

ĐA DẠNG DI TRUYỀN NGUỒN GEN CÂY GÙ HƯƠNG (*Cinnamomum balansae* Lecomte) TRÊN ĐỊA BÀN TỈNH QUẢNG NINH

Dương Quang Trung¹, Nguyễn Thị Huyền², Trần Anh Hải¹, Võ Đại Nguyên¹

¹Viện Nghiên cứu Lâm Sinh

²Viện Nghiên cứu Giống và Công nghệ sinh học Lâm nghiệp

TÓM TẮT

Gù hương là loài cây đa tác dụng và đặc hữu của Việt Nam, cây có giá trị kinh tế cao nên loài cây này bị khai thác quá mức. Vì vậy, việc đánh giá đa dạng di truyền nguồn gen hiện có của loài cây này là cần thiết để định hướng xây dựng các hoạt động bảo tồn và phát triển nguồn gen loài cây này trong tương lai. Nghiên cứu này phân tích 20 mẫu Gỗ hương được thu thập tại 4 địa phương thuộc tỉnh Quảng Ninh bằng 5 chỉ thị ISSR, nhằm đánh giá được mức độ đa dạng di truyền nguồn gen hiện có tại địa phương. Kết quả phân tích đa dạng di truyền cho thấy, mức độ đa dạng di truyền của Gỗ hương tại Quảng Ninh là tương đối thấp (hệ số đa dạng di truyền đạt trung bình 0,138) và mức độ trao đổi nguồn gen giữa các địa phương nghiên cứu là rất thấp ($Nm = 0,3359$), trong đó, các mẫu nghiên cứu thu từ Ba Chẽ có mức độ đa dạng di truyền cao hơn so với các địa phương còn lại. Về mặt cấu trúc di truyền, các mẫu thu từ Ba Chẽ cũng được phân tách tương đối riêng biệt với 3 địa phương còn lại. Kết quả nghiên cứu này cung cấp cơ sở khoa học phục vụ cho công tác bảo tồn và phát triển nguồn gen Gỗ hương hữu hiệu.

Từ khóa: Đa dạng di truyền, nguồn gen, Gỗ hương, tỉnh Quảng Ninh

GENETIC DIVERSITY OF *Cinnamomum balansae* Lecomte IN QUANG NINH PROVINCE

Duong Quang Trung¹, Nguyen Thi Huyen², Tran Anh Hai¹, Vo Dai Nguyen¹

¹ Silviculture Research Institute

² Institute of Forest Tree Improvement and Biotechnology

ABSTRACT

Cinnamomum balansae Lecomte is an endemic, multi-purpose tree species in Vietnam, with high economic value, so this species is exploited unsustainably. Therefore, assessing the genetic diversity of the existing gene pool of this species is a necessary task to support the development of conservation and development activities of this genetic resource in the future. This study analyzed 20 studied samples collected in 4 localities in Quang Ninh province using 5 ISSR markers to assess the level of genetic diversity of the existing gene pool in the locality. The results of genetic diversity analysis showed that the level of genetic diversity of *C. balansae* in Quang Ninh is relatively low (the genetic diversity coefficient reaches an average of 0.138) and there is gen flow between the study sites ($Nm = 0.3359$). Among them, the research samples collected from Ba Che district have a higher level of genetic diversity compared to the three remaining localities. In terms of genetic structure, the samples collected from Ba Che are also relatively separated from the remaining 3 locations. The results of this study provide a scientific basis for the conservation and effective development of *C. balansae* genetic resources.

Keywords: *Cinnamomum balansae*, genetic diversity, genetic resources, Quang Ninh province

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Gù hương (*Cinnamomum balansae* Lecomte) còn có tên gọi là Vù hương, thuộc chi Quế (*Cinamomum*), họ Long não (*Lauraceae*), là loài cây đặc hữu của Việt Nam. Loài cây này được xếp vào nhóm VU - IIA (Sách đỏ Việt Nam, 2007), là nhóm các loài cây có nguy cơ bị đe dọa nếu không được quản lý chặt chẽ, hạn chế khai thác, sử dụng vì mục đích thương mại và xếp vào nhóm EN - nhóm các loài thực vật nguy cấp trong Sách đỏ thế giới (IUCN, 2020).

Đây là một loài cây bản địa đa tác dụng như cung cấp gỗ lớn, cho tinh dầu và kết hợp tạo cảnh quan bảo vệ môi trường sinh thái. Gỗ Gù hương cứng, ít mối mọt với màu sắc đẹp và có mùi thơm nên thường được sử dụng làm đồ mộc có giá trị cao. Mặt khác, tinh dầu Gù hương được chiết xuất từ các bộ phận của cây (thân, lá, cành và rễ) được sử dụng làm mỹ phẩm, hương liệu và làm dược liệu rất có giá trị.

Gù hương có phân bố tự nhiên ở nhiều tỉnh của nước ta từ khu vực miền núi phía Bắc tới miền Trung và Tây Nguyên. Tuy nhiên, loài cây này đã và đang bị khắt thúc quá mức để lấy gỗ và tinh dầu nên số lượng cá thể còn lại trong rừng tự nhiên không nhiều. Do đó, công tác nghiên cứu bảo tồn và phát triển loài cây này là rất cần thiết và cần phải có các định hướng đầu tư nghiên cứu trong thời gian tới.

Tại Quảng Ninh, cây Gù hương phân bố rải rác trong rừng tự nhiên thuộc khu bảo tồn thiên nhiên Đổng Sơn - Kỳ Thượng, núi Yên Tử,... tuy nhiên công tác điều tra, nghiên cứu bảo tồn loài này trong thời gian qua chưa được chú

trọng. Điều này dẫn tới nguy cơ nguồn gen quý này sẽ bị mất đi, do đó việc nghiên cứu bảo tồn nguồn gen cây Gù hương trên địa bàn tỉnh Quảng Ninh là rất cần thiết, có ý nghĩa về khoa học và thực tiễn. Trong công tác nghiên cứu bảo tồn nguồn gen cây Gù hương, việc đánh giá đa dạng di truyền nguồn gen thông qua kỹ thuật sinh học phân tử dựa trên cơ sở phân tích bằng các chỉ thị như ISSR, SSR, RADP... là cần thiết để xác định các mục tiêu và hướng đi cho công tác bảo tồn. Trong số các chỉ thị phân tử được sử dụng, chỉ thị ISSR có ưu điểm là tương đối đơn giản với trang thiết bị cơ bản, rút ngắn được thời gian thực hiện trong quá trình đánh giá đa dạng nguồn gen cây trồng. Do đó, việc lựa chọn chỉ thị ISSR được ưu tiên sử dụng trong nghiên cứu đánh giá đa dạng nguồn gen cây Gù hương tại tỉnh Quảng Ninh.

Bài viết này đề cập đến kết quả bước đầu đánh giá đa dạng di truyền của 20 mẫu Gù hương được thu tại 4 địa phương thuộc tỉnh Quảng Ninh bằng chỉ thị phân tử ISSR, phục vụ cho công tác bảo tồn và phát triển nguồn gen cây Gù hương trên địa bàn tỉnh Quảng Ninh.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Vật liệu phục vụ nghiên cứu là 20 mẫu lá bánh tẻ Gù hương thu tại 4 địa phương thuộc tỉnh Quảng Ninh là Uông Bí, Ba Chẽ, Hạ Long và Tiên Yên. Các mẫu lá bánh tẻ sau khi thu, được bảo quản trong đá gel lạnh, vận chuyển tới phòng thí nghiệm để tách chiết DNA tổng số. Địa điểm thu mẫu và ký hiệu các mẫu Gù hương nghiên cứu được trình bày ở bảng 1.

Bảng 1. Địa điểm và ký hiệu 20 mẫu Gù hương thu tại Quảng Ninh

STT	Địa phương	Số lượng mẫu	Địa điểm
1	Uông Bí	5	Rừng quốc gia Yên Tử (UB1 - UB5)
2	Ba Chẽ	5	Lương Mông (BC1 - BC3)
			Đồn Đạc (BC4 - BC5)
3	Hạ Long	5	Đổng Lâm (HL1 - HL3)
			Kỳ Thượng (HL4 - HL5)
4	Tiên Yên	5	Tiên Lãng (TY1 - TY2)
			Hải Lạng (TY3)
			Yên Than (TY4 - TY5)
Tổng			20 mẫu

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Tách chiết DNA tổng số

DNA tổng số của các mẫu Gù hương được tách chiết bằng GeneJET Plant Genomic DNA Purification Mini Kit (ThermoFisher), độ tinh sạch của 20 mẫu DNA tổng số được đo bằng máy quang phổ hấp thụ Nano drop. Với các mẫu DNA tổng số có nồng độ ≥ 20 ng/ μ l và độ tinh

sạch từ 1,8 - 2,0 là đủ điều kiện để sử dụng cho các thí nghiệm tiếp theo.

2.2.2. Thực hiện phản ứng PCR-ISSR

Đánh giá mức độ đa dạng di truyền của 20 mẫu Gù hương thu tại tỉnh Quảng Ninh được tiến hành với 5 chỉ thị ISSR có trình tự và nhiệt độ gắn mỗi được trình bày ở bảng 2 dưới đây.

Bảng 2. Trình tự mỗi ISSR sử dụng trong nghiên cứu mẫu Gù hương

STT	Tên mỗi	Trình tự mỗi (5' - 3')	Nhiệt độ gắn mỗi (T_m)
1	UBC818	CACACACACACA CACAG	51,0°C
2	UBC855	ACACACACACACACACG	51,4°C
3	UBC856	ACACACACACACACACYA	52,8°C
4	UBC865	CCGCCGCCGCCGCCGCCG	76,8°C
5	UBC881	GGG TGGGGT GGGGTG	59,3°C

Nguồn: *Isshiki et al., 2008; Zheng et al., 2024*

Chuỗi phản ứng PCR-ISSR được thực hiện trên máy PCR model 9700 với tổng thể tích của phản ứng là 15 μ l bao gồm 7,5 μ l PCR Mastermix 2X, 1 μ l mỗi 10 μ M, 2 μ l DNA tổng số và 4,5 μ l nước deion. Chu trình nhiệt của phản ứng PCR được tiến hành gồm: 94°C trong 4 phút; (94°C: 60 giây, nhiệt độ gắn mỗi từng mỗi: 45 giây, 72°C: 60 giây) lặp lại 40 chu kỳ; 72°C trong 10 phút; giữ mẫu ở 12°C.

Sau khi kết thúc chuỗi phản ứng PCR, sản phẩm PCR thu được kiểm tra trên gel agarose 1,8% trong dung dịch đệm TAE 1X và nhuộm bằng Redsafe. Bản gel được chạy trong thời gian 60 phút với hiệu điện thế 70 V và được quan sát bằng máy soi gel sử dụng tia UV. Tiến hành được kết quả kích thước các băng được so sánh với thang DNA chuẩn 1 kb của Thermo Scientific.

2.2.3. Thu thập và xử lý số liệu

Thu số liệu kiểu gen các mẫu nghiên cứu theo quy ước: 1 = phân đoạn DNA xuất hiện và 0 = phân đoạn DNA không xuất hiện khi điện di sản phẩm PCR.

Các giá trị đa dạng di truyền của 20 mẫu Gù hương như số lượng alen quan sát được (N_a), số lượng alen có hiệu lực (N_e), phần trăm đa hình (PPB), hệ số đa dạng di truyền Nei (h) (1973), chỉ số đa dạng di truyền Shannon (I), giá trị dị hợp tử quan (H_o), giá trị dị hợp tử mong đợi (H_e), khoảng cách di truyền, hệ số tương đồng và phân tích tọa độ chính PCoA để phân tích mức độ khác biệt di truyền giữa các quần thể Gù hương được phân tích bằng phần mềm GenAlEx 6.5 (Peakall *et al.*, 2006).

Phần mềm POPGENE (Yeh *et al.*, 1999) được sử dụng để tính toán các giá trị như chỉ số đa dạng di truyền gen của tổng các nguồn giống (H_T), chỉ số đa dạng gen trung bình trong nguồn giống (H_S), chỉ số sai khác di truyền Nei giữa các nguồn giống (G_{ST}), chỉ số trao đổi gen giữa các nguồn giống (N_m) của 4 quần thể Gù hương thu tại tỉnh Quảng Ninh.

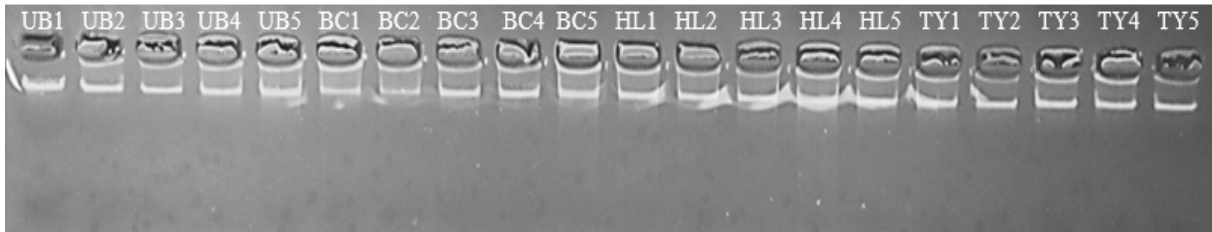
Tiến hành xây dựng ma trận tương đồng và xây dựng cây quan hệ di truyền giữa các địa phương cũng như các mẫu Gù hương được nghiên cứu bằng phần mềm MEGA X (Kumar *et al.*, 2018) phương pháp nhóm cặp không trọng số (UPGMA).

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả tách chiết DNA tổng số của 20 mẫu Gù hương

Kết quả điện di kiểm tra DNA tổng số của 20 mẫu Gù hương được thể hiện ở hình 1 dưới đây.

Kết quả cho thấy, DNA tổng số của 20 mẫu Gù hương thu được có duy nhất 1 băng chính rõ ràng, sáng và rõ nét, không có hiện tượng bị đứt gãy. Chứng tỏ, các mẫu DNA tổng số có chất lượng tốt và đủ điều kiện cho các thí nghiệm tiếp theo.

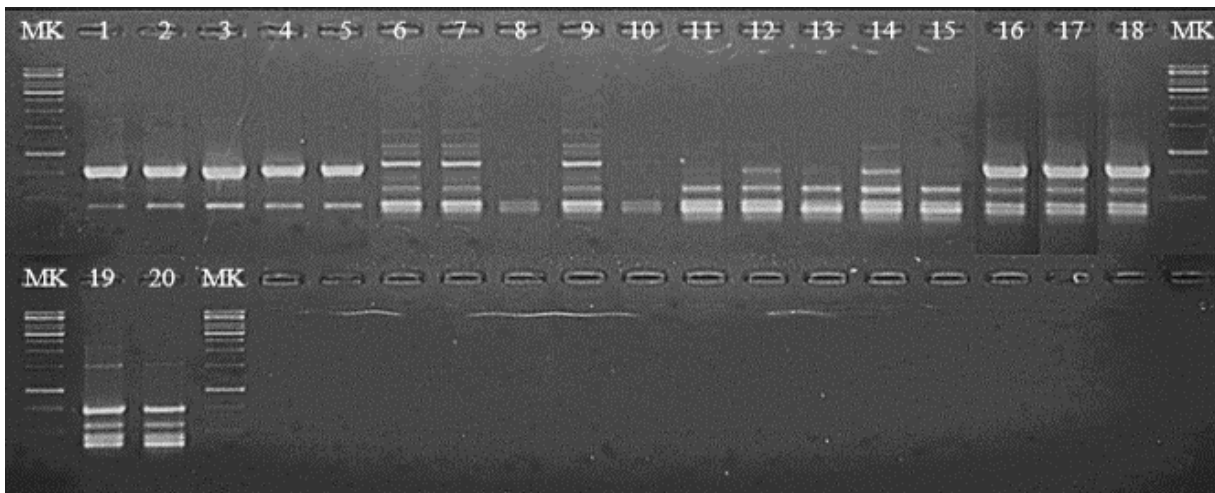


Hình 1. Kết quả điện di DNA tổng số của 20 mẫu Gù hương nghiên cứu

Kết quả kiểm tra chất lượng của 20 mẫu DNA đều có nồng độ ≥ 20 ng/ μ l và độ tinh sạch đạt từ 1,8 - 2,0. Chứng tỏ, các mẫu DNA tổng số thu được có chất lượng tốt và đủ điều kiện cho các thí nghiệm tiếp theo.

3.2. Kết quả của phản ứng PCR-ISSR

Kết quả phân tích các sản phẩm PCR các mẫu nghiên cứu thu được 44 phân đoạn DNA được nhân bản bằng các môi ISSR với kích thước dao động từ 300 bp đến 2.500 bp với tỷ lệ các phân đoạn đa hình chiếm 34,09% (Hình 2).



Hình 2. Kết quả PCR-ISSR của 20 mẫu Gù hương môi UBC865

3.3. Kết quả đánh giá đa dạng di truyền của mẫu Gù hương thu tại tỉnh Quảng Ninh

3.3.1. Kết quả đánh giá mức độ đa dạng di truyền mẫu Gù hương

Mức độ đa dạng di truyền của 20 mẫu Gù hương tại 4 địa phương thuộc tỉnh Quảng Ninh được tính toán thông qua phần mềm GenAlEx 6.5, kết

quả thu được thể hiện qua các giá trị gồm số lượng alen quan sát được (N_a), số lượng alen có hiệu lực (N_e), phần trăm đa hình (PPB), hệ số đa dạng di truyền Nei (h) (1973), chỉ số đa dạng di truyền Shannon (I), giá trị dị hợp tử quan (H_o), giá trị dị hợp tử mong đợi (H_e) được trình bày cụ thể tại bảng 3 sau đây.

Bảng 3. Kết quả phân tích đa dạng di truyền của 20 mẫu Gù hương tại 4 địa phương thuộc tỉnh Quảng Ninh

Địa phương	Chỉ số đa dạng di truyền						
	<i>Na</i>	<i>Ne</i>	<i>I</i>	<i>h</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>PPB(%)</i>
Uông Bí	1,273	1,211	0,168	0,116	0,527	0,446	27,27
Ba Chẽ	1,500	1,379	0,305	0,211	0,473	0,456	50,00
Hạ Long	1,136	1,075	0,072	0,047	0,491	0,455	13,64
Tiên Yên	1,386	1,274	0,229	0,178	0,541	0,454	45,45
Trung bình	1,324	1,235	0,194	0,138	0,508	0,453	34,09
<i>SE</i>	<i>0,060</i>	<i>0,027</i>	<i>0,022</i>	<i>0,015</i>	<i>0,015</i>	<i>0,004</i>	<i>8,40</i>

Từ kết quả thu được cho thấy, các giá trị đa dạng di truyền mẫu Gù hương tại 4 địa phương thuộc tỉnh Quảng Ninh có giá trị trung bình lần lượt là $Na = 1,3239$; $Ne = 1,2347$; $I = 0,1935$; $h = 0,1382$; $H_o = 0,508$; $H_e = 0,453$ và $PPB = 34,09\%$.

Với số alen quan sát được (Na) dao động từ khoảng 1,136 (Hạ Long) đến 1,500 (Ba Chẽ) và số lượng alen có ý nghĩa (Ne) nằm trong khoảng từ 1,075 (Hạ Long) đến 1,379 (Ba Chẽ). Như vậy, các giá trị về số alen nghiên cứu lớn nhất đều thuộc về huyện Ba Chẽ và thấp nhất là thành phố Hạ Long. Có thể thấy tại cả 4 địa phương nghiên cứu thì số alen quan sát được luôn lớn hơn số alen có ý nghĩa ($Na > Ne$) thể hiện mức độ đa dạng di truyền được đảm bảo trong các quần thể mẫu từ các địa phương nghiên cứu do không có sự thiếu hụt về số lượng alen quan sát được. Tương tự, với hệ số di truyền theo Nei (h) và chỉ số Shannon (I) tại huyện Ba Chẽ ($I = 0,305$; $h = 0,211$) là cao nhất, tiếp theo là huyện Tiên Yên ($I = 0,229$; $h = 0,178$) và thấp nhất là thành phố Hạ Long ($I = 0,072$; $h = 0,047$).

Giá trị dị hợp tử mong đợi H_e và giá trị dị hợp tử quan sát H_o trên toàn bộ 44 locus tương ứng là 0,453 và 0,508, trong đó tại Tiên Yên và Uông Bí có giá trị dị hợp tử quan sát cao nhất lần lượt là 0,541 và 0,527, giá trị dị hợp tử quan sát thấp hơn thuộc về huyện Ba Chẽ (0,473) và Hạ Long

(0,491). Về giá trị dị hợp tử mong đợi của huyện Ba Chẽ là cao nhất đạt $H_e = 0,456$, tiếp theo là thành phố Hạ Long (0,455), huyện Tiên Yên (0,454) và thấp nhất thuộc về thành phố Uông Bí (0,446). Sự thiếu hụt giữa tỷ lệ dị hợp tử quan sát và tỷ lệ dị hợp tử mong đợi thể hiện có sự suy giảm về đa dạng di truyền dù không đáng kể do nguyên nhân có thể là do hiện tượng giao phối cận huyết hoặc quan hệ di truyền gần gũi giữa các cá thể nghiên cứu trong cùng 1 quần thể. Điều này cho thấy, sự cần thiết của công tác bảo tồn nguồn gen loài cây có giá trị kinh tế này tại tỉnh Quảng Ninh nói riêng và trên toàn quốc nói chung.

Trong các quần thể nghiên cứu, dựa trên các giá trị đa dạng di truyền của các mẫu Gù hương thu tại 4 địa phương của tỉnh Quảng Ninh cho thấy, các mẫu thu thập tại huyện Ba Chẽ có tính đa dạng di truyền cao hơn so với 3 địa phương còn lại được nghiên cứu. Do đó, đây là nguồn gen cần được tập trung và ưu tiên nghiên cứu phát triển và bảo tồn hơn trong thời gian tới tại địa phương.

3.3.2. Kết quả phân tích biến đổi di truyền giữa các mẫu Gù hương

Kết quả phân tích AMOVA cho thấy, mức độ biến đổi phân tử giữa các địa phương là 56% và mức độ sai khác về mặt phân tử giữa các mẫu

trong mỗi địa phương là 44% với sự khác biệt có ý nghĩa về mặt thống kê $p \leq 0,001$. Sự khác biệt không cao giữa các quần thể thu mẫu cho thấy, mức độ sai khác đáng kể giữa các mẫu nghiên cứu, vì vậy việc bảo tồn tối đa các cá thể hiện có trong tự nhiên là cần thiết, để đảm bảo mức độ đa dạng di truyền cần thiết của loài.

Bảng 4. Kết quả phân tích AMOVA mẫu cây Gù hương tại 4 địa phương thuộc tỉnh Quảng Ninh

AMOVA	Tỷ lệ
Giữa các địa phương	56%
Giữa các mẫu trong cùng địa phương	44%
<i>PhiPT</i>	0,565 ($p \leq 0,001$)

3.3.3. Kết quả phân tích mối quan hệ di truyền giữa các mẫu Gù hương

Các chỉ số đa dạng di truyền nguồn gen của mẫu Gù hương tại 4 địa phương thuộc tỉnh Quảng Ninh qua phân tích phần mềm POPGENE thu được kết quả cụ thể ở bảng 5 dưới đây.

Bảng 5. Các chỉ số đa dạng di truyền giữa 4 địa phương nghiên cứu

Các thông số	Trung bình
Số lượng mẫu	20
H_T	0,3192 ± 0,0253
H_S	0,1327 ± 0,0130
G_{ST}	0,5842
N_m	0,3559

Ghi chú: H_T - chỉ số đa dạng nguồn gen của tổng các quần thể; H_S - chỉ số đa dạng gen trung bình trong quần thể; G_{ST} - chỉ số sai khác di truyền Nei giữa các quần thể; N_m - chỉ số trao đổi gen giữa các quần thể.

Theo kết quả phân tích, chỉ số sai khác di truyền G_{ST} mẫu Gù hương tại 4 địa phương thuộc tỉnh Quảng Ninh được tính toán và đạt giá trị $G_{ST} = 0,5842$, cho thấy, có tới 58,42% (> 10%) sự sai

khác di truyền giữa các mẫu Gù hương có sự sai khác tương đối lớn. Với kết quả G_{ST} thu được, giá trị N_m được tính toán và đạt $N_m = 0,3559$ cho thấy, tần số trao đổi gen giữa các mẫu Gù hương tại 4 địa phương nghiên cứu tại tỉnh Quảng Ninh là tương đối thấp. Như vậy, từ những kết quả thu được chỉ ra rằng có sự sai khác về mặt di truyền giữa các mẫu Gù hương tại 4 địa phương được nghiên cứu nhưng tần số trao đổi gen giữa các địa phương (quần thể) là tương đối nhỏ. Do đó, việc tập trung nghiên cứu và bảo tồn nguồn gen cây Gù hương tại 4 địa phương thuộc tỉnh Quảng Ninh là rất cần thiết và cần tập trung nghiên cứu nhiều hơn trong thời gian tới.

Khoảng cách di truyền và mức độ tương đồng của các mẫu Gù hương thuộc 4 địa phương tại Quảng Ninh được tính toán và trình bày cụ thể ở bảng 6.

Bảng 6. Khoảng cách di truyền (dưới vạch) và mức độ tương đồng (trên vạch) của mẫu Gù hương 4 địa phương nghiên cứu

Địa phương	Uông Bí	Ba chẽ	Hạ Long	Tiên Yên
Uông Bí	-	0,594	0,761	0,778
Ba chẽ	0,520	-	0,606	0,779
Hạ Long	0,273	0,501	-	0,801
Tiên Yên	0,250	0,249	0,221	-

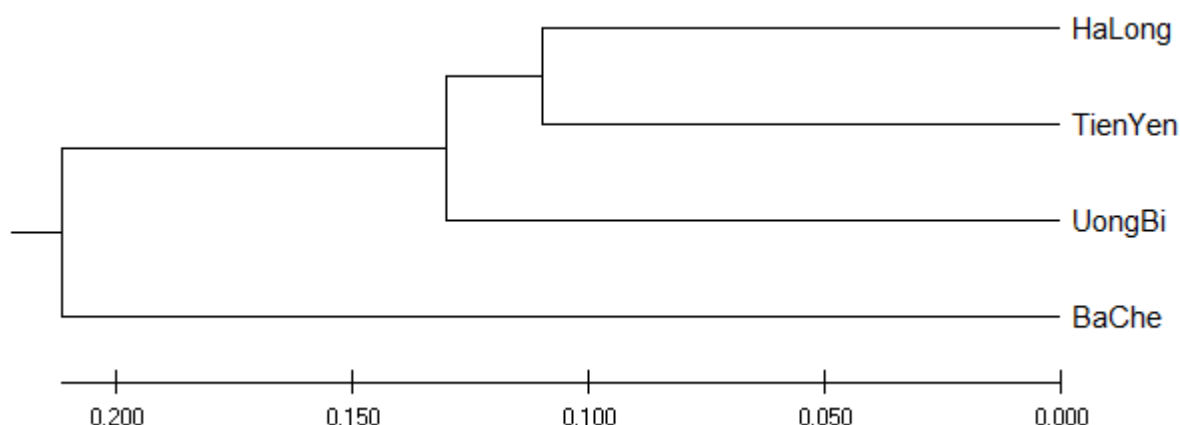
Khoảng cách di truyền giữa các mẫu Gù hương thuộc 4 địa phương tại tỉnh Quảng Ninh nằm trong khoảng từ 0,221 đến 0,520, trong đó tại huyện Ba Chẽ có khoảng cách di truyền xa nhất là Uông Bí (0,520) và Hạ Long (0,501), khoảng cách di truyền gần với huyện Tiên Yên (0,249). Quần thể mẫu nghiên cứu thu tại Uông Bí có khoảng cách di truyền với Hạ Long và Tiên Yên lần lượt là 0,273 và 0,250. Bên cạnh đó, quần thể mẫu thu từ Hạ Long và Tiên Yên lại có khoảng cách di truyền gần với nhau nhất trong 4 địa phương được nghiên cứu với khoảng cách là 0,221.

Mức độ tương đồng di truyền của các mẫu Gù hương tại 4 địa phương nghiên cứu nằm trong khoảng từ 0,594 (59,40%) đến 0,801 (80,1%), trong đó mức độ tương đồng cao giữa huyện Tiên Yên với Uông Bí, Ba Chẽ và Hạ Long lần lượt là 0,778; 0,779 và 0,801. Bên cạnh đó, Uông Bí và Hạ Long cũng có mức độ tương đồng cao đạt 0,761 (76,1%). Mặt khác, huyện Ba Chẽ lại có mức độ tương đồng thấp hơn so với hai các địa phương khác là Uông Bí (0,594) và Hạ Long (0,606).

Nhìn chung, từ kết quả phân tích mối tương quan giữa khoảng cách di truyền và mức độ tương đồng di truyền của các mẫu Gù hương

thuộc 4 địa phương tại tỉnh Quảng Ninh cho thấy, có sự đồng nhất giữa 2 giá trị này và có quan hệ chặt chẽ với nhau, trong đó với huyện Ba Chẽ vừa có khoảng cách di truyền lớn và có mức độ tương đồng thấp so với các địa phương còn lại.

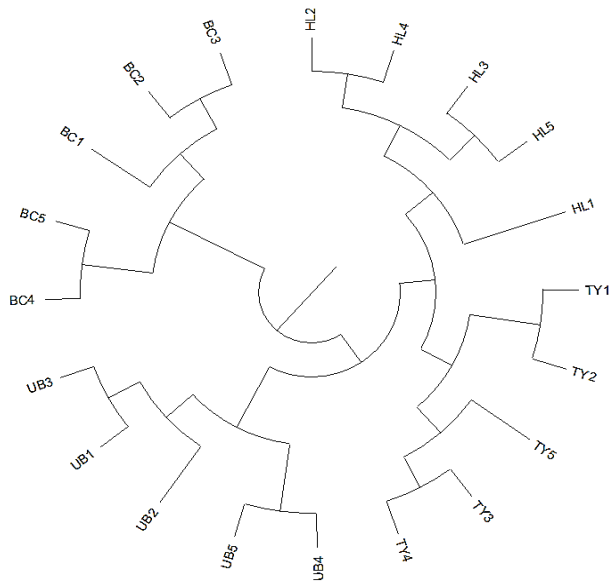
Cây quan hệ di truyền của 20 mẫu cây Gù hương thuộc 4 địa phương tại tỉnh Quảng Ninh được xây dựng dựa trên mức độ tương đồng và khoảng cách di truyền ở bảng 7 thông qua phương pháp UPGMA xây dựng bằng phần mềm MEGA X. Kết quả thu được cây quan hệ di truyền của 4 địa phương (Hình 3) và của 20 mẫu Gù hương (Hình 4).



Hình 3. Cây quan hệ di truyền của mẫu Gù hương tại 4 địa phương tỉnh Quảng Ninh

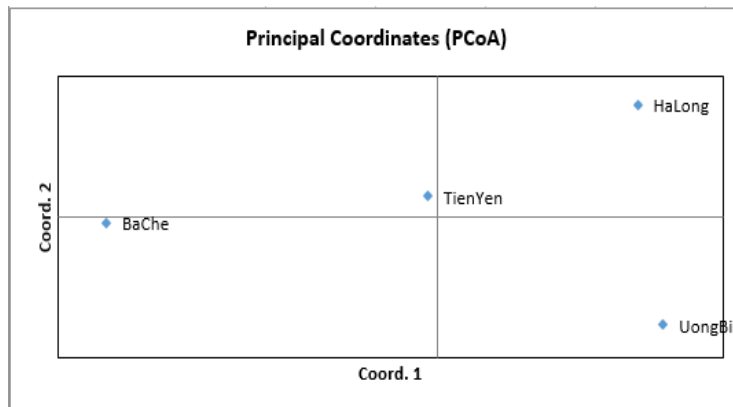
Với kết quả hình 3 cho thấy, mẫu Gù hương thu tại 4 địa phương thuộc tỉnh Quảng Ninh được chia làm 2 nhánh chính, có sự phân chia rõ ràng giữa các địa phương được nghiên cứu. Ở nhánh thứ nhất chỉ gồm huyện Ba Chẽ và ở nhánh thứ hai gồm 3 địa phương còn lại là Uông Bí, Hạ Long và Tiên Yên. Đối với nhánh thứ hai được chia làm 2 nhánh nhỏ hơn, trong đó các mẫu thu từ Uông Bí nằm ở nhánh nhỏ thứ nhất và ở nhánh nhỏ thứ hai gồm Hạ Long và Tiên Yên.

Cây quan hệ di truyền của 20 mẫu Gù hương thuộc 4 địa phương tại tỉnh Quảng Ninh (Hình 4) cho thấy, các mẫu thu tại các địa phương đều cùng nằm trong một nhánh và có quan hệ gần gũi với nhau. Các mẫu Gù hương thu tại huyện Ba Chẽ nằm chung một nhánh lớn tách riêng và bao gồm hết các mẫu thuộc 3 địa phương còn lại, trong đó các mẫu thu tại Uông Bí nằm chung một nhánh và bao gồm các mẫu thuộc Hạ Long và Tiên Yên.

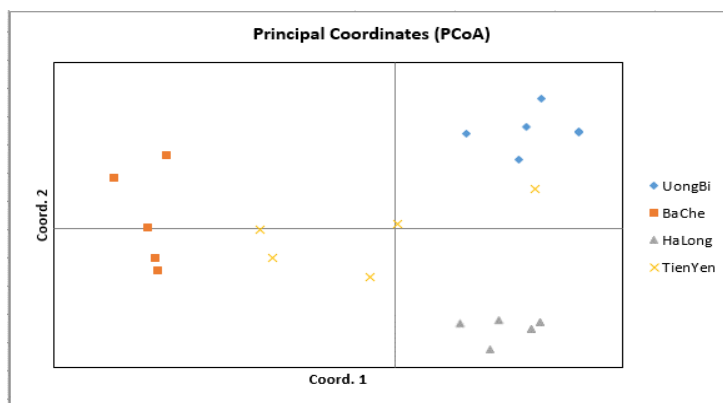


Hình 4. Cây quan hệ di truyền của 20 mẫu Gù hương thu tại 4 địa phương thuộc tỉnh Quảng Ninh

Kết quả phân tích PCoA cho 20 mẫu Gù hương thu tại 4 địa phương tại tỉnh Quảng Ninh cho thấy, có sự đồng nhất với kết quả phân tích khoảng cách di truyền, trong đó mẫu thu tại các địa phương đều được phân bố thành từng nhóm rõ rệt (Hình 5 và Hình 6).



Hình 5. Kết quả phân tích PCoA của mẫu Gù hương thu tại 4 địa phương tại Quảng Ninh



Hình 6. Kết quả phân tích PCoA của 20 mẫu Gù hương thu tại Quảng Ninh

Như vậy, với các mẫu Gù hương thu tại các địa phương khác nhau tại tỉnh Quảng Ninh nhưng có khoảng cách di truyền lớn và tính đa dạng di truyền tương đối lớn, nên việc tập trung nghiên cứu để bảo tồn và lưu giữ nguồn gen Gù hương hiện có tại tỉnh Quảng Ninh hiện nay là rất cần thiết.

IV. KẾT LUẬN

Mức độ đa dạng di truyền trung bình của các mẫu thu từ 4 địa điểm tại tỉnh Quảng Ninh ở mức thấp với các giá trị trung bình lần lượt là $N_a = 1,324$; $N_e = 1,235$; $I = 0,194$; $h = 0,138$ và $PPB = 34,09\%$.

Sự khác biệt di truyền giữa các địa phương chiếm 56%, còn mức độ sai khác giữa các mẫu trong 1 quần thể chiếm 44% trong tổng số mức độ sai khác về mặt phân tử.

Mức độ tương đồng di truyền giữa các địa phương dao động trong khoảng từ 0,594 (59,40%) đến 0,801 (80,1%).

Chỉ số sai khác di truyền $G_{ST} = 0,5842$, chứng tỏ có tới 58,42% sự khác biệt di truyền giữa các địa phương nghiên cứu. Với giá trị trao đổi gen $N_m = 0,9329$ cho thấy, khả năng trao đổi nguồn gen giữa các địa phương là tương đối thấp.

Cấu trúc quần thể được chia thành 2 nhóm, có sự phân chia rõ ràng giữa các địa phương được nghiên cứu. Ở nhánh thứ nhất chỉ gồm huyện Ba Chẽ và ở nhánh thứ hai gồm 3 địa phương còn lại là Uông Bí, Hạ Long và Tiên Yên.

Lời cảm ơn: Nghiên cứu này là một trong những nội dung của đề tài cấp tỉnh: “Bảo tồn nguồn gen cây Gù hương (*Cinnamomum balansae* Lecomte) trên địa bàn tỉnh Quảng Ninh” được thực hiện trong giai đoạn từ 8/2023 đến 8/2025.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Isshiki S., Iwata N., Khan M.M.R., 2008. ISSR variations in eggplant (*Solanum melongena* L.) and related *Solanum* species. *Scientia Horticulture*.117: 186 - 190.
2. IUCN, 2003. IUCN Red List Categories and Criteria: Version 3.1. Gland, Switzerland and Cambridge, UK. 30 pp.
3. Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K., 2018. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular biology and evolution*, 35(6), 1547.
4. Nguyễn Tiến Bản, 2007. Sách đỏ Việt Nam - Phần II: Thực vật, NXB Khoa học tự nhiên và Công nghệ, Hà Nội.
5. Peakall, R. and P.E. Smouse, 2006. Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching DNA research. *Molecular Ecology Notes*, 6(1): p. 288 - 295.
6. White TL, Adams WT, Neale DB, 2007. Forest genetics. CABI Publishing, Cambridge, MA, USA.
7. Yeh FC, Yang RC, Boyle T., 1999. POPGENE Vers. 1.31: Microsoft Windows-based Freeware for Population Genetic Analysis. Quick user's guide. City Canada; Univ. of Alberta.
8. Zheng, Z., Xu, D., Yang, Q., & Gao, H., 2024. Genetic diversity analysis of *Cinnamomum cassia* Presl and *Cinnamomum cassia* Presl var. *macrophyllum* Chu based on ISSR. *Journal of Holistic Integrative Pharmacy*, 5(1), 19 - 26.

Email tác giả liên hệ: duongquangtrung87@gmail.com

Ngày nhận bài: 11/02/2025

Ngày phản biện đánh giá và sửa chữa: 13/02/2025; 21/02/2025

Ngày duyệt đăng: 04/03/2025