

Khám phá đa dạng sinh học cá bản địa cao nguyên Lang Biang, Việt Nam qua nguồn gốc và phân bố loài

Hoàng Đức Huy^{1,2,*}, Phạm Mạnh Hùng^{1,2}, Trần Trọng Ngân^{1,2}, Trần Châu Bảo Trâm^{1,2},
Đỗ Trần Phương Ánh^{1,2}, Trang Thanh Hoàng^{1,2}

TÓM TẮT

Cá nước ngọt bản địa là nguồn protein và đối tượng câu cá giải trí quan trọng cho người Việt Nam nhưng ít được biết đến trên cao nguyên Lang Biang. Điều này xuất phát từ việc thiếu các khảo sát trước đây và chưa thống nhất về hệ thống phân loại cá ở Việt Nam, dẫn đến khó khăn trong việc nhận dạng chính xác các loài. Khảo sát này được thực hiện từ năm 2011 đến 2022 tại thượng nguồn các phụ lưu sông Mê Kông, Đồng Nai và những lưu vực lân cận. Các loài cá được định loại và suy luận quan hệ phát sinh, dựa vào phương pháp hình thái và sinh học phân tử. Các mối quan hệ phát sinh và tiến hóa được xây dựng từ dữ liệu của nghiên cứu này và dữ liệu phát sinh cá toàn cầu, từ đó suy luận ra các yếu tố giới hạn của các vùng phân bố. Kết quả ghi nhận được 55 loài cá bản địa thuộc 47 giống, 22 họ và bảy bộ từ 444 mẫu cá, thu nhận tại các vị trí khảo sát. Bộ cá Chép (Cyprinidae) là bộ cá có sự đa dạng loài cao nhất với 37 loài (chiếm 67%). Về địa lý sinh vật, có ba hệ cá ở cao nguyên Lang Biang lần lượt liên quan đến vùng sinh thái nước ngọt Kratie–Stung Treng, châu thổ Mê Kông và Nam Trường Sơn. Mặc dù số lượng loài cá bản địa không cao nhưng có tính đặc hữu cao (7 loài, khoảng 13%). Các loài này sống ở thủy vực vùng núi, với nước ghềnh thác với nền đá tảng, nước chảy nông với nền đá cuội, và nước tĩnh ở vùng sâu, có thân dẹp, lưng bụng thuôn dài, thích nghi với nước chảy, độ oxygen hoà tan cao.

Từ khoá: cá bản địa nước ngọt, phả hệ sinh, tính đặc hữu, vùng sinh thái nước ngọt

¹Khoa Sinh học và Công nghệ Sinh học, Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, TP. Hồ Chí Minh, Việt Nam;

²Đại học Quốc Gia TP. Hồ Chí Minh, Việt Nam

Liên hệ

Hoàng Đức Huy, Khoa Sinh học và Công nghệ Sinh học, Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, TP. Hồ Chí Minh, Việt Nam;

Đại học Quốc Gia TP. Hồ Chí Minh, Việt Nam

Email: hduy@hcmus.edu.vn

Lịch sử

- Ngày nhận: 10-5-2023
- Ngày chấp nhận: 19-3-2024
- Ngày đăng: 31-3-2024

DOI:

<https://doi.org/10.32508/stdjns.v8i1.1292>



Bản quyền

© ĐHQG TP.HCM. Đây là bài báo công bố mở được phát hành theo các điều khoản của the Creative Commons Attribution 4.0 International license.



MỞ ĐẦU

Cao nguyên Lang Biang phía nam tây nguyên, là bình sơn nguyên¹, có địa hình núi từ mức trung bình đến cao, cao độ 1.000–2.287 m, có diện tích khoảng 1.080 km². Lang Biang có tuổi lâu đời và tương đối ổn định, được hình thành cùng với sự nâng lên của các cao nguyên dãy Trường Sơn từ đầu Kỷ Đệ Tứ. Lang Biang được bao phủ bởi thảm thực vật thường xanh, điển hình là rừng lá rộng theo mùa, có mức độ đa dạng sinh học cao trong vùng khí hậu nhiệt đới Tây Nguyên, và là đầu nguồn của các phụ lưu Krông Pach, Krông Nô của sông Mê Kông và Đạ Nhim–Đạ Đờng–Đồng Nai¹. Do lượng mưa trong địa hình cao và dốc, khu vực này có nhiều sông suối, có tiềm năng phát triển năng lượng nhờ dòng chảy. Sự phát triển kinh tế nhanh chóng trong khu vực, đặc biệt là hoạt động khai thác mỏ, phát triển thủy điện, xây dựng các nông trang và các trại nuôi cá nước lạnh du nhập trên các sông, suối v.v., là những nguyên nhân gây ô nhiễm, xáo trộn và suy thoái môi trường thủy sinh². Những yếu tố này đã trở thành những mối đe dọa lớn đối với tài nguyên thủy sinh.

Để có cơ sở khoa học cho những kế hoạch quản lý tổng hợp trong tương lai, cần biết những loài cá bản

địa nào sinh sống ở cao nguyên Lang Biang, đặc biệt tại hai lưu vực chính là phụ lưu Mê Kông và Đồng Nai. Các công việc cần thiết để thực hiện là tổng quan tài liệu, khảo sát thực địa, phân tích tại phòng thí nghiệm để phân loại các loài cá và xác định nguồn gốc phân bố của chúng. Năm 2001, Nguyễn Thị Thu Hà³ đã khảo sát cơ bản về số loài cá trên khu vực Tây Nguyên–Nam Trung Bộ và công trình khảo sát cá tại Vườn quốc gia Chư Yang Sin (2010)⁴ đã cung cấp danh lục các loài và so sánh các khu hệ cá với nhau. Tuy nhiên, ở hai công trình kể trên, nhiều loài cá vẫn chưa được phân loại rõ ràng. Hoàng Đức Huy và cs. (2022a, b) đã làm rõ phân loại, mối quan hệ phát sinh và phân bố các loài cá từ các khu vực sinh thái nước ngọt Kratie–Stung Treng, Châu thổ Mê Kông và sông Sài Gòn–Đồng Nai ở Việt Nam^{5,6}. Các nghiên cứu này đã cung cấp thông tin về sự đa dạng và phát sinh của các loài cá ở hệ thống sông Srê Pôk và Sài Gòn–Đồng Nai, nhưng đặc điểm khu hệ cá ở cao nguyên Lang Biang vẫn còn thiếu các phân tích cụ thể về mặt đa dạng loài, phả hệ sinh và thích nghi sinh thái. Bên cạnh đó khu hệ cá ở các phụ lưu Krông Pach, Krông Nô và Đạ Nhim–Đạ Đờng thuộc Cao nguyên Lang Biang vẫn chưa được biết đến. Từ năm 2011 đến 2022, Phòng thí nghiệm Động vật học, Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, Đại học

Trích dẫn bài báo này: Hoàng D.H., Phạm M.H., Trần T.N., Trần C.B.T., Đỗ T.P.A., Trang T.H. **Khám phá đa dạng sinh học cá bản địa cao nguyên Lang Biang, Việt Nam qua nguồn gốc và phân bố loài.** *Sci. Tech. Dev. J. - Nat. Sci.* 2024; 8(1):2851-2860.

Quốc gia Thành phố Hồ Chí Minh, đã khảo sát các khu hệ cá nước ngọt tại bảy địa điểm ở cao nguyên Lang Biang gồm các phụ lưu Krông Pach, Krông Nô của sông Mê Kông và Đa Nhim–Đạ Đờng–Đông Nai thuộc các tỉnh Đắk Lắk, Lâm Đồng và Ninh Thuận. Khảo sát nhằm mục tiêu cung cấp thông tin về đa dạng loài, phả hệ sinh, nguồn gốc và sinh thái của các loài cá tại cao nguyên Lang Biang. Đây là dữ liệu cơ bản để có thể xây dựng kế hoạch quản lý, theo dõi sức khỏe hệ sinh thái nước ngọt, bảo tồn và phát triển tài nguyên đa dạng sinh học.

PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

Phạm vi nghiên cứu

Khảo sát khu hệ cá được thực hiện tại các phụ lưu suối và sông chính ở cao nguyên Lang Biang: sông Krông Nô và Đa Nhim–Đạ Đờng ở tỉnh Lâm Đồng, hai phụ lưu lân cận cao nguyên là Krông Pach ở tỉnh Đắk Lắk và sông Tô Hạp ở tỉnh Ninh Thuận, trong khoảng thời gian từ năm 2011 đến năm 2022 (Bảng 1, Hình 1). Vị trí khảo sát là các dòng chảy từ cấp 1 đến cấp 5, được phân loại theo Hauer & Lamberti (2007)⁷, và được lựa chọn đại diện đầy đủ cho các đặc điểm ảnh hưởng đến sự phân bố cá: tốc độ dòng chảy, độ rộng thủy vực, độ che phủ, nền đáy: bùn/đất sét; cát; đá cuội/sỏi; đá hộc; đá tảng, dạng thực vật ven bờ. Các sinh cảnh thu mẫu cá đặc trưng của vùng núi cao bao gồm: thác ghềnh, nước chảy mạnh, nước chảy chậm và ven bờ⁷ (Hauer & Lamberti 2007).

Thu mẫu và phân loại hình thái

Mẫu vật được thu thập bằng cách tham gia cùng ngư dân, sử dụng các loại ngư cụ lưới kéo, chài, và vợt tùy theo sinh cảnh khảo sát. Mẫu vật thu thập được đeo nhãn có ghi rõ thời gian, địa điểm thu mẫu. Một phần mẫu vây cá được cắt từ vây bụng hoặc vây ngực và lưu trữ trong ethanol 99%. Các mẫu cá được xử lý ngay sau khi thu để đảm bảo tình trạng còn tươi với màu sắc của các vây và vẩy không bị biến đổi, cố định các vây bằng dung dịch formalin trong 5 phút, sau đó mẫu cá được chụp hình. Cá được định hình trong formaline 10% (các mẫu cá dài >15 cm được tiêm formaline 10% vào xoang bụng), bảo quản bằng ethanol 80%, sau đó đưa về phòng thí nghiệm phân tích. Các chỉ tiêu hình thái cá được phân tích theo Rainboth (1996)⁸ bao gồm các số đo (đầu, thân, vây), số đếm của tia vây và vẩy (đường bên, trước vây lưng, ngang thân, quanh cuống đuôi), và vị trí các vây so với nhau. Các loài cá được định danh bằng các khóa phân loại của Rainboth (1996)⁸, Kottelat (2001)⁹⁻¹¹, Rainboth và cs. (2012)¹², Trần Đức Định và cs. (2013)¹³. Các mẫu cá sau khi phân tích được lưu giữ tại Phòng thí

nghiệm Động vật thuộc Bộ môn Sinh thái và Sinh học Tiến hóa, trường Đại học Khoa học Tự nhiên - Đại học Quốc gia Thành phố Hồ Chí Minh.

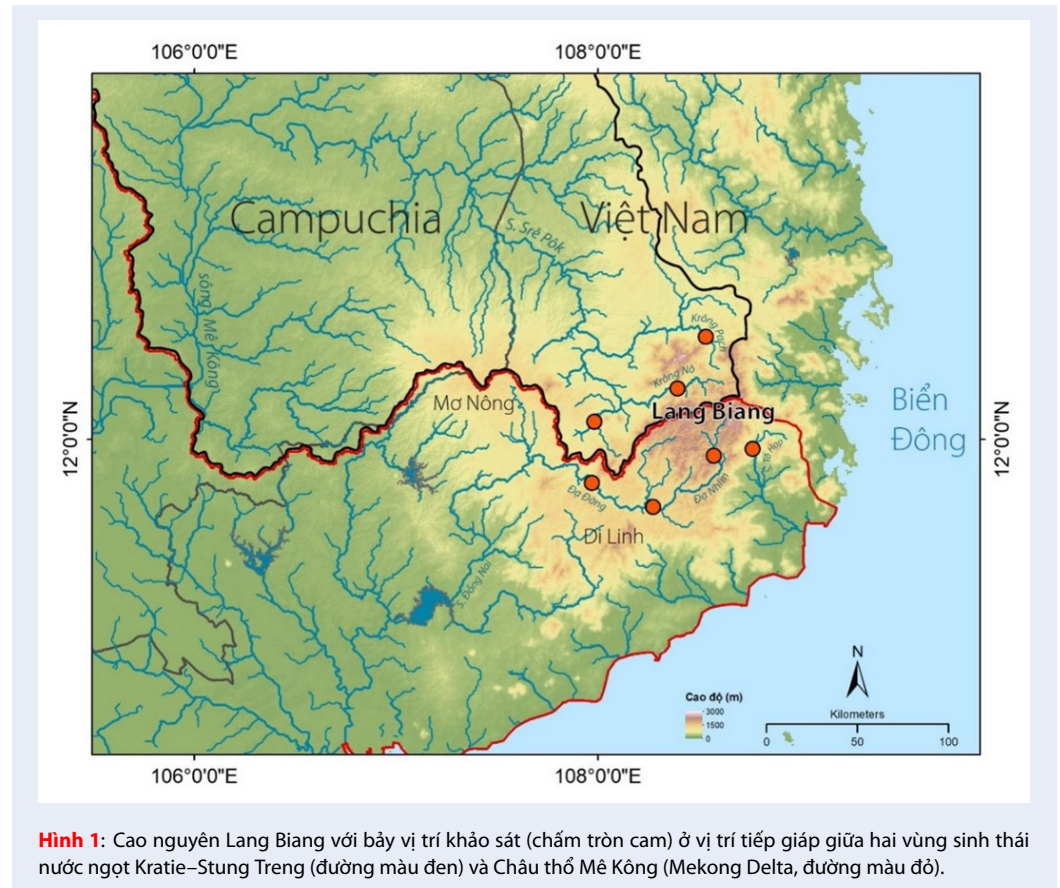
Phân tích sinh học phân tử

Các mẫu cá chưa xác định được loài bằng hình thái được phân tích sinh học phân tử để xác định. DNA từ mẫu vây cá được tách chiết bằng bộ kit E.Z.N.A tissue DNA (Omega BIO-TEK). Trình tự DNA vùng gen COI (Cytochrome c oxidase subunit I, khoảng 650 bp) của DNA ty thể được khuếch đại sử dụng cặp mồi FishF1F2 và FishR1¹⁴. Thành phần phản ứng PCR (40 μ L): 16 μ L nước cất, 20 μ L dung dịch 2X Tools Taq PCR Master Mix, 0,6 μ L mỗi ngược, 0,6 μ L mỗi xuôi, 0,8 BSA 2%, 2 μ L DNA tổng. Chu trình nhiệt của phản ứng PCR: (1) Biến tính DNA tổng (92°C trong 3 phút); (2) Mỗi bắt cặp với DNA tổng và khuếch đại trình tự DNA mục tiêu (92°C trong 45 giây, 52 °C trong 45 giây và 72°C trong 1 phút, được lặp lại 35 lần); (3) Tổng hợp trình tự DNA mục tiêu (72°C trong 5 phút). Sản phẩm PCR được tinh sạch sử dụng CleanPCR kit (Proteogene, Saint-Marcel, France). Giải trình tự Sanger được thực hiện bởi công ty 1st BASE. Các tệp trình tự ABI xuôi và ngược được kiểm tra, đối chiếu và hiệu chỉnh thủ công dựa vào đồ thị Chromatogram trên phần mềm Chromas 2.6 (<https://technelysium.com.au/>). Tất cả trình tự được đóng thẳng hàng/cột bằng chức năng ClustalX và được chỉnh sửa thủ công trên phần mềm MEGA 7¹⁵.

Thiết lập mối quan hệ phát sinh các loài cá dựa trên dữ liệu trình tự gene ty thể COI, Cytochrome b, 16S rRNA, ATPase6-8 và gene nhân RAG1, kết hợp với dữ liệu được kế thừa từ các nghiên cứu tiến hóa các loài cá của Betancur và cs. (2017)¹⁶, Hughes và cs. (2018)¹⁷, Yang và cs. (2012, 2015)^{18,19}, Stout và cs. (2016)²⁰, Tang và cs. (2013)²¹, Zheng và cs. (2019)²², Kappas và cs. (2016)²³, Rüber và cs. (2006, 2020)^{24,25} và Jeon và cs. (2021)²⁶. Mô hình tiến hóa phù hợp nhất của các trình tự được xác định dựa vào tiêu chí Bayesian Information Criterion (BIC), lựa chọn mô hình có điểm số BIC thấp nhất trên phần mềm jModeltest v3.7²⁷. Cây phả hệ sinh được xây dựng dựa trên phương pháp Maximum Likelihood 100 lần thực hiện độc lập ngẫu nhiên với bootstrap 1000 lần lặp lại, thực hiện trên phần mềm raxmlGUI v. 1.3²⁸. Cây phả hệ sinh được hiệu chỉnh bằng phần mềm TreeGraph v. 2.0.47²⁹. Diễn giải về nguồn gốc và thời gian phát sinh các loài cá dựa trên dữ liệu tích hợp từ kết quả phân tích nghiên cứu này và các kết quả về phát sinh các bộ cá Vây tia của Betancur và cs. (2017)¹⁶, Hughes và cs. (2018)¹⁷, Yang và cs. (2012, 2015)^{18,19}, Stout

Bảng 1: Vị trí khảo sát và số mẫu cá phân tích từ cao nguyên Lang Biang

Vị trí khảo sát (số lượng mẫu cá)	Tọa độ
Krông Pach, Krông Nô–Srê Pôk–Mê Kông (252)	12°15'18.3"N 108°39'48.8"E, 12°11'02.9"N 108°06'48.6"E, 12°29'23.7"N 108°20'34.4"E
Đạ Nhim–Đạ Đờng–Đổng Nai (163)	12°11'15.1"N 108°41'28.9"E, 11°39'42.6"N 108°17'17.5"E, 11°52'04.3"N 107°48'54.1"E
Sông Tô Hạp (29)	11°59'23.4"N 108°46'12.5"E



Hình 1: Cao nguyên Lang Biang với bảy vị trí khảo sát (chấm tròn cam) ở vị trí tiếp giáp giữa hai vùng sinh thái nước ngọt Kratie–Stung Treng (đường màu đen) và Châu thổ Mê Kông (Mekong Delta, đường màu đỏ).

và cs. (2016)²⁰, Tang và cs. (2013)²¹, Zheng và cs. (2019)²², Kappas và cs. (2016)²³, Rüber và cs. (2006, 2020)^{24,25} và Jeon và cs. (2021)²⁶. Nguồn gốc tiến hóa của các loài cá được suy luận từ các dữ liệu nghiên cứu của Berra (2001)³⁰, và phân loại sinh thái các loài cá theo Briggs (2005)³¹ và Helfman (2009)³².

KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Đa dạng loài, quan hệ phát sinh và nguồn gốc

Từ kết quả thu được 444 mẫu cá, khảo sát đã ghi nhận 55 loài, 47 giống, 22 họ và 7 bộ (Bảng 2). Bộ cá chép Cypriniformes có độ đa dạng cao nhất với 7 họ, trong đó họ cá chép Cyprinidae có 37 loài cá

được ghi nhận. Các loài cá ghi nhận trong nghiên cứu này tương đồng với nghiên cứu cá bản địa phụ lưu sông Mê Kông và Sài Gòn–Đổng Nai của Hoàng Đức Huy và cs. (2022a, b)^{5,6}. Về mặt phân loại, trong số 55 loài cá ghi nhận được ở cao nguyên Lang Biang, có bốn loài có đặc điểm hình thái tương tự với loài gần nhất nhưng khác biệt trong trình tự gene COI. Bao gồm các loài *Nemacheilus* aff. *longistriatus* khác biệt với trình tự *N. longistriatus* (GenBank - MG238135) 1,5%; *Devario* aff. *gibber* khác biệt với trình tự *D. gibber* (GenBank - MF172769) 2,2%; *Clarias* aff. *batrachus* khác biệt với trình tự *C. batrachus* (GenBank - MK577976) 2,1%; *Channa* aff. *striata* khác biệt với trình tự *C. striata* (GenBank -

Bảng 2: Các loài cá ghi nhận ở Cao nguyên Lang Biang

Bộ	Họ	Loài
Osteoglossiformes	Notopteridae	<i>Notopterus notopterus</i>
Cypriniformes	Gyrinocheilidae	<i>Gyrinocheilus aymonieri</i> ‡
	Botiidae	heo vạch đen <i>Ambastaia nigrolineata</i> *
	Cobitidae	cá khoai <i>Acanthopsis rungthipae</i> *, cá rế tre <i>Lepidocephalichthys hasselti</i> , cá chạch bùn <i>Misgurnus anguillicaudatus</i>
	Nemacheilidae	<i>Nemacheilus</i> aff. <i>longistriatus</i> *, <i>Schistura dalatensis</i> ‡, <i>S. namboensis</i> ‡, <i>S. nasifilis</i> , <i>S. yersini</i> ‡
	Gastromyzontidae	bám đá trung bộ <i>Annamia</i> aff. <i>normani</i> ‡
	Cyprinidae	đá rần <i>Ceratogarra cambodgiensis</i> ‡, sứt mũi <i>Garra cyrano</i> ‡, trôi trắng mê kông <i>Cirrhinus prosemon</i> , mo sừng <i>Lobocheilos</i> ‡, chuẩn nút <i>Crossocheilus reticulatus</i> ‡, linh rìa <i>Labiobarbus leptocheilus</i> , lúi <i>Osteochilus vittatus</i> , <i>Cyprinus rubrofuscus</i> ‡, srang <i>Onychostoma krongnoense</i> *, <i>O. meridionale</i> , ngựa xám <i>Tor tambra</i> ‡, ngựa mê kông <i>T. sinensis</i> *, me <i>Neolissochilus stracheyi</i> ‡, râm đất <i>Barbodes aurotaeniatus</i> , ngựa đỏ <i>Hampala macrolepidota</i> ‡, hột mít <i>Puntius brevis</i> , đỏ mang <i>Systemus rubripinnis</i> , cóc đậm <i>Cyclocheilichthys apogon</i> , hồng nhau <i>Poropuntius deauratus</i> ‡, vảy xước <i>Mystacoleucus obtusirostris</i>
	Danionidae	lòng tong bay <i>Esomus metallicus</i> ‡, lòng tong pavié <i>Rasbora paviana</i> , xâm sét <i>Opsarius pulchellus</i> *, <i>Raiamas guttatus</i> *, <i>Devario</i> aff. <i>gibber</i> *
Siluriformes	Xenocyprinidae	cá tép dầu <i>Toxabramis houdemeri</i> *
	Clariidae	trê trắng <i>Clarias</i> aff. <i>batrachus</i> ‡
	Bagridae	lăng vàng <i>Hemibagrus spilopterus</i> *
Gobiiformes	Sisoridae	<i>G. porrectus</i> ‡, <i>G. longinema</i> ‡, <i>G. macromaculatus</i> *
	Oxudercidae	bống suối <i>Papuligobius ocellatus</i>
Synbranchiformes	Mastacembelidae	chạch bông <i>Mastacembelus favus</i> ‡
	Synbranchidae	lươn <i>Monopterus javanensis</i> ‡
Anabantiformes	Pristolepidae	<i>Pristolepis fasciata</i> *
	Channidae	lóc vằn <i>Channa</i> aff. <i>striata</i> ‡, lóc suối, tràu chó <i>Ch. limbata</i> ‡
	Osphronemidae	sắt chằm <i>Trichopodus trichopterus</i> ‡, bã tràu <i>Trichopsis vittatus</i> ‡
	Anabantidae	<i>Anabas testudineus</i> ‡
Beloniformes	Adrianichthyidae	<i>Oryzias haugiensis</i>
	Belonidae	<i>Xenentodon canciloides</i> ‡
	Hemiramphidae	<i>Dermogenys siamensis</i> ‡

Ghi chú: Các loài chỉ xuất hiện ở sông Đa Nhim–Đồng Nai có 15 loài, các loài chỉ xuất hiện ở sông Krong Kmar–Krong Nô–Sre Pok có 12 loài (dấu *), và các loài xuất hiện ở cả hai lưu vực có 28 loài (dấu ‡)

MW627474) 1,8%. Một loài *Annamia* aff. *normani* có hình thái gần nhất với *A. normani* nhưng chưa thể kết luận loài vì dữ liệu gene COI của loài này chưa được cung cấp ở GenBank. So sánh với nghiên cứu của Hoàng Đức Huy và cs. (2022a, b) ở cao nguyên Lang Biang, họ cá chạch đá Nemacheilidae với 5 loài và phân họ cá trôi Labeoninae với 7 loài chiếm số loài cao nhất trong bộ cá chép Cypriniformes, các họ trong bộ cá da trơn Siluriformes, bống Gobiiformes, mang dính Synbranchiformes, rô đồng Anabantiformes thì có số loài thấp hơn.

Mối quan hệ phát sinh các họ cá ghi nhận ở Cao nguyên Lang Biang được thể hiện ở Hình 2. Phân lớp cá xương thật Teleostei tiến hóa nhóm họ cá có đầu dạng lưới xương Osteoglossocephalai ở cuối kỷ Permi (250 Ma). Đầu kỷ Tam điệp (Trias, 240 Ma), nhóm họ Osteoglossocephalai tiến hóa ra nhóm họ gần là Osteoglossomorpha. Osteoglossomorpha là một nhóm còn nguyên thủy có bộ Lưới xương Osteoglossiformes. Sau đó, phát sinh ra hai nhóm Otophysa và Percomorphaceae (dạng vược). Nhóm Otophysa gồm hai bộ: cá chép Cypriniformes và cá da trơn Siluriformes, là các nhóm cá nước ngọt có phát sinh cách đây khoảng 150 Ma. Nhóm Dạng vược Percomorphaceae gồm các nhánh tiến hóa chiếm lĩnh môi trường sống gần đáy biển nông, thích ứng những lưu vực có triều cường thay đổi độ mặn như bộ cá bống Gobiiformes, nhánh tiến hóa có cơ quan hô hấp phụ sống ở vùng nước ngọt tĩnh và dầm lầy ít oxygen như bộ cá Synbranchiformes, và Rô đồng Anabantiformes. Cuối cùng, nhóm cá có nguồn gốc từ biển là nhánh tiến hóa đẻ trứng dính nền đáy gồm có bộ cá Nhái Beloniformes (khoảng 70 Ma). Kết quả quan hệ phát sinh các loài cá phù hợp với nghiên cứu của Hoàng Đức Huy và cs. (2022)^{5,6} ở các phụ lưu sông Mê Kông thuộc Việt Nam.

Khu hệ cá ở cao nguyên Lang Biang chủ yếu là các loài cá otophysan gồm hai bộ cá chép Cypriniformes và cá da trơn Siluriformes với 42 loài (76%) trong số 55 loài (Hình 2). Ghi nhận này cũng tương thích với các nghiên cứu trước đây, Rainboth và cs. (2012), Hoàng Đức Huy và cs. (2022) cũng đã ghi nhận nhóm cá otophysan chiếm ưu thế ở sông Mê Kông với khoảng 657 loài (60%) trong số khoảng 1100 loài^{5,6,12}. Otophysan cũng là nhóm được ghi nhận chiếm ưu thế trên tất cả các lục địa ngoại trừ Australia và Nam Cực^{3,4,18}. Hai bộ cá chép và cá da trơn có những đặc điểm giúp thích nghi với môi trường sông suối, thường xuyên đục, nhiều sóng xoáy, có biến động hóa học và nhiệt độ^{5,6,35}. Trong đó, cấu trúc một chuỗi xương kết nối bóng bơi với tai trong (cấu trúc Weberia) giúp chúng có thính giác nhạy bén, đặc biệt hữu ích khi ở trong môi trường nước đục hoặc vào ban đêm.

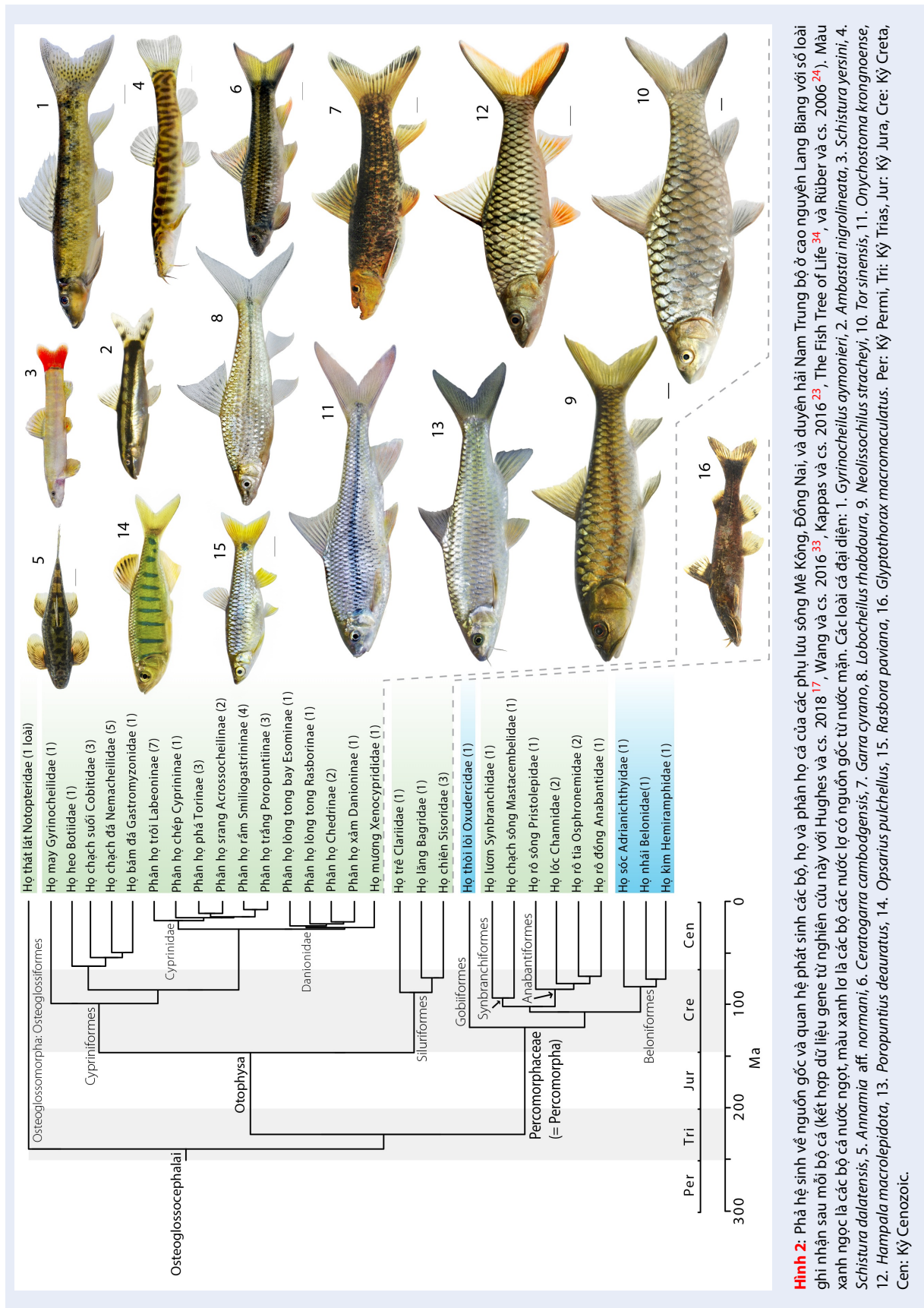
Dựa vào lịch sử tiến hóa của các loài cá theo Berra (2001)³⁰, hệ cá sông suối cao nguyên Lang Biang có nguồn gốc:

- Nguyên sinh (Primary) cá có lịch sử tiến hóa lâu đời trong nước ngọt. Gồm các họ cá thuộc các bộ thát lát Osteoglossiformes, chép Cypriniformes, da trơn Siluriformes, mang liền Synbranchiformes, và rô đồng Anabantiformes.
- Thứ sinh (Secondary) một số loài nước ngọt có nguồn gốc từ họ hàng có khả năng chịu mặn. Gồm các họ cá thuộc bộ cá nhái Beloniformes.
- Ngoại sinh (Peripheral) loài từ các họ ở biển nhưng có một khoảng thời gian hoặc sống hoàn toàn ở trong nước ngọt. Gồm họ cá thuộc bộ bống Gobiiformes.

Trong 55 loài của khu hệ cá ở cao nguyên Lang Biang được phân thành bốn nhóm chính: (a) Nhóm nguồn gốc từ Mê Kông có 40 loài; (b) Nhóm nguồn gốc từ sông Hồng có 2 loài là cá chạch bùn, *Misgurnus anguillicaudatus* và cá tép đầu *Toxabramis houdemeri*; (c) Nhóm đặc hữu cho cao nguyên Lang Biang có 7 loài bao gồm loài cá srang *Onychostoma krognense* có nguồn gốc phát sinh từ sông Mê Kông và 6 loài từ sông Hồng, trong đó có 1 loài cá chạch đá *Nemacheilus* aff. *longistriatus*, 4 loài cá chạch đá *Schistura* (*S. dalatensis*, *S. namboensis*, *S. nasifilis*, *S. yersini*), và 1 loài cá vây bằng *Annamia* aff. *normani*; (d) Nhóm ngoại sinh từ biển bắt gặp 6 loài di chuyển vào sinh sống ở nước ngọt, trong đó có 1 loài cá bống *Papuligobius ocellatus*, 1 loài cá sóc *Oryzias haugiangensis*, 1 loài cá nhái *Xenentodon cancilooides* và 1 loài lim kim *Dermogenys siamensis*.

Ghi nhận này tương đồng với kết quả điều tra của Hoàng Đức Huy và cs. (2022a, b).

Các loài cá trong các lưu vực sông Cao nguyên Lang Biang thuộc hệ cá vùng sinh thái Kratie–Stung Treng và châu thổ Mê Kông. Theo Rainboth (1996), sông Đông Nai có sự kết nối với các phụ lưu sông Mê Kông trong quá khứ⁸. Sự tách rời hai dòng sông Krông Nô và Đa Nhim được cho là kết quả của sự nâng lên mạnh mẽ và xuất hiện nhiều đứt gãy vào đầu kỷ Đệ Tứ của địa khối cổ Kon Tum, làm cho Lâm Đồng được nâng lên khá cao; đồng thời, trong tân kiến tạo đã phát sinh nhiều đứt gãy hướng Tây Bắc–Đông Nam Việt Nam, làm sụp vông phần Tây Nam hình thành đồng bằng Cửu Long thấp hơn nhiều so với vùng núi Tây Nguyên¹². Kết quả về sự giống nhau của hệ cá cao nguyên Lang Biang với khu hệ cá thuộc các vùng cao nguyên lân cận thuộc dãy Trường Sơn và vùng châu thổ Mê Kông phản ánh từ quá trình vận hành địa chất của địa khối cổ Kon Tum trong đầu kỷ Đệ Tứ. Điều



Hình 2: Phân hệ sinh về nguồn gốc và quan hệ phát sinh các bộ, họ và phân họ cá của các phụ lưu sông Mê Kông, Đồng Nai, và duyên hải Nam Trung bộ ở cao nguyên Lang Biang với số loài ghi nhận sau mỗi bộ cá (kết hợp dữ liệu gene từ nghiên cứu này với Hughes và cs. 2016¹⁷, Wang và cs. 2016³³, Kappas và cs. 2016²³, The Fish Tree of Life³⁴, và Rüber và cs. 2006²⁴). Màu xanh ngọc là các bộ cá nước ngọt, màu xanh lơ là các bộ cá nước lợ và các bộ cá nước mặn. Các loài cá đại diện: 1. *Gyrinocheilus aymonieri*, 2. *Ambastai nigrolineata*, 3. *Schistura yersini*, 4. *Schistura dalatensis*, 5. *Annamia aff. normani*, 6. *Ceratogarra cambodgensis*, 7. *Garra cyrano*, 8. *Lobocheilus rhabdoura*, 9. *Neolissochilus stracheyi*, 10. *Tor sinensis*, 11. *Onychostoma krungoense*, 12. *Hampala macrolepidota*, 13. *Poropuntius deauratus*, 14. *Opsarius pulchellus*, 15. *Rasbora paviana*, 16. *Glyptothorax macromaculatus*. Per: Kỳ Permi; Tri: Kỳ Trias; Jur: Kỳ Jura; Cre: Kỳ Creta; Cen: Kỳ Cenozoic.

này cũng lý giải phần nào về sự hình thành loài đặc hữu của 6 trong 7 loài cá đặc hữu của cao nguyên Lang Biang có nguồn gốc từ Sông Hồng– những loài thích nghi đời sống bám đáy nơi nước chảy xiết độ dốc cao cũng phản ánh sự kết nối trong quá khứ với hệ thống sông cổ sông Hồng – Anh Ca. Kết quả này cũng mang tính tương đồng và phù hợp với các lý giải của các nhà địa lý sinh vật về sự phân bố của các loài cá trong tự nhiên^{8,36-39}.

Phân loại sinh thái

Các loài cá được ghi nhận phân bố ở ba dạng thủy vực đặc trưng: nước ghềnh thác với nền đá tảng, nước chảy cạn với nền đá cuội, nước tĩnh và vũng sâu với nền lắng vụn hữu cơ. Chúng có kích thước cơ thể 5–50 cm, có cấu tạo cơ thể thích nghi từ môi trường nước chảy mạnh ở các suối có độ dốc cao đến môi trường nước chảy chậm ở lưu vực lớn hạ nguồn. Theo các nghiên cứu trước đây, dựa vào đặc điểm cấu tạo miệng có thể xác định vị trí sinh sống của các loài cá trong lưu vực^{32,37}. Thêm vào đó, phả hệ sinh các loài cá (Hình 2) đã cho thấy quá trình tiến hóa và phân bố các nhóm cá trong môi trường thủy sinh. Trong bộ cá chép, các họ xuất hiện đầu tiên thích nghi với đời sống bám đáy như họ cá may Gyrinocheilidae, các vực sâu dưới ghềnh ở họ cá heo Botiidae, nền sỏi cát ở họ chạch suối Cobitidae, nền sỏi đá cuội ở họ chạch đá Nemacheilidae, nền sỏi đá ở họ bám đá Gastromyzonidae. Ba họ cá chép còn lại thích nghi với tầng gần đáy, giữa và tầng mặt trong lưu vực để tận dụng không gian sống rộng rãi hơn, trong đó các phân họ của họ cá chép Cyprinidae phân bố ở nhiều tầng nước từ gần đáy lên đến tầng giữa. Các phân họ của hai họ lòng tong Danionidae và cá mương Xenocyprinidae chiếm lĩnh tầng nước gần mặt từ sông đến các phụ lưu suối. Các sông suối ở cao nguyên Lang Biang với độ dốc cao nên các họ cá chạch đá Nemacheilidae sống đáy và phân họ cá trôi Labeoninae sống gần đáy xuất hiện nhiều loài lần lượt là 5 và 7 loài so với số loài của các họ cá khác trong khu hệ cá ở đây.

Trong bộ cá da trơn, họ trê Clariidae sống dưới đáy sông suối có các vũng sâu, nền lắng vụn hữu cơ, họ lăng Bagridae sống ở nền đá và họ chiên Sisoridae thì sống ở các nền đá sỏi. Hai bộ lươn và rô chiếm lĩnh những thủy vực nước đứng ven bờ có thảm thực vật rậm rạp. Trong đó, ở bộ mang liến thì họ lươn Synbranchidae sống ở đáy bùn trong các vũng, họ chạch Mastacembelidae thì len lỏi vào những hốc đá hay gốc cây. Ở bộ rô, họ rô sông Pristolepidae thích nghi việc di cư qua lại từ sông và suối. Để cạnh tranh nguồn thức ăn, hai họ chuyên săn mồi lớn ở họ lóc Chan-nidae, mỗi nhỏ ở họ rô Anabantidae và họ rô tia Os-phronemidae chuyển lên sống gần tầng mặt. Hai bộ

có nguồn gốc từ biển là bống và cá nhái: bộ bống sống đáy săn mồi với họ thòi lòi Oxudercidae và bộ cá nhái với các họ cá sóc Adrianichthyidae, cá nhái Belonidae và cá lim kim Hemiramphidae di chuyển lên tầng mặt sinh sống nhờ vào các vật rụng hữu cơ trôi nổi và còn trùng từ trên cạn rơi xuống.

KẾT LUẬN

Khu hệ cá cao nguyên Lang Biang được hình thành từ hai nguồn gốc riêng biệt: nhóm nước ngọt nguyên sinh từ sông Mê Kông, từ sông Hồng và nhóm nước ngọt nguồn gốc ngoại sinh từ Ấn Độ–Thái Bình Dương. Khảo sát này cho thấy khu hệ cá ở cao nguyên Lang Biang có 55 loài cá bản địa và đặc trưng của hai vùng sinh thái Kratie–Stung Treng và châu thổ Mê Kông. Các đặc điểm hình thái cho thấy hệ cá nơi đây có mức đa dạng hình thái phản ánh sự đa dạng môi trường sống trong các thủy vực. Các loài cá chủ yếu thích nghi với các thủy vực nước chảy, đặc trưng của hệ cá vùng núi cao, ghi nhận phân bố ở các dạng thủy vực: nước xoáy ghềnh thác với nền đá tảng; nước chảy cạn với nền đá cuội và nước chảy chậm ở vũng sâu có nền mảnh vụn hữu cơ. Có năm loài cá cần nghiên cứu mô tả đặt tên trong tương lai.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được tài trợ bởi Đại học Quốc gia Thành phố Hồ Chí Minh (ĐHQG-HCM) trong khuôn khổ Đề tài mã số GEN2019-18-01. Chúng tôi cảm ơn sự giúp đỡ từ các thành viên nhóm nghiên cứu Cá, Phòng thí nghiệm Động Vật, Bộ môn Sinh thái và Sinh học Tiến hóa, Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, Đại học Quốc gia TP. Hồ Chí Minh.

VẤN ĐỀ ĐẠO ĐỨC TRONG NGHIÊN CỨU TRÊN ĐỘNG VẬT

Được cấp giấy chấp thuận (cho phép) của Hội đồng đạo đức trong nghiên cứu trên động vật của Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, ĐHQG-HCM (ACUCUS).

DANH MỤC CÁC TỪ VIẾT TẮT

COI: mitochondrial cytochrome oxidase subunit 1

cs.: cộng sự

DNA: Deoxyribonucleic acid

XUNG ĐỘT LỢI ÍCH

Các tác giả đồng ý không có bất kỳ xung đột lợi ích nào liên quan đến các kết quả đã công bố.

ĐÓNG GÓP CỦA TÁC GIẢ

Hoàng Đức Huy, Phạm Mạnh Hùng, Trần Trọng Ngân, Trang Thanh Hoàng: tra cứu và tổng hợp tài liệu, thực nghiệm, phân tích và trình bày kết quả.
Phạm Mạnh Hùng, Trần Châu Bảo Trâm, Đỗ Trần Phương Ánh: phân tích sinh học phân tử.
Phạm Mạnh Hùng, Đỗ Trần Phương Ánh, Trang Thanh Hoàng: xử lý và trình bày hình ảnh.
Hoàng Đức Huy: lên ý tưởng và viết bản thảo.
Trần Trọng Ngân: kiểm tra cấu trúc, sửa và hoàn chỉnh bản thảo.
Tất cả tác giả chỉnh sửa và đồng thuận về bản thảo.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Nguyễn ĐH, Kuznetsov AN. Đa dạng sinh học và Đặc trưng sinh thái Vườn quốc gia Bidoup - Núi Bà. Nhà xuất bản Khoa học Tự nhiên và Công nghệ; 2011. 347 p;.
2. Sở kế hoạch và đầu tư tỉnh Lâm Đồng. Báo cáo tổng hợp quy hoạch tỉnh Lâm Đồng thời kỳ 2021-2030, tầm nhìn đến năm 2050. 2022;.
3. Nguyễn HTT. Điều tra khu hệ cá của sông suối Tây Nguyên [Luận án Tiến sĩ]. Đại học Quốc gia Hà Nội; 2000;.
4. Nguyễn HD. Đa dạng sinh học Vườn quốc gia Chư Yang Sin, Tỉnh Đắk Lắk, Việt Nam. BirdLife Quốc tế tại Đông Dương; 2010;.
5. Hoang DH, Pham MH, Tran TN. Nguồn gốc phát sinh và phân bố cá bản địa ở các phụ lưu sông Mê Kông, Việt Nam. Tạp chí Phát triển Khoa học và Công nghệ - Khoa học Tự nhiên. 2022;6(2):1956-69;.
6. Hoang DH, Pham MH, Tran TN. Nguồn gốc phát sinh và phân bố cá bản địa ở hệ thống sông Sài Gòn - Đồng Nai và các lưu vực phụ cận. Tạp chí Phát triển Khoa học và Công nghệ - Khoa học Tự nhiên. 2022;6(1):1915-32; Available from: <https://doi.org/10.58902/tcnckhpt.v1i1.1>.
7. Hauer FR, Lamberti GA. Methods in Stream Ecology. Academic Press is an imprint of Elsevier; 2007;.
8. Rainboth WL. Fishes of the Cambodian Mekong. FAO Species Identification Field Guide for Fishery Purposes. Food and Agriculture Organization. Rome, Italy: FAO; 1996. 265 p;.
9. Kottelat M. Fishes of Laos. Sri Lanka: WHT Publications (Pte) Ltd; 2001;.
10. Kottelat M. Fishes of the Xe Kong drainage in Laos, especially from the Xe Kaman. WWF; 2011;.
11. Kottelat M. The fishes of the inland waters of Southeast Asia: A catalogue and core bibliography of the fishes known to occur in freshwaters, mangroves and estuaries. Raffles Bulletin of Zoology. 2013; 27:1-663;.
12. Rainboth WJ, Vidhyanon C, Mai YD. Fishes of the Greater Mekong Ecosystem with Species List and Photographic Atlas. Ann Arbor, MI, USA: Miscellaneous Publications of the Museum of Zoology, University of Michigan; 2012. 294 p;.
13. Trần ĐĐ, Shibukawa K, Nguyễn TP, Hà PH, Trần XL, Mai VH. Mô tả định loại cá Đồng bằng sông Cửu Long, Việt Nam. Cần Thơ, Việt Nam: Nhà xuất bản Đại học Cần Thơ; 2013;.
14. Ward RD, Zemlak TS, Innes BH, Last PR, Hebert PDN. DNA barcoding Australia's fish species. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences. 2005; 360(1462):1847-57; PMID: 16214743. Available from: <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1716>.
15. Kumar S, Stecher G, Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. Molecular Biology and Evolution. 2016; 33(7):1870-4; PMID: 27004904. Available from: <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>.
16. Betancur-R R, Wiley EO, Arratia G, Acero A, Bailly N, Miya M, Phylogenetic classification of bony fishes. BMC Ecology and Evolution. 2017; 17(1):1-40; PMID: 28683774. Available from: <https://doi.org/10.1186/s12862-017-0958-3>.
17. Hughes LC, Ortí G, Huang Y, Sun Y, Baldwin CC, Arcila A. Comprehensive phylogeny of ray-finned fishes (Actinopterygii) based on transcriptomic and genomic data. Proceedings of the National Academy of Sciences. 2018; 115(24):6249-54; PMID: 29760103. Available from: <https://doi.org/10.1073/pnas.1719358115>.
18. Yang L, Arunachalam M, Sado T, Levin BA, Golubtsov AS, Freyhof J, et al. Molecular phylogeny of the cyprinid tribe Labeonini (Teleostei: Cypriniformes). Molecular Phylogenetics and Evolution. 2012; 65(2):362-79; PMID: 22728909. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2012.06.007>.
19. Yang L, Sado T, Vincent Hirt M, Pasco-Viel E, Arunachalam M, Li J. Phylogeny and polyploidy: Resolving the classification of cyprinine fishes (Teleostei: Cypriniformes). Molecular Phylogenetics and Evolution. 2015; 85:97-116; PMID: 25698355. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2015.01.014>.
20. Stout CC, Tan M, Lemmon AR, Lemmon EM, Armbruster JW. Resolving Cypriniformes relationships using an anchored enrichment approach. BMC Ecology and Evolution. 2016; 16(1):1-13; PMID: 27829363. Available from: <https://doi.org/10.1186/s12862-016-0819-5>.
21. Tang KL, Agnew MK, Hirt MV, Lumbantobing DN, Raley ME, Sado T, Limits and phylogenetic relationships of East Asian fishes in the subfamily Oxygastrinae (Teleostei: Cypriniformes: Cyprinidae). Zootaxa. 2013; 3681(2):101-35; Available from: <https://doi.org/10.11646/zootaxa.3681.2.1>.
22. Zheng LP, Chen XY, Yang JX. Molecular phylogeny and systematic revision of Bangana, sensu lato (Teleostei, Cyprinidae). Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research. 2019; 57(4):884-91; Available from: <https://doi.org/10.1111/jzs.12294>.
23. Kappas I, Vittas S, Pantartzis CN, Drosopoulou E, Scouras ZG. A time-calibrated mitogenome phylogeny of catfish (Teleostei: Siluriformes). PLoS One. 2016; 11(12):e0166988; PMID: 27907107. Available from: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0166988>.
24. Rüber L, Britz R, Zardoya R. Molecular phylogenetics and evolutionary diversification of labyrinth fishes (Perciformes: Anabantoidei). Systematic Biology. 2006; 55(3):374-97; PMID: 16861206. Available from: <https://doi.org/10.1080/10635150500541664>.
25. Rüber L, Tan HH, Britz R. Snakehead (Teleostei: Channidae) diversity and the Eastern Himalaya biodiversity hotspot. Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research. 2020;58(1):356-86; Available from: <https://doi.org/10.1111/jzs.12324>.
26. Jeon HB, Jun J, Choi SH, Suk HY. Diversification and colonization processes in Gobioidi predicted based on mitochondrial 12S rRNA with focusing on Oxudercidae. Mitochondrial DNA Part B: Resources. 2021;6(3):1166-72; PMID: 33829082. Available from: <https://doi.org/10.1080/23802359.2021.1901620>.
27. Posada D. jModelTest: Phylogenetic Model Averaging. Molecular Biology and Evolution. 2008; 25(7):1253-6; PMID: 18397919. Available from: <https://doi.org/10.1093/molbev/msn083>.
28. Edler D, Klein J, Antonelli A, Silvestro D. raxmlGUI 2.0: A graphical interface and toolkit for phylogenetic analyses using RAxML. Methods in Ecology and Evolution. 2021; 12(2):373-7; Available from: <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13512>.
29. Ben C Stöver, Kai F Müller. TreeGraph 2: combining and visualizing evidence from different phylogenetic analyses. BMC Bioinformatics. 2010; 11; Available from: <https://doi.org/10.1186/1471-2105-11-7>.
30. Berra TM. Freshwater Fish Distribution. San Diego, USA: Academic Press; 2001. 604 p;.
31. Briggs JC. The biogeography of otophysan fishes (Ostariophysi: Otophysi): a new appraisal. Journal of Biogeography. 2005; 32(2):287-94; Available from: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2004.01170.x>.
32. Helfman GS. The diversity of Fishes, Biology, Evolution, and Ecology. Wiley-Blackwell; 2009. 720 p;.

33. Wang X, Gan X, Li J, Chen Y, He S. Cyprininae phylogeny revealed independent origins of the Tibetan Plateau endemic polyploid cyprinids and their diversifications related to the Neogene uplift of the plateau. *Science China Life Sciences*. 2016; 59(11):1149-65; PMID: 27646682. Available from: <https://doi.org/10.1007/s11427-016-0007-7>.
34. Jonathan Chang. *The Fish Tree of Life*. 2023; Available from: <https://fishtreeoflife.org/>.
35. Moyle PB, Cech JJ. *Fishes: an introduction to ichthyology*. 2nd editio. Prentice-Hall. Englewood Cliffs; 1988. 101 p;
36. Taki Y. An analytical study of the fish fauna of Mekong Basin as a biological production system in nature. *Research Institute of Evolutionary Biology*. 1978; 1:1-77;
37. Kottelat M. Zoogeography of the fishes from Indochinese inland waters with an annotated checklist. *Bulletin Zoologisch Museum*. 1989; 12(1):1-54;
38. Taki Y. Fishes faunas and inland fisheries of Mekong delta. *South Asian Studies*. 1975; 47(1):145-60;
39. Taki Y. Geographic distribution of primary freshwater fishes in four principal areas of Southeast Asia. *South Asian Studies*. 1975; 13(2):200-14;

Exploring the species distribution and origins of freshwater fish biodiversity in the Lang Biang plateau, Vietnam

Hoang Duc Huy^{1,2,*}, Pham Manh Hung^{1,2}, Tran Trong Ngan^{1,2}, Tran Chau Bao Tram^{1,2}, Do Tran Phuong Anh^{1,2}, Trang Thanh Hoang^{1,2}

ABSTRACT

Freshwater fish in the Lang Biang plateau, an important source of protein and sportfishing for the local people, remain poorly known. This lacking, due to the poor surveying and a situation of taxonomic chaos throughout Vietnam, makes difficulties in accurately identifying specimens and interpreting the published survey results. Our study from 2011 to 2022 on revising the indigenous fish fauna provided the phylogenetic relationship and the geographic distribution. The studied fish species were classified and phylogenetically deduced based on the molecular biology. The evolutionary and phylogenetic relationships, integrated the modified global fish phylogenetic data and delineated factors of fish distribution, were also discussed. A total of 55 indigenous species, belonging to 47 genera, 22 families, 07 orders from 444 specimens collected at seven sampling sites, were identified. Cypriniformes with 37 species (67%) was the most diverse order. Biogeographically, three distinct fish faunas occurred in the Lang Biang plateau: one associated with the Kratie–Stung Treng freshwater ecoregion, one with the Mekong delta, and the third with the Southern Annam. Fishes in the Lang Biang plateau are not particularly rich in species, but the percentage of endemic taxa is high (13% of 7 species). These species are suckers with flattened bodies in adaptation for swiftflowing waterways.

Key words: indigenous freshwater fish, phylogeny, endemism, freshwater ecoregion

¹Faculty of Biology and Biotechnology,
University of Science Ho Chi Minh City,
Vietnam;

²Vietnam National University Ho Chi
Minh City, Vietnam

Correspondence

Hoang Duc Huy, Faculty of Biology and
Biotechnology, University of Science Ho
Chi Minh City, Vietnam;

Vietnam National University Ho Chi Minh
City, Vietnam

Email: hdhuy@hcmus.edu.vn

History

- Received: 10-5-2023
- Accepted: 19-3-2024
- Published Online: 31-3-2024

DOI :

<https://doi.org/10.32508/stdjns.v8i1.1292>



Copyright

© VNUHCM Press. This is an open-
access article distributed under the
terms of the Creative Commons
Attribution 4.0 International license.



Cite this article : Hoang D.H, Pham M.H., Tran T.N., Tran C.B.T., Do T.P.A., Trang T.H. Exploring the species distribution and origins of freshwater fish biodiversity in the Lang Biang plateau, Vietnam. *Sci. Tech. Dev. J. - Nat. Sci.* 2024; 8(1):2851-2860.