

**Định danh loài cá bống suối đầu ngắn (*Philypnus chalmersi* Nichols & Pope)
tại tỉnh Thái Nguyên sử dụng trình tự đoạn gen COI và 16S rDNA**

Hà Bích Hồng^{1*}, Trần Việt Vinh², La Văn Công², Nguyễn Mạnh Hà², Nguyễn Đức Thống²,
Lê Minh Toàn², Cù Ngọc Bắc², Trần Thảo Vân², Nguyễn Thế Hưởng¹

¹Trường Đại học Lâm nghiệp

²Công ty TNHH Phát triển Nông nghiệp Thảo Vân

**Species identification of *Philypnus chalmersi* (Nichols & Pope)
in Thai Nguyen province using COI and 16s rDNA sequences**

Ha Bich Hong^{1*}, Tran Viet Vinh², La Van Cong², Nguyen Manh Ha², Nguyen Duc Thong²,
Le Minh Toan², Cu Ngoc Bac², Tran Thao Van², Nguyen The Huong¹

¹Vietnam National University of Forestry

²Thao Van Agriculture Development Limited Liability Company

*Corresponding author: honghb@vnuf.edu.vn

<https://doi.org/10.55250/jo.vnuf.15.4.2026.013-020>

TÓM TẮT

Nghiên cứu được thực hiện nhằm định danh và đánh giá đặc điểm di truyền của loài cá bống suối đầu ngắn (*Philypnus chalmersi* Nichols & Pope) tại tỉnh Thái Nguyên thông qua việc sử dụng hai trình tự DNA mã vạch COI và 16S rDNA. Tổng cộng 30 mẫu cá đã được thu thập tại ba xã Quân Chu, Thần Sa và La Bằng. Kết quả tách chiết DNA tổng số từ mô cơ cho thấy hàm lượng DNA đạt chất lượng tốt, dao động từ 42,15 đến 138,25 ng/μl với độ tinh sạch A₂₆₀/A₂₈₀ từ 1,69 đến 2,02. Phản ứng PCR đã nhân bản thành công các đoạn gen mục tiêu với kích thước khoảng 750 bp đối với gen COI và 250 bp đối với gen 16S rDNA. Phân tích trình tự 16S rDNA cho thấy các mẫu nghiên cứu có độ tương đồng cao nhất (96,60 – 97,56%) với loài *Microdous chalmersi* (một tên đồng nghĩa của *P. chalmersi*) trên Ngân hàng gen quốc tế (GenBank). Tuy nhiên, kết quả phân tích gen COI cho thấy các mẫu tại Thái Nguyên có khoảng cách di truyền khoảng 5% so với các trình tự quốc tế hiện có, gợi ý rằng *P. chalmersi* có thể là một “phức hợp loài” với sự đa dạng di truyền cao giữa các vùng địa lý. Các trình tự nucleotide thu được trong nghiên cứu này đã được đăng ký thành công trên GenBank với các mã số từ PX421032 đến PX421035 cho gen COI và từ PX415244 đến PX415248 cho gen 16S rDNA. Kết quả nghiên cứu không chỉ xác nhận sự hiện diện của loài *P. chalmersi* tại Thái Nguyên mà còn đóng góp dữ liệu di truyền quan trọng cho công tác bảo tồn và quản lý nguồn lợi thủy sản bản địa tại Việt Nam.

ABSTRACT

This study aimed to identify and evaluate the genetic characteristics of the sleeper goby (*Philypnus chalmersi* Nichols & Pope) in Thai Nguyen province using two DNA barcoding markers: COI and 16S rDNA. A total of 30 fish specimens were collected from Quan Chu, Than Sa, and La Bang communes. Total DNA extraction from muscle tissue yielded high-quality results, with concentrations ranging from 45.65 to 138.25 ng/μl and A₂₆₀/A₂₈₀ purity ratios between 1.69 and 2.02. PCR amplification successfully targeted gene fragments of approximately 750 bp for COI and 250 bp for 16S rDNA. Sequence analysis of the 16S rDNA gene revealed the highest similarity (96.60% – 97.56%) with *Microdous chalmersi* (a synonym of *P. chalmersi*) available on GenBank. However, COI gene analysis indicated a genetic distance of approximately 5% between the Thai Nguyen samples and existing Genbank sequences. This divergence suggests that *P. chalmersi* may represent a "species complex" with high genetic diversity across different

Thông tin chung:

Ngày nhận bài: 22/12/2025

Ngày phản biện: 26/01/2026

Ngày quyết định đăng: 27/02/2026

Từ khóa:

Gen COI, gen 16S rDNA,
phân loài, *Philypnus chalmersi*.

Keywords:

COI gene, 16S rDNA gene,
Philypnus chalmersi, Taxonomy.

geographical regions. The nucleotide sequences obtained in this study have been successfully deposited in GenBank under accession numbers PX421032 to PX421035 (COI) and PX415244 to PX415248 (16S rDNA). These findings not only confirm the presence of *P. chalmersi* in Thai Nguyen but also provide essential genetic data for the conservation and management of native fishery resources in Vietnam.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Trong bối cảnh hiện nay, khi nhiều hệ sinh thái nước ngọt đang bị suy giảm bởi tác động của con người như khai thác quá mức, biến đổi khí hậu và ô nhiễm nguồn nước, việc nhận diện và quản lý nguồn lợi thủy sản bản địa, đặc biệt là các loài cá ít được nghiên cứu, trở nên cần thiết hơn bao giờ hết [1]. Cá bống suối đầu ngắn (*Philypnus chalmersi* Nichols & Pope là một loài cá nước ngọt phân bố tại các suối, sông nhỏ ở khu vực miền Bắc Việt Nam và một số tỉnh phía Nam Trung Quốc. Đây là loài cá có giá trị nhất định trong quần xã thủy sinh, góp phần duy trì cân bằng sinh thái hệ sinh vật nước ngọt, có tiềm năng nuôi làm sản phẩm đặc sản của vùng. Tuy nhiên ở Việt Nam, những nghiên cứu về loài này còn rất hạn chế, hầu như mới chỉ dừng lại ở định loại hình thái học trong các công trình về cá nước ngọt [2, 3]; số liệu về phân bố, số lượng và đặc điểm di truyền ở Việt Nam gần như chưa có, trong khi đây là những thông tin cơ bản để phục vụ cho công tác bảo tồn và phát triển bền vững nguồn lợi.

Thực tế, việc định danh bằng hình thái gặp nhiều khó khăn do nhóm cá bống có kích thước nhỏ, đặc điểm hình thái tương đối giống nhau, dễ gây nhầm lẫn trong phân loại. Điều này dẫn đến nguy cơ xác định sai loài hoặc bỏ sót dữ liệu quan trọng về đa dạng sinh học. Chỉ thị ADN mã vạch (DNA barcoding) đã được ứng dụng rộng rãi để định danh và phát hiện đa dạng loài ở nhiều nhóm sinh vật khác nhau, đặc biệt là cá [4, 5]. Các nghiên cứu cho thấy, gen

COI và 16S rDNA là hai gen phổ biến, có khả năng phân định loài với độ chính xác cao. Hebert và cộng sự (2003) đã khẳng định DNA barcoding là công cụ hữu hiệu trong định danh sinh học, với ngưỡng phân tách loài thường nằm trong khoảng 2–3% khác biệt di truyền. Trong khi đó, Sarri và cộng sự (2014) đã đề xuất bộ mồi phổ quát cho 16S rDNA, giúp mở rộng khả năng định danh trong nhiều nhóm động vật [6]. Đối với *P. chalmersi*, một số nghiên cứu ở Trung Quốc gần đây đã cho thấy loài này có sự đa dạng di truyền cao và có thể tồn tại các dòng di truyền khác nhau [7, 8]. Kết quả này gợi ý rằng *P. chalmersi* có thể là một “phức hợp loài” (species complex) thay vì chỉ là một loài đơn lẻ. Do đó, việc nghiên cứu bổ sung dữ liệu di truyền của loài này ở Việt Nam là rất quan trọng, vừa để đối chiếu, vừa để làm rõ mối quan hệ phát sinh loài trong phạm vi phân bố. Nghiên cứu không chỉ khắc phục được hạn chế của định loại hình thái truyền thống mà còn góp phần bổ sung dữ liệu di truyền cho loài *P. chalmersi* ở Việt Nam vào cơ sở dữ liệu quốc tế (GenBank). Đây là cơ sở khoa học quan trọng, phục vụ cho các nghiên cứu tiếp theo về đa dạng di truyền, tiến hóa, cũng như cho công tác bảo tồn và quản lý nguồn lợi thủy sản bản địa.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

30 cá thể cá Bống suối đầu ngắn tại Thái Nguyên được thu thập, mổ loại bỏ ruột và bảo quản trong hộp nhựa có chứa cồn tuyệt đối. Danh sách các mẫu được thể hiện trên Bảng 1.

Bảng 1. Danh sách mẫu cá Bống suối đầu ngắn thu tại tỉnh Thái Nguyên

TT	Kí hiệu mẫu	Ngày thu mẫu	Địa điểm thu mẫu	Số lượng mẫu
1	QC01 – QC10	18/8/2025	Xã Quân Chu	10
2	TS01 – TS10	18/8/2025	Xã Thần Sa	10
3	LB01 – LB10	18/8/2025	Xã La Bằng	10
Tổng cộng				30



Hình 1. Hình ảnh chụp đại diện Cá bống suối đầu ngắn tại La Bằng (A), Quân Chu (B) và Thần Sa (C)

2.2. Phương pháp nghiên cứu

ADN tổng số từ mẫu cơ (phần thịt cá) được tách chiết sử dụng bộ tách chiết ADN tổng số từ mẫu động vật của hãng Analytik Jena, Đức. Các bước tiến hành theo hướng dẫn của nhà sản xuất. Sản phẩm tách ADN tổng số được kiểm tra nồng độ và độ tinh sạch dựa trên phương pháp đo mật độ quang (ScanDrop – Annalytik Jena, Đức) và phương pháp điện di trên gel agarose 1,0%.

Phản ứng PCR được tiến hành trên máy PCR Biometra Tadvance 96S (Analytik Jena, Đức) và các thành phần phản ứng như sau: 2X PCR master mix 15 μ l, mỗi xuôi (10 μ M) 1 μ l, mỗi ngược (10 μ M) 1 μ l, DNA khuôn (50-100ng) 1 μ l, nước deion 12 μ l. Chương trình nhiệt độ của phản ứng PCR như sau: biến tính ở 95 $^{\circ}$ C trong 5 phút; 35 chu kì lặp lại của ba bước 95 $^{\circ}$ C – 30 giây, 46 $^{\circ}$ C hoặc 53 $^{\circ}$ C (tùy từng cặp mồi) – 30 giây, 72 $^{\circ}$ C – 45 giây; kết thúc tổng hợp ở 72 $^{\circ}$ C trong 7 phút; bảo quản sản phẩm PCR ở 4 $^{\circ}$ C. Trình tự cặp mồi sử dụng để nhân bản đoạn gen COI: COI- F1 GGATGAAGAGATGAAAGCGAGA, COI-R1 AAACCCCGAGAAGCCACA [9] và cặp mồi sử dụng để nhân bản đoạn gen 16S rDNA: 16S_F1 AYAAGACGAGAAGACCC, 16S_R1 GATTGCGCTGTTATTCC [6].

Những sản phẩm PCR sau khi được khuếch đại thành công sẽ được tinh sạch bằng kit PCR Purification Kit của InTRON-Hàn Quốc, các bước được thực hiện theo hướng dẫn của nhà sản xuất.

Sản phẩm PCR sau khi tinh sạch và kiểm tra nồng độ sẽ được gửi cho công ty 1st BASE của Malaysia để giải trình tự nucleotide sử dụng bộ kit BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing trên máy giải trình tự tự động.

Trình tự nucleotide của các mẫu nghiên cứu

được xử lý, phân tích bằng các phần mềm tin sinh chuyên dụng như BioEdit 7.2 [10], MEGA7 [11] và các công cụ hỗ trợ online trên website của NCBI.

Cây quan hệ di truyền được xây dựng dựa trên phương pháp Maximum likelihood với 1000 lần lặp (bootstrap).

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả tách chiết DNA tổng số

Trong nghiên cứu này vật liệu dùng để tách chiết DNA là các mẫu cơ (thịt) của 30 cá thể cá Bống suối đầu ngắn, thu thập tại tỉnh Thái Nguyên. Kết quả tách chiết DNA tổng số từ 30 mẫu cá Bống suối được thể hiện ở Bảng 2. Trong đó, các mẫu có chất lượng và hàm lượng DNA tương đối tốt để thực hiện được phản ứng PCR. Cụ thể, hàm lượng ADN dao động từ 45,65 đến 138,25 ng/ μ l và độ tinh sạch tương đối tốt, dao động từ 1,69 đến 2,02. Nhìn chung thì các mẫu ADN tách chiết được đều có độ tinh sạch cao (chủ yếu các mẫu đều có tỷ số A260/A280 nằm trong khoảng từ 1,8-2,0, là chỉ số thể hiện độ tinh sạch cao của mẫu ADN), chỉ có một vài mẫu có độ tinh sạch thấp hơn 1,8 hoặc cao hơn 2,0 nhưng không đáng kể. Hàm lượng DNA tổng số giữa các mẫu Cá bống có sự sai khác là do khối lượng của mỗi mẫu sử dụng để tách DNA tổng số không đồng nhất. Một nguyên nhân khác có thể là do quá trình nghiền mẫu không đồng nhất, mẫu được nghiền nhỏ mịn thì hiệu quả thu nhận DNA sẽ tốt hơn, còn mẫu nghiền chưa được tốt thì hàm lượng DNA thu được sẽ ít hơn. Với sự nhạy của enzyme DNA polymerase thì hàm lượng DNA từ 20 ng/ μ l là đảm bảo cho phản ứng PCR thành công. Do đó, với hàm lượng DNA tách chiết được của 30 mẫu Cá bống nghiên cứu, nhóm tác giả sử dụng 1 μ l cho phản ứng PCR với tổng thể tích 30 μ l.

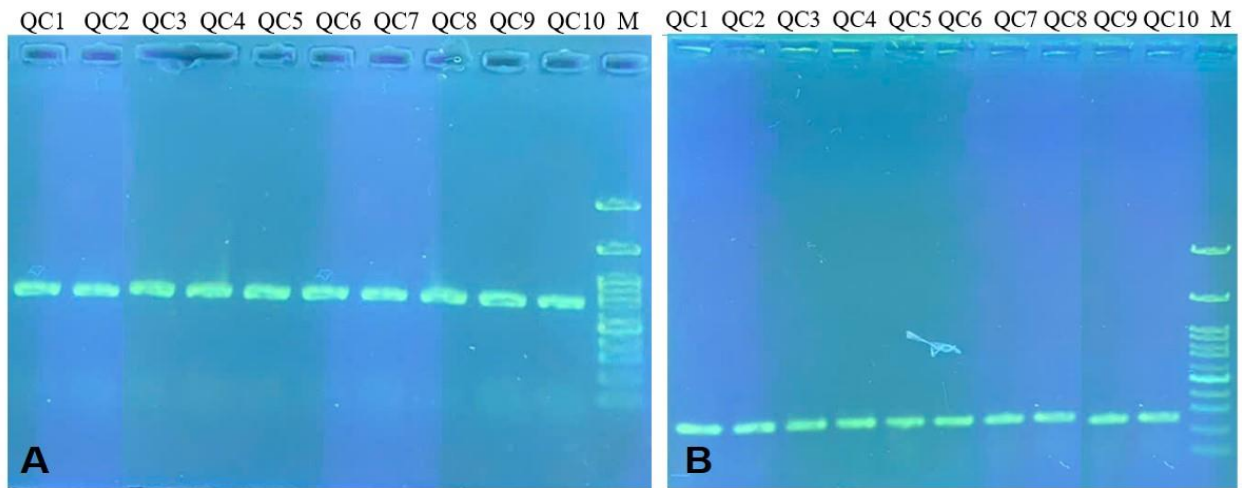
Bảng 2. Hàm lượng và chất lượng ADN tổng số tách chiết từ mẫu cá Bống suối đầu ngắn

TT	Địa điểm lấy mẫu	Mẫu	Độ tinh sạch của ADN (OD _{260 nm/280 nm})	Hàm lượng ADN (ng/μl)
1	Xã Quân Chu	QC01	1,86	57,95
2		QC 02	1,69	54,97
3		QC 03	2,02	61,35
4		QC 04	1,89	87,72
5		QC05	1,78	102,05
6		QC06	1,83	69,34
7		QC07	1,96	73,07
8		QC08	2,00	138,25
9		QC09	1,91	81,17
10		QC10	1,76	86,52
11	Xã Thần Sa	TS01	1,78	47,05
12		TS02	1,93	58,15
13		TS03	1,87	62,07
14		TS04	1,78	55,37
15		TS05	1,72	88,21
16		TS06	1,69	77,00
17		TS07	1,90	83,14
18		TS08	1,97	59,94
19		TS09	1,87	76,12
20		TS10	1,69	97,07
21	Xã La Bằng	LB01	1,85	85,03
22		LB02	1,78	99,37
23		LB03	1,92	75,58
24		LB04	1,77	68,32
25		LB05	2,02	45,65
26		LB06	1,96	92,70
27		LB07	1,76	87,05
28		LB08	2,01	90,04
29		LB09	1,85	68,84
30		LB10	1,72	91,85

3.2. Nhân bản các đoạn gen COI và 16S rDNA của các mẫu cá Bống suối đầu ngắn

Tất cả 30 mẫu DNA của 30 cá thể cá Bống suối đầu ngắn được sử dụng làm khuôn để nhân bản đoạn gen COI với kích thước lý thuyết 750 bp. Kết quả PCR cho thấy toàn bộ 30 mẫu cá Bống suối đầu ngắn đều được nhân bản thành công đoạn gen COI với kích thước khoảng 750 bp như dự kiến, tất cả 30 mẫu đều xuất hiện một băng ADN duy nhất, sáng rõ chứng tỏ sản phẩm PCR rất đặc hiệu và không có sự xuất hiện của sản phẩm phụ. Kết quả nhân bản thành công đoạn gen COI từ 10 mẫu

ADN của cá Bống suối đầu ngắn tại xã Quân Chu được thể hiện trên Hình 2A. Đối với gen 16S rDNA, kích thước đoạn gen lý thuyết nhân bản được là 250 bp. Tất cả 30 mẫu cá Bống suối đầu ngắn đều được nhân bản thành công đoạn gen ty thể 16S rDNA, sản phẩm PCR là một băng duy nhất, sắc nét chứng tỏ phản ứng PCR rất đặc hiệu (Hình 2B). Toàn bộ 30 mẫu sản phẩm PCR của gen COI và 30 mẫu sản phẩm PCR của gen 16S rDNA được tinh sạch sử dụng bộ kit tinh sạch sản phẩm PCR của hãng Intron (Hà Quốc) và gửi đi giải trình tự nucleotide tại công ty 1st BASE (Malaysia) theo cả chiều xuôi và chiều ngược.



Hình 2. Kết quả nhân bản đoạn gen COI (A) và 16S rDNA (B) ở các cá thể cá Bống tuổi đầu ngắn (M: ADN marker 100 bp, các mẫu cá Bống tuổi đầu ngắn từ Quân Chu 1 đến Quân Chu 10)

3.3. Định danh loài Cá bống tuổi đầu ngắn tại Thái Nguyên bằng trình tự 16S rDNA

Đoạn gen 16S rDNA giải trình tự nucleotide thành công từ 30 mẫu cá Bống tuổi đầu ngắn có kích thước khoảng 250 bp. Sau khi căn chỉnh trình tự bằng cách cắt bỏ đoạn đầu và đoạn cuối có chất lượng giải trình tự không tốt, các đoạn trình tự 16S rDNA còn kích thước 206 bp (Hình 3). Khi so sánh 30 trình tự đoạn gen 16S rDNA của cá Bống tuổi đầu ngắn với nhau cho

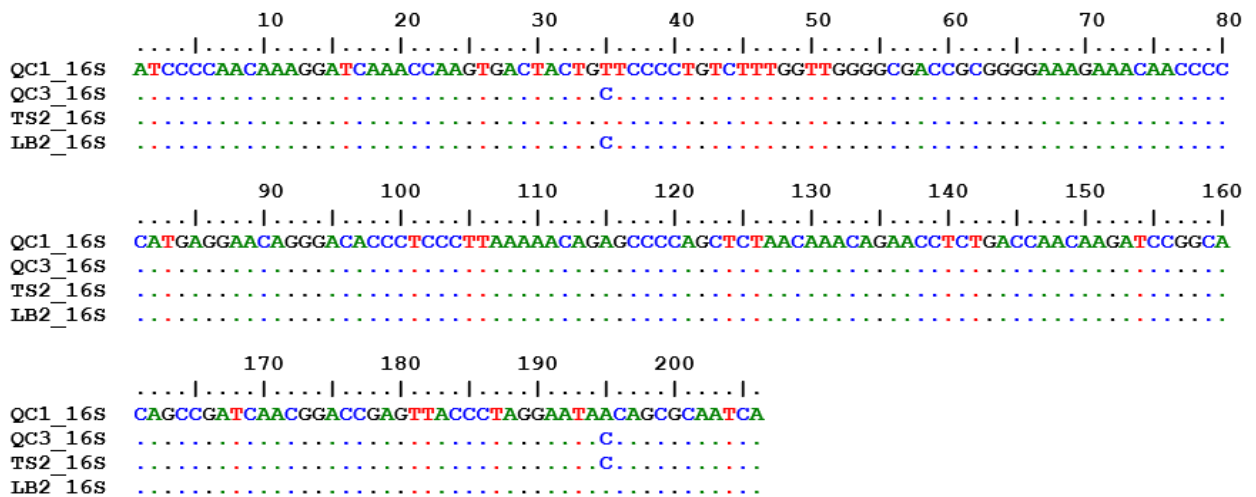
thấy các nhóm trình tự giống nhau như sau:

Nhóm 1: gồm các mẫu QC1, 2, 4, 5, 6, 7, 10 và TS1, 3, 5, 6, 7, 8, 9, 10 (đại diện là QC1)

Nhóm 2: gồm các mẫu LB1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 (đại diện là mẫu LB2)

Nhóm 3: gồm các mẫu TS2, 4 (đại diện là mẫu TS2)

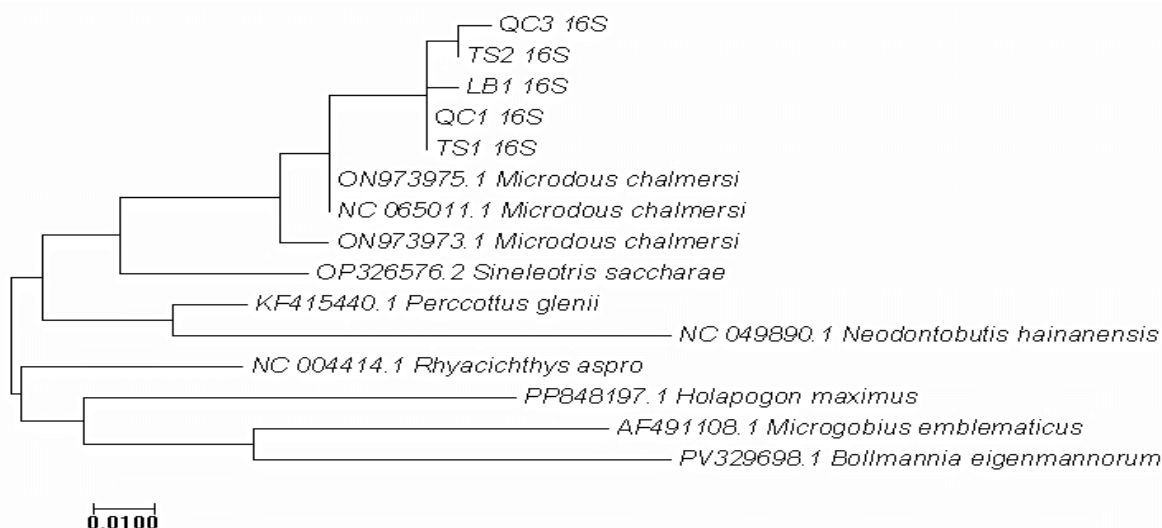
Nhóm 4: gồm các mẫu QC3,8, 9 (đại diện là mẫu QC3)



Hình 3. Trình tự nucleotide đoạn gen 16S rDNA của 30 mẫu cá Bống tuổi đầu ngắn tại Thái Nguyên

Các mẫu cá Bống tuổi đầu ngắn tại Thái Nguyên có tỷ lệ tương đồng cao nhất (96,60 – 97,56%) với loài *Microdous chalmersi* – một tên đồng nghĩa của *Philypnus chalmersi*. Có thể thấy đoạn trình tự 16S rDNA có khả năng giám định loài cá Bống tuổi đầu ngắn tại tỉnh Thái

Nguyên. Kết quả này được thể hiện rõ hơn trên cây quan hệ di truyền (Hình 4), tất cả 05 nhóm mẫu của loài cá Bống tuổi đầu ngắn nghiên cứu được nhóm cùng nhóm với loài *M. chalmersi* với khoảng cách di truyền nhỏ (1,2%).



Hình 4. Cây quan hệ di truyền giữa Cá bống súi đầu ngắn tại Thái Nguyên và các loài tương đồng trên Ngân hàng gen quốc tế dựa trên trình tự 16S rDNA

3.4. Định danh loài Cá bống súi đầu ngắn tại Thái Nguyên bằng trình tự COI

Đoạn gen COI nhân bản được từ các mẫu cá Bống súi đầu ngắn có kích thước khoảng gần 700 bp. Sau khi căn chỉnh trình tự bằng cách cắt bỏ đoạn đầu và đoạn cuối có chất lượng giải trình tự không tốt, các đoạn trình tự COI còn kích thước 612 bp. Trong đó, hai mẫu QC2 và

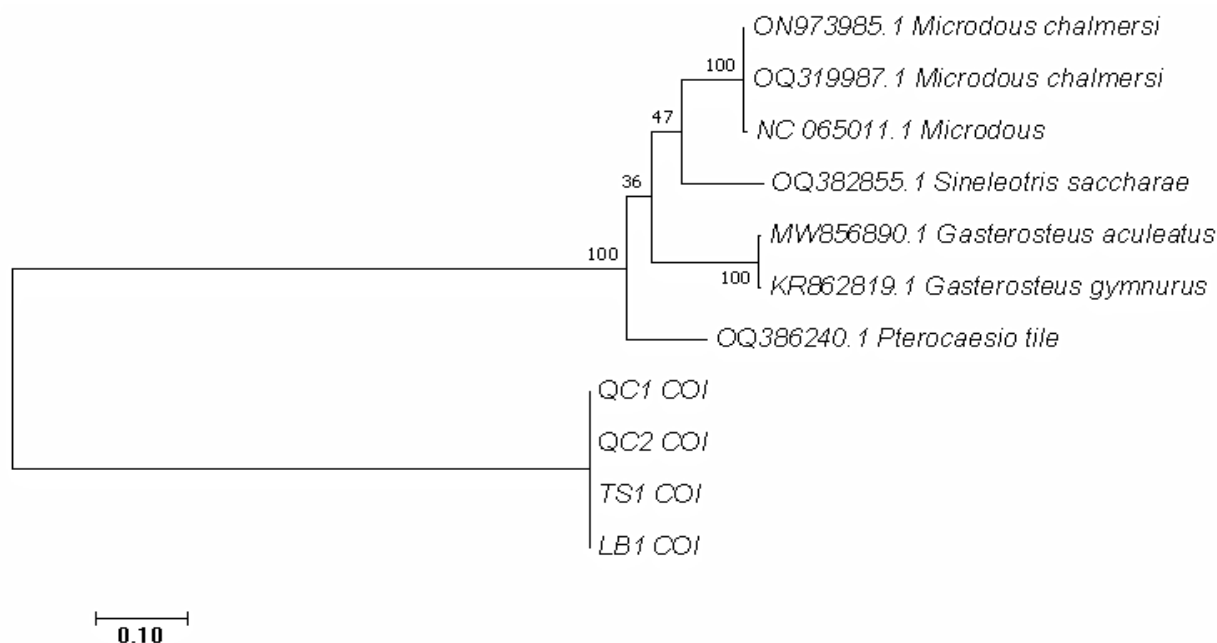
QC5 có trình tự giống nhau 100%, 28 mẫu còn lại có trình tự giống nhau 100%. Trình tự nucleotide đoạn gen COI của hai nhóm mẫu được thể hiện trên Hình 5, mẫu QC2 đại diện cho nhóm thứ nhất và mẫu QC1 đại diện cho nhóm thứ hai. Hai nhóm trình tự này chỉ khác nhau tại một vị trí nucleotide số 52.



Hình 5. Trình tự nucleotide đoạn gen COI của 30 mẫu cá Bống súi đầu ngắn tại Thái Nguyên

Trình tự nucleotide đoạn gen COI của cá Bống suối đầu ngắn có tỷ lệ tương đồng 95,90% với trình tự đoạn gen COI của loài *Microdous chalmersi* (mã số ON973985.1, NC_065011.1 và OQ319987.1). Tương đồng thấp (dưới 90%) được quan sát thấy với các loài cùng thuộc Họ cá Bống Odontobutidae. Qua đó cho thấy trình tự đoạn gen COI của cá Bống suối đầu ngắn tại Thái Nguyên tương đối khác biệt, mặc dù bên trong cùng một loài là *M. chalmersi*. Sự khác biệt được thể hiện trên cây quan hệ di truyền giữa các mẫu cá Bống suối đầu ngắn với một số loài tương đồng nhất trên GenBank được thể hiện trên Hình 6. Việc so sánh với cơ sở dữ liệu trên GenBank nhằm mục đích cho một kết quả tham khảo với nhóm loài tương đồng nhất với trình tự truy vấn. Tuy nhiên, dựa vào kết quả BLAST không thể kết luận chính xác về loài. Với những trường hợp BLAST có độ bao phủ và tương đồng cao 99% cũng không thể suy ngược lại tên loài. Bởi kết quả BLAST chỉ hiển thị trình

tự tương đồng nhất mà trên GenBank hiện có và với những trình tự ở mức độ dưới loài, chỉ dựa trên vùng trình tự gen ty thể COI chưa đủ để kết luận. Do đó, qua tham khảo trên cơ sở dữ liệu GenBank chọn ra ba mẫu cùng loài để so sánh mức độ tương đồng trình tự vùng COI với cá Bống suối đầu ngắn Thái Nguyên và bốn loài chi khác để xác định mối quan hệ di truyền, xây dựng ma trận tương đồng, cây phát sinh loài và phân loại. Đối với *M. chalmersi*, một số nghiên cứu ở Trung Quốc gần đây đã cho thấy loài này có sự đa dạng di truyền cao và có thể tồn tại các dòng di truyền khác nhau (Wang và cộng sự, 2019; Jiang và cộng sự, 2023). Kết quả này gợi ý rằng *M. chalmersi* có thể là một “phức hợp loài” (species complex) thay vì chỉ là một loài đơn lẻ. Điều này cần tiếp tục nghiên cứu vì kết quả cây quan hệ di truyền trên Hình 6 cũng cho thấy các mẫu cá Bống suối đầu ngắn tại Thái Nguyên tách riêng thành một nhánh độc lập với khoảng cách di truyền khoảng 5%.



Hình 6. Kết quả cây quan hệ di truyền giữa cá Bống suối đầu ngắn tại Thái Nguyên và các loài trên Ngân hàng gen quốc tế NCBI dựa trên trình tự đoạn gen COI

4. KẾT LUẬN

- Đã phân lập và giải trình tự nucleotide thành công hai đoạn gen là COI và 16S rDNA của loài Cá bống suối đầu ngắn tại tỉnh Thái Nguyên.

Các trình tự này được đăng ký thành công trên GenBank với các mã số lần lượt là PX421032, PX421033, PX421034, PX421035 và PX415244, PX415245, PX415246, PX415247, PX415248.

- Phân loại cá Bống suối đầu ngắn tại tỉnh Thái Nguyên dựa trên trình tự 16S rDNA cho thấy độ tương đồng cao nhất với loài *Microdous chalmersi* trên Ngân hàng gen quốc tế; còn trình tự COI cho thấy các mẫu Cá bống nghiên cứu có khoảng cách di truyền 5% so với loài cá bống suối đầu ngắn trên GenBank.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

[1]. Phan Văn Mạch (2010). Đa dạng thành phần loài cá nước ngọt ở miền Bắc Việt Nam. Tạp chí Sinh học. 32(2): 67-75.

[2]. Mai Đình Yên (1978). Định loại cá nước ngọt miền Bắc Việt Nam. NXB Khoa học và Kỹ thuật.

[3]. Nguyễn Văn Hảo (2005). Cá nước ngọt Việt Nam. NXB Nông nghiệp.

[4]. Paul DN Hebert, Alina Cywinska, Shelley L Ball & Jeremy R DeWaard (2003). Biological identifications through DNA barcodes. Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences 270(1512): 313-321.

[5]. Robert D Ward, Tyler S Zemlak, Bronwyn H Innes, Peter R Last & Paul DN Hebert (2005). DNA barcoding Australia's fish species. Philosophical transactions of the royal society B: biological sciences 360(1462): 1847-1857.

[6]. Constantina Sarri, Costas Stamatis, Theologia

Sarafidou, Ioanna Galara, Vassilis Godosopoulos, Mathaios Kolovos, Constantina Liakou, Spyros Tastsoglou & Zisis (2014). A new set of 16S rRNA universal primers for identification of animal species. Food Control. 43: 35-41.

[7]. Conggang Wang, Man Zhang, Guangping Cheng & Xiuli Chen (2019). The complete mitochondrial genome of *Microdous chalmersi* (Gobiiformes: Odontobutidae). Mitochondrial DNA Part B. 4(1): 1979-1980.

[8]. Lei Jiang, Mingwei Zhou, Kishor Kumar Sarker, Junman Huang, Wenjun Chen & Chenhong Li (2023). Mitochondrial genome uncovered hidden genetic diversity in *Microdous chalmersi* (Teleostei: Odontobutidae). Fishes. 8(5): 228.

[9]. Hui Li, Jiaqi Kong, Ruibin Xie, Wenjie Yu & Ailiang Chen (2022). Comparative rapid identification of *Salmo salar*, *Oncorhynchus mykiss*, and *Oncorhynchus keta* components based on loop-mediated isothermal amplification and quantitative polymerase chain reaction. Aquaculture. 550: 737835.

[10]. Tom A Hall (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Nucleic acids symposium series. Oxford. 95-98.

[11]. Sudhir Kumar, Glen Stecher & Koichiro Tamura (2016). MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. Molecular biology & evolution. 33(7): 1870-1874.