụ viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thụ viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thụ viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)
1	PA PL 1	15,9	20,6	1,58	UBMK PL23	12,0	23,0	1,9	UBMR TL67	9,1	19,5	1,7
2	PA PL 2	17,8	14,7	0,91	UBMK PL27	3,1	23,9	1,6	UBMR TL68	3,2	33,3	1,4
3	PA PL 3	15,1	19,0	1,26	UBMK PL11	7,0	20,1	1,2	UBMR TL69	7,5	23,3	0,9
4	PA PL 4	16,4	35,5	1,3	UBMK PL18	6,7	20,5	0,7	UBMR TL70	24,0	24,5	0,8
5	PA PL 5	15,4	20,5	0,78	UBMK PL20	8,8	21,0	1,8	UBMR TL71	9,0	30,5	2,1
6	PA PL 6	17,2	21,1	1,11	UBMK PL25	8,0	16,8	0,9	UBMR TL72	9,6	24,6	1,8
7	PA PL 7	14,6	18,9	1,01	UBMK PL26	5,0	19,1	0,8	UBMR TL73	7,4	17,1	1,5
8	PA PL 8	14,9	19,7	1,55	UBMK PL24	5,9	21,1	2,0	UBMR TL74	8,2	25,7	0,9
9	PA PL 9	16,3	19,3	1,33	UBMK PL22	4,3	17,7	1,9	UBMR TL75	7,8	20,5	2,0
10	PA PL 10	16,6	21,1	1,38	UBMK PL21	6,8	23,4	1,6	UBMR TL76	9,6	28,3	1,1
11	PA PL 11	8,6	20,3	1,11	UBMK PL28	9,9	12,5	1,0	UBMR TL77	8,8	19,5	1,0
12	PA PL 12	14,8	18,7	1,63	UBMK PL35	11,8	25,1	2,1	UBMR TL78	7,2	24,1	2,0
13	PA PL 13	17,0	19,0	0,83	UBMK PL14	9,1	21,4	1,4	UBMR TL79	7,5	17,7	1,9
14	PA PL 14	14,8	45,5	1,6	UBMK PL19	10,4	21,2	1,7	UBMR TL80	34,0	39,4	2,6
15	PA PL 15	16,2	28,1	1,34	UBMK PL23	9,4	22,4	1,5	UBMR TL81	16,6	39,2	0,7
16	PA PL 16	14,9	18,9	0,93	UBMK PL27	11,2	21,6	3,1	UBMR TL82	7,4	30,7	1,7
17	PA PL 17	16,6	25,0	1,27	UBMK PL29	8,6	20,4	2,1	UBMR TL83	13,5	29,0	1,4
18	PA PL 18	14,2	25,4	2,13	UBMK PL30	8,9	23,8	1,7	UBMR TL84	13,9	45,5	0,6
19	PA PL 19	15,9	31,5	2,43	UBMK PL32	10,3	22,5	1,6	UBMR TL85	20,0	28,3	1,3
20	PA PL 20	17,0	23,6	1,73	UBMK PL36	10,6	19,7	2,3	UBMR TL86	12,1	29,0	2,1

21	PA_PL_21	14,8	35,5	0,58	UBMK_PL40	2,6	19,5	2,6	UBMR_TL87	24,0	19,6	1,3
22					UBMK_PL42	8,8	20,7	2,9	UBMR_TL88	14,0	18,1	2,4
23					UBMK_PL43	11,0	19,9	2,2	UBMR_TL89	34,0	16,4	1,5
24					UBMK_PL44	8,8	18,7	1,0	UBMR_TL90	33,0	17,1	1,4
25					UBMK_PL49	10,2	22,1	2,3				
26					UBMK_PL50	8,9	20,8	2,0				
27					UBMK_PL53	10,6	17,6	1,6				
28					UBMK_PL58	8,2	16,2	1,1				
29					UBMK_PL59	9,9	20,3	1,53				

Trung Tring					Siem Riệp				Đông Tháp			
STT	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)
1	ST_PL1	15,0	35,9	2,4	SR_PL_1	10,5	25,6	2,1	DT_PL1	13,1	20,3	1,2
2	ST_PL2	14,6	25,9	2,3	SR_PL_2	9,7	31,6	2,4	DT_PL2	8,8	20,3	0,8
3	ST_PL4	14,8	27,1	3,0	SR_PL_3	6,7	25,7	1,7	DT_PL3	13,16	20,5	1,3
4	ST_PL5	14,5	33,1	1,1	SR_PL_4	7,6	18,2	0,6	DT_PL4	9,88	20,6	1,4
5	ST_PL6	14,5	27,2	2,1	SR_PL_5	6,0	26,8	1,9	DT_PL5	14	18,3	1,5
6	ST_PL7	14,7	19,7	1,8	SR_PL_6	8,5	21,6	1,6	DT_PL6	16,32	27,1	0,4
7	ST_PL8	14,8	28,3	1,3	SR_PL_7	11,6	29,4	1,3	DT_PL7	17,2	15,5	1,4
8	ST_PL9	12,5	23,1	1,2	SR_PL_8	13,5	20,6	0,7	DT_PL8	13,4	20,3	1,3
9	ST_PL10	21,3	30,9	2,5	SR_PL_9	10,8	25,2	1,8	DT_PL9	13,76	30,6	2,0
10	ST_PL11	9,7	22,1	2,2	SR_PL_10	12,1	18,8	0,9	DT_PL10	14,28	18,2	1,1
11	ST_PL12	14,5	26,7	1,8	SR_PL_11	11,1	40,5	0,8	DT_PL11	10,13	28,8	1,1

12	ST_PL13	24,8	20,3	1,3	SR_PL_12	12,9	40,3	1,8	DT_PL12	12,4	18,2	0,7
13	ST_PL14	12,4	42,0	2,4	SR_PL_13	10,3	31,8	1,7	DT_PL13	14,35	16,2	1,0
14	ST_PL15	23,0	41,8	1,5	SR_PL_14	10,6	30,1	2,4	DT_PL14	11	21,5	0,7
15	ST_PL16	12,4	33,3	1,4	SR_PL_15	12,0	46,6	1,5	DT_PL15	16,74	30,6	1,5
16	ST_PL17	10,4	31,6	2,4	SR_PL_16	12,3	29,4	1,5	DT_PL16	5,75	29,0	0,7
17	ST_PL18	15,7	48,1	2,3	SR_PL_17	4,3	30,1	1,2	DT_PL17	18,38	27,5	1,8
18	ST_PL19	24,8	30,9	3,0	SR_PL_18	10,5	20,7	1,4	DT_PL18	14,68	50,5	0,9
19	ST_PL20	23,2	31,6	1,1	SR_PL_19	12,7	19,2	1,1	DT_PL19	14,52	22,2	0,8
20	ST_PL21	21,7	22,2	2,1	SR_PL_20	10,5	17,5	1,9	DT_PL20	15,65	31,0	1,8
21	ST_PL22	44,7	20,7	1,7	SR_PL_21	11,9	18,2	2,2	DT_PL21	14,89	20,4	1,7
22	ST_PL23	16,4	19,0	1,0	SR_PL_22	10,6	25,0	1,5	DT_PL22	13,67	21,7	2,4
23	ST_PL24	25,2	19,7	1,7	SR_PL_23	12,3	25,4	1,4	DT_PL23	17,05	28,9	1,5
24	ST_PL25	14,6	23,4	2,5	SR_PL_24	9,9	31,5	1,7	DT_PL24	15,76	21,7	1,6
25	ST_PL26	15,9	22,6	0,6	SR_PL_25	11,6	23,6	1,4	DT_PL25	22,2	42,2	1,2
26	ST_PL27	23,1	21,4	1,9	SR_PL_26	13,5	35,5	1,1	DT_PL26	20,5	16,3	0,9
27	ST_PL28	15,9	24,8	1,6	SR_PL_27	13,9	19,9	0,5	DT_PL27	37	17,3	1,1
28	ST_PL29	36,4	23,5	1,3	SR_PL_28	20,0	18,7	1,6	DT_PL28	19,8	19,2	1,6
29	ST_PL30	10,5	20,3	0,8	SR_PL_29	12,1	22,1	1,9	DT_PL29	20,5	46,6	1,1
30	ST_PL31	11,5	18,9	0,7	SR_PL_30	24,0	20,8	1,6	DT_PL30	11,08	5,8	2,0
31	ST_PL32	13,4	23,0	1,9					DT_PL31	9,59	5,8	1,2
32	ST_PL03	40,8	28,1	1,6					DT_PL32	16,02	5,8	2,3

STT	An Giang			
	Mẫu	Nồng độ DNA (ng/ul)	Nồng độ thư viện gen (ng/ul)	Dung lượng GTT (GB)
1	AG PL1	9,27	32,2	1,0
2	AG PL2	11	27,0	1,3
3	AG PL3	10,98	34,8	1,0
4	AG PL4	24,8	26,0	0,6
5	AG PL5	14,78	30,6	1,1
6	AG PL6	16,02	24,2	1,5
7	AG PL7	22	45,9	1,8
8	AG PL8	16,12	45,7	1,1
9	AG PL9	8,6	37,2	1,0
10	AG PL10	17,22	35,5	1,2
11	AG PL11	11,98	52,0	0,9
12	AG PL12	19,83	34,8	0,6
13	AG PL13	11	35,5	1,1
14	AG PL14	15,64	26,1	1,0
15	AG PL15	9,2	24,6	1,3
16	AG PL16	30,9	22,9	1,0
17	AG PL17	30,7	23,6	1,2
18	AG PL18	22,2	27,3	0,9
19	AG PL19	20,5	26,5	1,6
20	AG PL20	37	25,3	1,3
21	AG PL21	19,8	28,7	0,9
22	AG PL22	20,5	27,4	1,6
23	AG PL23	11,08	24,2	1,3
24	AG PL24	9,59	22,8	1,5

Phụ lục 9. Số lượng cá thể của các loài cá trước và sau khi sàng lọc SNPs

Quần thể	Số lượng cá thể có đoạn đọc chất lượng cao			Số lượng cá thể còn lại sau khi sàng lọc SNPs		
	Cá chạch lá tre	Cá ét mọi	Cá vồ đém	Cá chạch lá tre	Cá ét mọi	Cá vồ đém
Tacheilek (TK)	32	--	--	32	--	--
Luang Prabang (LP)	32	22	--	20	20	--
Paksan (PA)	34	32	21	24	31	20
Pakse (PE)	27	32	--	24	29	--
Ubon Ratchathani (UB-MK)	--	28	29	--	22	26
Ubon Ratchathani (UB-MR)	32	--	24	31	--	15
Roi Et (RE)	--	30	--	--	30	--
Stung Treng (ST)	32	28	32	32	24	28
Kratié (KT)	28	27	--	27	25	--
Siêm Riệp (SR)	--	--	30	--	--	22
Đồng Tháp (DT)	25	32	32	21	27	30
An Giang (AG)	30	24	24	28	24	19
Tổng cộng	272	255	192	239	232	160

Phụ lục 10. Số lượng mẫu và chỉ thị SNPs giữa ba loài cá nghiên cứu theo tiến trình xử lý dữ liệu

Loài nghiên cứu	Số lượng mẫu ban đầu	Số lượng mẫu sau khi lọc	Tổng số SNPs thu nhận được	Số loci trung tính	Số loci ngoại vi
Cá chạch lá tre	272	239	4237	3736	189
Cá ét mọi	255	232	825	760	23
Cá vồ đém	192	160	1270	1176	11

Phụ lục 11. Giá trị khác biệt di truyền theo cặp quần thể (F_{ST}) ở phía dưới đường bên và độ tin cậy (p-value) tương ứng ở phía trên đường bên của ba loài nghiên cứu.

A. Cá chạch lá tre:

	TK	LP	PA	PE	UB	ST	KT	DT	AG
TK	--	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
LP	0,415	--	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
PA	0,361	0,033	--	0,003	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
PE	0,350	0,048	0,020	--	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
UB	0,402	0,130	0,122	0,111	--	0,001	0,001	0,001	0,001
ST	0,331	0,134	0,118	0,117	0,123	--	0,001	0,001	0,001
KT	0,459	0,394	0,346	0,330	0,385	0,164	--	0,001	0,001
DT	0,499	0,449	0,390	0,373	0,447	0,226	0,048	--	0,095
AG	0,509	0,467	0,414	0,399	0,463	0,243	0,053	0,004	--

Giá trị in đậm thể hiện không có ý nghĩa thống kê (sau khi hiệu chỉnh FDR)

B. Cá ét mọi:

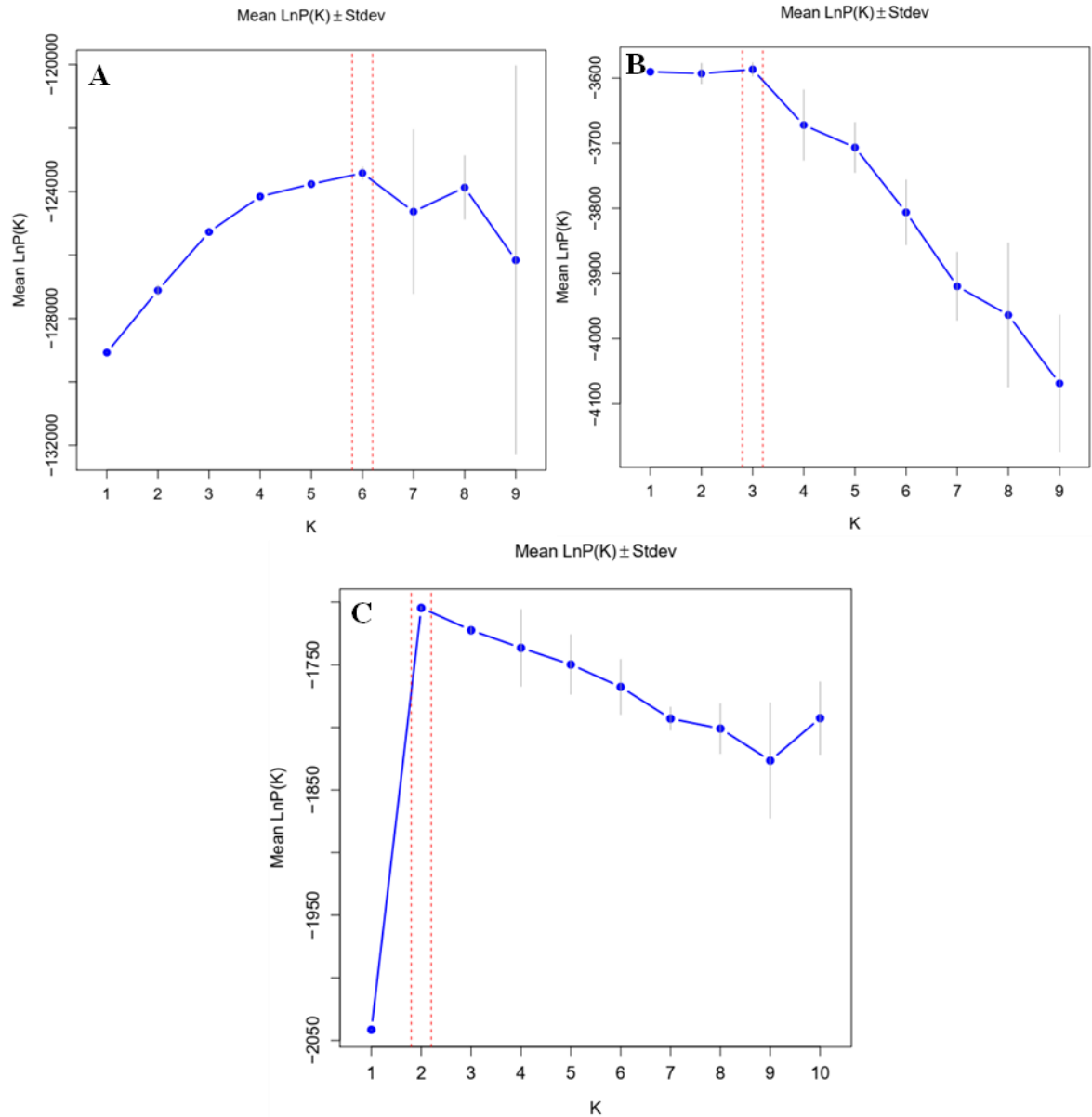
	LP	PA	PE	UB	RE	ST	KT	DT	AG
LP	--	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
PA	0,077	--	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
PE	0,072	0,037	--	0,036	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
UB	0,060	0,041	0,009	--	0,001	0,001	0,001	0,001	0,003
RE	0,080	0,049	0,032	0,042	--	0,001	0,006	0,001	0,001
ST	0,093	0,055	0,039	0,035	0,066	--	0,001	0,001	0,010
KT	0,075	0,038	0,039	0,047	0,007	0,051	--	0,001	0,001
DT	0,150	0,052	0,106	0,109	0,103	0,103	0,084	--	0,001
AG	0,075	0,037	0,025	0,020	0,041	0,015	0,025	0,084	--

C. Cá vồ dằm:

	PA	UB	UM	ST	SR	DT	AG
PA	--	0,001	0,001	0,001	0,001	0,004	0,001
UB	0,039	--	0,323	0,166	0,001	0,025	0,040
UM	0,046	0,001	--	0,180	0,001	0,024	0,024
ST	0,041	0,003	0,003	--	0,001	0,016	0,041
SR	0,088	0,071	0,087	0,060	--	0,001	0,001
DT	0,012	0,010	0,012	0,009	0,072	--	0,016
AG	0,043	0,010	0,006	0,005	0,086	0,010	--

Giá trị in đậm thể hiện không có ý nghĩa thống kê (sau khi hiệu chỉnh FDR)

Phụ lục 12. Giá trị trung bình của K theo phương pháp của Evanno từ dữ liệu SNPs trung tính



Giá trị trung bình của K từ dữ liệu SNPs trung tính của cá chạch lá tre (A), cá ét mọi (B) và cá vô đém (C)

Phụ lục 13. Kết quả giá trị p hiệu chỉnh theo phương pháp Benjamini-Hochberg

1. Cá chạch lá tre

STT	Giá trị P gốc	Giá trị ngưỡng	Giá trị P hiệu chỉnh	Có ý nghĩa với FDR 0,05 không?
1	0,001	0,001	0,001	Có
2	0,001	0,003	0,001	Có
3	0,001	0,004	0,001	Có
4	0,001	0,006	0,001	Có
5	0,001	0,007	0,001	Có
6	0,001	0,008	0,001	Có
7	0,001	0,010	0,001	Có
8	0,001	0,011	0,001	Có
9	0,001	0,013	0,001	Có
10	0,001	0,014	0,001	Có
11	0,001	0,015	0,001	Có
12	0,001	0,017	0,001	Có
13	0,001	0,018	0,001	Có
14	0,001	0,019	0,001	Có
15	0,001	0,021	0,001	Có
16	0,001	0,022	0,001	Có
17	0,001	0,024	0,001	Có
18	0,001	0,025	0,001	Có
19	0,001	0,026	0,001	Có
20	0,001	0,028	0,001	Có
21	0,001	0,029	0,001	Có
22	0,001	0,031	0,001	Có
23	0,001	0,032	0,001	Có
24	0,001	0,033	0,001	Có
25	0,001	0,035	0,001	Có
26	0,001	0,036	0,001	Có
27	0,001	0,038	0,001	Có
28	0,001	0,039	0,001	Có
29	0,001	0,040	0,001	Có
30	0,001	0,042	0,001	Có
31	0,001	0,043	0,001	Có
32	0,001	0,044	0,001	Có
33	0,001	0,046	0,001	Có

34	0,001	0,047	0,001	Có
35	0,003	0,049	0,003	Có
36	0,095	0,050	0,095	Không

2. Cá ét mọi

STT	Giá trị P gốc	Giá trị ngưỡng	Giá trị P hiệu chỉnh	Có ý nghĩa với FDR 0,05 không?
1	0,001	0,001	0,001	Có
2	0,001	0,003	0,001	Có
3	0,001	0,004	0,001	Có
4	0,001	0,006	0,001	Có
5	0,001	0,007	0,001	Có
6	0,001	0,008	0,001	Có
7	0,001	0,010	0,001	Có
8	0,001	0,011	0,001	Có
9	0,001	0,013	0,001	Có
10	0,001	0,014	0,001	Có
11	0,001	0,015	0,001	Có
12	0,001	0,017	0,001	Có
13	0,001	0,018	0,001	Có
14	0,001	0,019	0,001	Có
15	0,001	0,021	0,001	Có
16	0,001	0,022	0,001	Có
17	0,001	0,024	0,001	Có
18	0,001	0,025	0,001	Có
19	0,001	0,026	0,001	Có
20	0,001	0,028	0,001	Có
21	0,001	0,029	0,001	Có
22	0,001	0,031	0,001	Có
23	0,001	0,032	0,001	Có

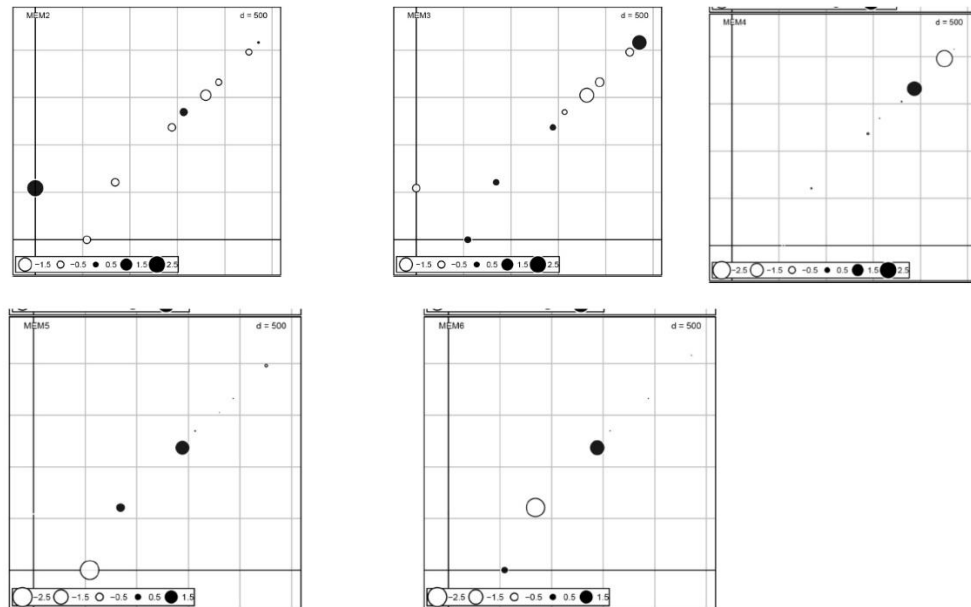
24	0,001	0,033	0,001	Có
25	0,001	0,035	0,001	Có
26	0,001	0,036	0,001	Có
27	0,001	0,038	0,001	Có
28	0,001	0,039	0,001	Có
29	0,001	0,040	0,001	Có
30	0,001	0,042	0,001	Có
31	0,001	0,043	0,001	Có
32	0,002	0,044	0,002	Có
33	0,006	0,046	0,007	Có
34	0,007	0,047	0,007	Có
35	0,008	0,049	0,008	Có
36	0,037	0,050	0,037	Có

3. Cá vồ dếm

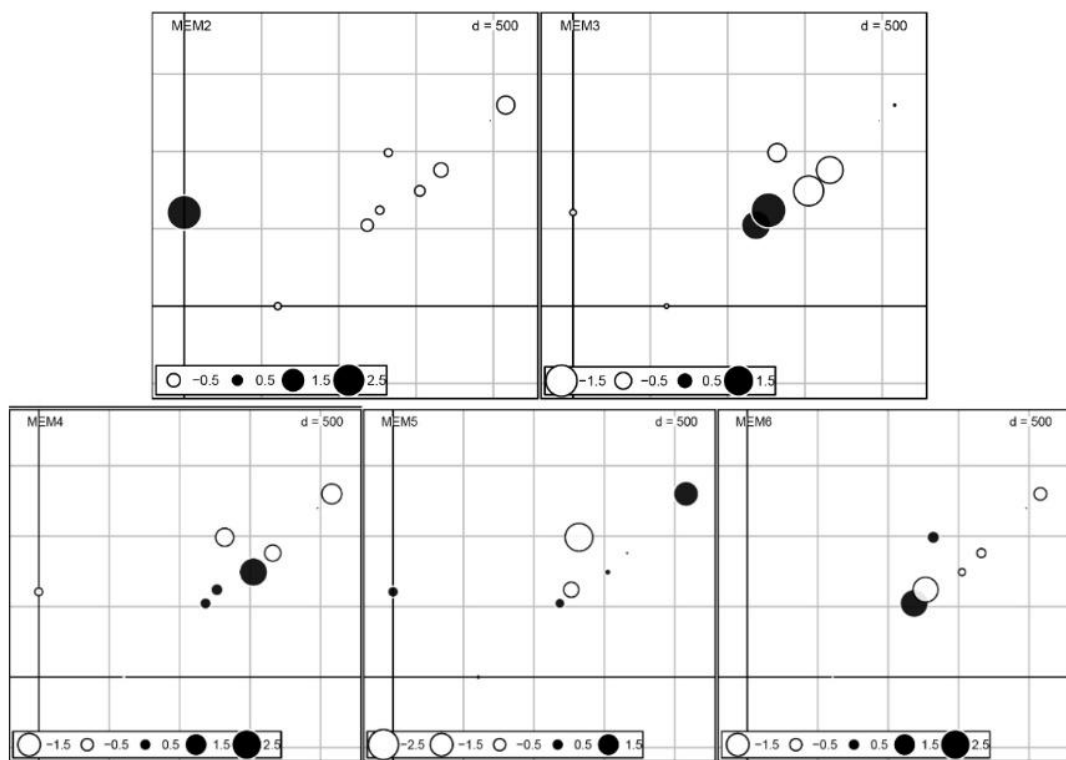
STT	Giá trị P gốc	Giá trị ngưỡng	Giá trị P hiệu chỉnh	Có ý nghĩa với FDR 0,05 không?
1	0,001	0,002	0,002	Có
2	0,001	0,005	0,002	Có
3	0,001	0,007	0,002	Có
4	0,001	0,010	0,002	Có
5	0,001	0,012	0,002	Có
6	0,001	0,014	0,002	Có
7	0,001	0,017	0,002	Có
8	0,001	0,019	0,002	Có
9	0,001	0,021	0,002	Có
10	0,001	0,024	0,002	Có
11	0,004	0,026	0,008	Có

12	0,016	0,029	0,026	Có
13	0,016	0,031	0,026	Có
14	0,024	0,033	0,033	Có
15	0,024	0,035	0,032	Có
16	0,025	0,038	0,032	Có
17	0,04	0,040	0,047	Có
18	0,041	0,042	0,047	Có
19	0,166	0,045	0,183	Không
20	0,18	0,047	0,189	Không
21	0,323	0,05	0,323	Không

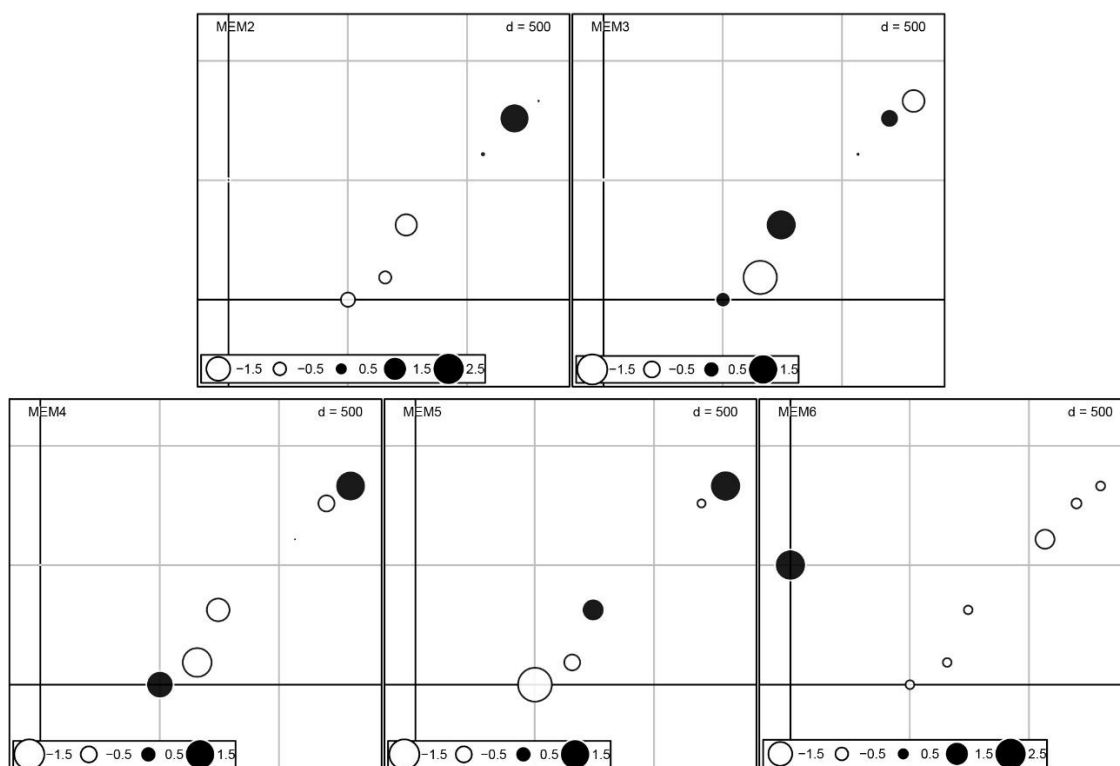
Phụ lục 14. Các trục MEM-2-6 giữa sai khác di truyền và khoảng cách địa lý từ phân tích dbMEM của các loài cá



Hình 1. Các trục MEM 2-6 của cá chạch lá tre



Hình 2. Các trục MEM 2-6 của cá ét mồi

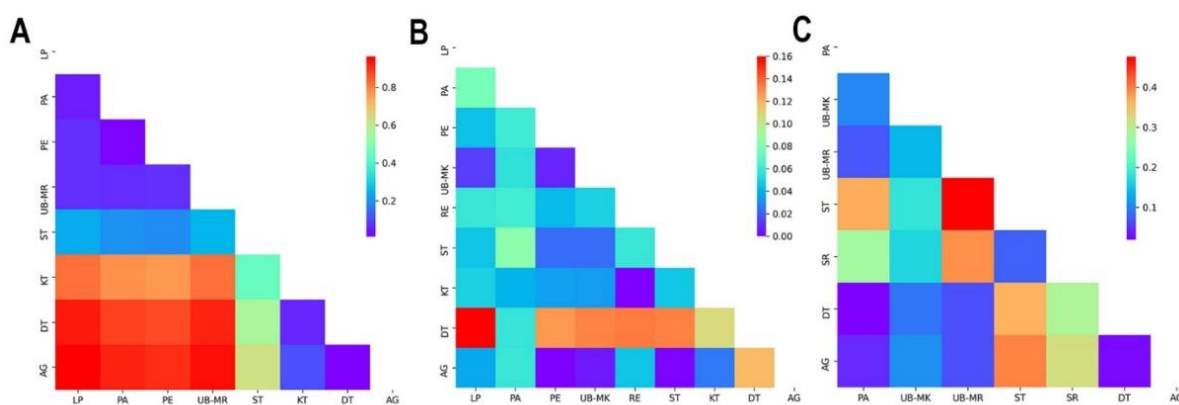


Hình 3. Các trục MEM 2-6 của cá vô đốm

Phụ lục 15. Các kết quả phân tích sử dụng bộ dữ liệu loci đáp ứng

1. Sự khác biệt di truyền của các quần thể cá

Các quần thể cá ét mọi thể hiện sự khác biệt di truyền chung thấp nhất ($G_{ST} = 0,023$), tiếp theo là cá vồ đém ($G_{ST} = 0,237$) và cao nhất ở cá chạch lá tre ($G_{ST} = 0,805$). Đối với giá trị F_{ST} , sự khác biệt dao động từ 0,01 (DT/AG) – 0,963 (AG/LP) ở cá chạch lá tre (**Hình 1A**), từ $<0,001$ (KT/RE) – 0,16 (DT/LP) ở cá ét mọi (**Hình 1B**) và từ 0,019 (DT/PA) – 0,477 (ST/UB-MR) ở cá vồ đém (**Hình 1C**). Tất cả các giá trị khác biệt di truyền chung và theo cặp quần thể của các loài cá đều thể hiện có ý nghĩa thống kê.

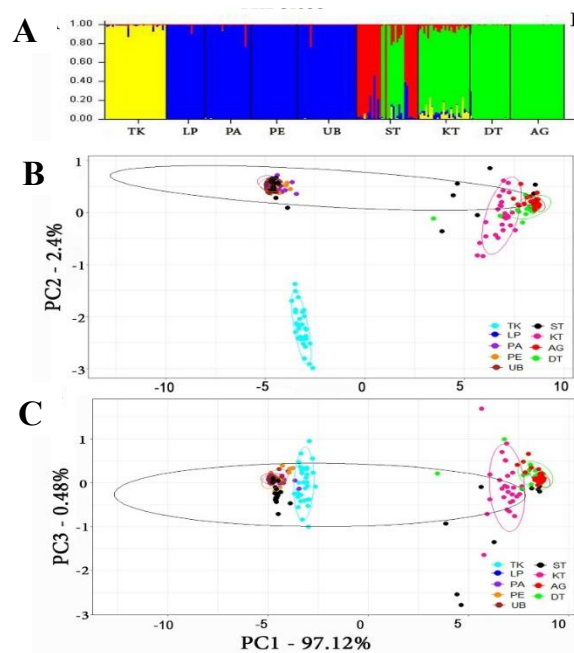


Hình 1. Biểu đồ heatmap thể hiện giá trị khác biệt di truyền theo cặp quần thể (F_{ST}) dựa trên dữ liệu loci đáp ứng của cá chạch lá tre (A), cá ét mọi (B) và cá vồ đém (C)

2. Cấu trúc quần thể của ba loài cá điển hình

2.1. Cá chạch lá tre

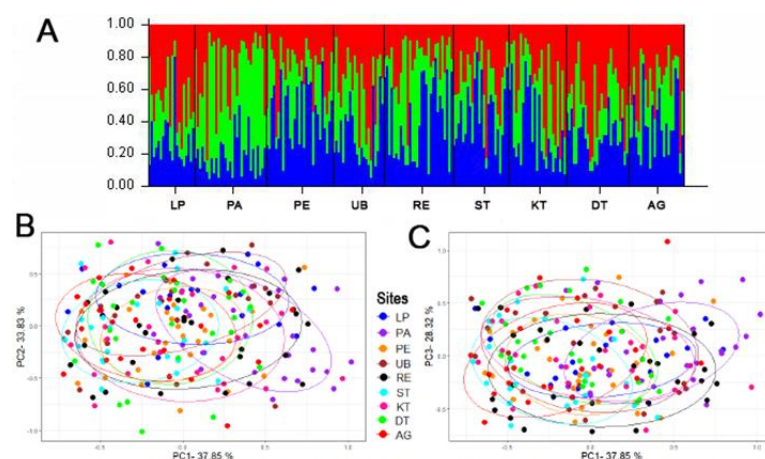
Sử dụng dữ liệu 114 loci đáp ứng, phân tích STRUCTURE và PCA đều thể hiện sự phân tách quần thể theo không gian (**Hình 2**). Cụ thể là, quần thể Tachileik thuộc nhóm 1, các quần thể Luang Prabang, Paksan, Pakse và UB - Mun River - phía trên thác Khôn thuộc nhóm 2, các quần thể Kratié, An Giang và Dong Thap - phía dưới thác Khôn thuộc nhóm 3, và quần thể Stung Treng thể hiện sự trộn lẫn thông tin di truyền từ các nhóm.



Hình 2. Cấu trúc quần thể cá chạch lá tre dựa trên 114 loci đáp ứng bằng phân tích nhóm Structure (A), phân tích thành phần chính PCA (B, C) với vòng elip thể hiện xác suất 95% của mỗi quần thể

2.2. Cá ét mọi

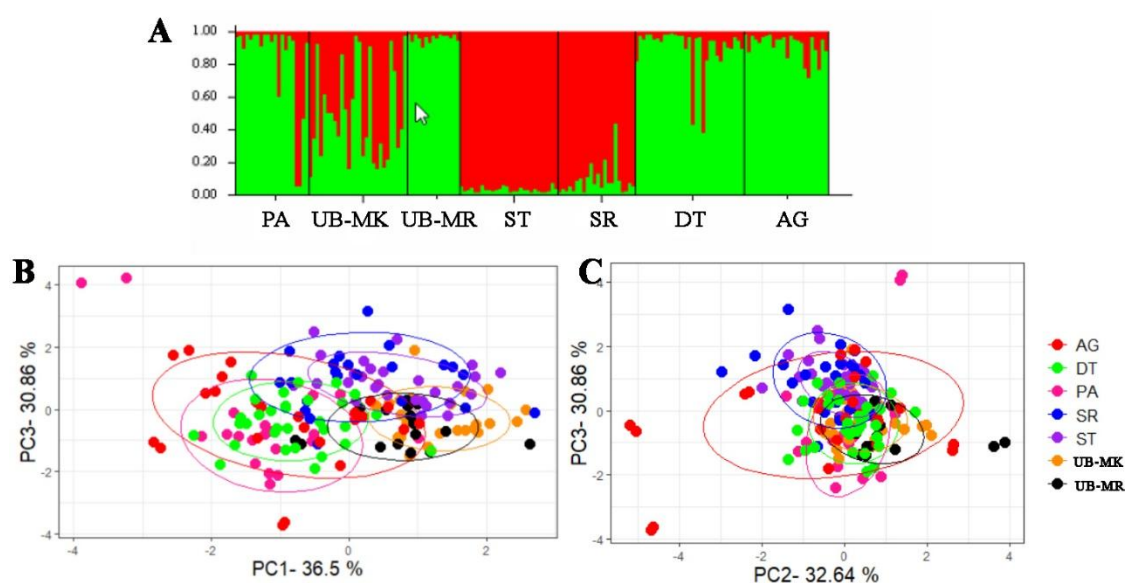
Đối với dữ liệu loci đáp ứng, phân tích cấu trúc di truyền quần thể cá ét mọi sử dụng STRUCTURE và PCA đều thể hiện sự kết nối cao giữa các quần thể và không có sự phân tách theo các khu vực địa lý (**Hình 3**).



Hình 3. Cấu trúc quần thể cá ét mọi dựa trên 23 loci đáp ứng bằng phân tích nhóm Structure (A) và phân tích thành phần chính PCA (B, C) với vòng elip thể hiện xác suất 95% của mỗi quần thể

2.3. Cá vồ đém

Đối với dữ liệu loci đáp ứng ở cá vồ đém, trong khi phân tích cấu trúc di truyền quần thể sử dụng STRUCTURE thể hiện sự phân tách của quần thể Stung Treng và Siem Riệp (Campuchia) so với các quần thể còn lại, thì phân tích PCA thể hiện sự kết nối cao giữa các quần thể và không có sự phân tách theo các khu vực địa lý (**Hình 4**).



Hình 4. Cấu trúc quần thể cá vồ đém dựa trên 11 loci đáp ứng bằng phân tích nhóm Structure (A) và phân tích thành phần chính PCA (B, C) với vòng elip thể hiện xác suất 95% của mỗi quần thể

Phụ lục 16. Các kết quả thuộc nội dung 3

	Description	Query Cover	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Labeo chrysophekadion mitochondrial DNA, complete genome	100%	99.78%	16602	NC_022942.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Labeo calbasu mitochondrial DNA, complete genome	100%	95.03%	16607	AP012143.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Cirrhinus cirrhosus isolate Chittagong_001 mitochondrion, complete genome	100%	95.03%	16607	MW649087.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Labeo fimbriatus mitochondrion, complete genome	99%	93.43%	16614	NC_026217.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Labeo gonius mitochondrion, complete genome	99%	93.36%	16614	NC_027856.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Labeo rohita mitochondrion, complete genome	99%	93.33%	16611	JN412817.1

Hình 1. Kết quả so sánh sự tương đồng trình tự với dữ liệu Ngân hàng Gen

Bảng 1. Vị trí và đặc điểm của từng gen trong hệ gen ti thể của cá ét mọi
 bp: base pair; khoảng cách giao gen (đánh dấu “+” khoảng trống với gen tiếp theo; “-” khoảng lấp với gen trước.

Gen	Chuỗi	Vị trí		Kích thước (bp)	Codons		Khoảng cách giao gen (bp)
		từ	đến		Bắt đầu	Kết thúc	
<i>tRNA^{Phe}</i>	H	1	69	69	-	-	0
<i>12S rRNA</i>	H	70	1022	953	-	-	0
<i>tRNA^{Val}</i>	H	1023	1096	72	-	-	0
<i>16S rRNA</i>	H	1097	2785	1689	-	-	0
<i>tRNA^{Leu (UUR)}</i>	H	2786	2861	76	-	-	0
<i>ND1</i>	H	2862	3837	975	ATG	TAA	4
<i>tRNA^{Ile}</i>	H	3842	3913	72	-	-	-2
<i>tRNA^{Gln}</i>	L	3912	3982	71	-	-	2
<i>tRNA^{Met}</i>	H	3985	4053	69	-	-	0
<i>ND2</i>	H	4054	5100	1047	ATG	TAG	-2
<i>tRNA^{Trp}</i>	H	5099	5169	71	-	-	2
<i>tRNA^{Ala}</i>	L	5172	5240	69	-	-	2
<i>tRNA^{Asn}</i>	L	5243	5315	73	-	-	33
<i>tRNA^{Cys}</i>	L	5349	5415	67	-	-	1
<i>tRNA^{Tir}</i>	L	5417	5487	71	-	-	1
<i>COI</i>	H	5489	7039	1551	GTG	TAA	0
<i>tRNA^{Ser (UGA)}</i>	L	7040	7110	71	-	-	3
<i>tRNA^{Asp}</i>	H	7114	7185	72	-	-	15
<i>COII</i>	H	7200	7905	705	ATG	TAA	-14
<i>tRNA^{Lys}</i>	H	7892	7967	76	-	-	1
<i>ATPase 8</i>	H	7969	8133	165	ATG	TAA	-7
<i>ATPase 6</i>	H	8127	8810	684	ATG	TAA	-1
<i>COIII</i>	H	8810	9595	786	ATG	TAA	0
<i>tRNA^{Gly}</i>	H	9596	9667	72	-	-	0
<i>ND3</i>	H	9668	10018	351	ATG	T--	-3
<i>tRNA^{Arg}</i>	H	10016	10085	70	-	-	0
<i>ND4L</i>	H	10086	10382	297	ATG	TAA	-7
<i>ND4</i>	H	10376	11756	1381	ATG	T--	0
<i>tRNA^{His}</i>	H	11757	11825	69	-	-	0
<i>tRNA^{Ser (GCU)}</i>	H	11826	11894	69	-	-	1
<i>tRNA^{Leu (CUN)}</i>	H	11896	11968	73	-	-	3
<i>ND5</i>	H	11972	13795	1824	ATG	TAA	-4
<i>ND6</i>	L	13792	14313	522	ATG	T--	0
<i>tRNA^{Glu}</i>	L	14314	14382	69			5
<i>Cytb</i>	H	14388	15548	1161	ATG	TAA	-20
<i>tRNA^{Thr}</i>	H	15529	15600	72	-	-	-1
<i>tRNA^{Pro}</i>	L	15600	15669	70	-	-	0
<i>D-loop</i>	-	15670	16600		-	-	0

bp: base pair; khoảng cách giao gen (đánh dấu “+” khoảng trống với gen tiếp theo; “-” khoảng lấp với gen trước.