

# ĐA DẠNG DI TRUYỀN VÀ CẤU TRÚC QUẦN THỂ NGUỒN GEN CHÒ NƯỚC (*Platanus kerrii* Gagnep) TẠI MỘT SỐ TỈNH PHÍA BẮC BẰNG CHỈ THỊ ISSR

Phan Văn Mùi<sup>1</sup>, Phí Hồng Hải<sup>1</sup>, Lê Sơn<sup>2</sup>, La Ánh Dương<sup>2</sup>

<sup>1</sup>*Viện Khoa học Lâm nghiệp Việt Nam*

<sup>2</sup>*Viện Nghiên cứu Giống và Công nghệ sinh học Lâm nghiệp*

## TÓM TẮT

Chò nước (*Platanus kerrii* Gagnep) là loài cây đặc hữu của Việt Nam có giá trị khoa học, giá trị bảo tồn, giá trị dược liệu và có tiềm năng lớn về kinh tế. Hiện nay, các nghiên cứu về Chò nước mới chỉ tập trung về phân bố, đặc điểm lâm học, kỹ thuật trồng nên việc đánh giá đa dạng di truyền nguồn gen hiện có là cần thiết để định hướng cho công tác bảo tồn và phát triển nguồn gen loài cây này trong thời gian tới. Nghiên cứu này phân tích 30 mẫu Chò nước thuộc 3 xuất xứ Hòa Bình, Thái Nguyên và Bắc Kạn bằng 10 chỉ thị ISSR nhằm đánh giá mức độ đa dạng di truyền và cấu trúc quần thể nguồn gen hiện có. Kết quả thu được cho thấy, mức độ đa dạng di truyền của loài ở mức trung bình cho đến cao ( $h = 0,273$ ) với sự khác biệt di truyền giữa các xuất xứ tương đối lớn ( $G_{ST} = 0,2232$ ) và tần số trao đổi gen giữa các xuất xứ là tương đối thấp ( $N_m = 1,7400$ ). Phân tích cấu trúc quần thể chỉ ra sự khác biệt về mặt di truyền của 3 xuất xứ Chò nước và được chia thành ba nhóm rõ rệt với tỷ lệ các mẫu tập trung mỗi nhóm cao. Kết quả nghiên cứu này góp phần cho công tác bảo tồn và phát triển nguồn gen loài cây này trong thời gian tới.

**Từ khóa:** Cấu trúc quần thể, đa dạng di truyền, đặc hữu, ISSR, *Platanus kerrii* Gagnep.

## GENETIC DIVERSITY AND GENETIC STRUCTURE *Platanus kerrii* Gagnep IN SOME NORTHERN PROVINCES USING ISSR MARKERS

Phan Van Mui<sup>1</sup>, Phi Hong Hai<sup>1</sup>, Le Son<sup>2</sup>, La Anh Duong<sup>2</sup>

<sup>1</sup>*Vietnamese Academy of Forest Sciences*

<sup>2</sup>*Institute of Forest Tree Improvement and Biotechnology*

## ABSTRACT

*Platanus kerrii* Gagnep is an endemic tree species in Vietnam with scientific, conservation, medicinal values and also great economic potential. Until now, studies have only focused on distribution, forestry characteristics and planting techniques for the species. Therefore, assessing the genetic diversity of existing gene sources is necessary to guide the future conservation and development of gene sources of this tree species. This study analysed 30 samples collected in 3 origins of Hoa Binh, Thai Nguyen, and Bac Kan using 10 ISSR markers to assess the level of genetic diversity and population structure of existing gene sources. The results showed that the genetic diversity of the species was at a medium to high level ( $h = 0.273$ ) with relatively significant genetic differences between origins ( $G_{ST} = 0.2232$ ), and the frequency of gene exchange between origins was not large ( $N_m = 1.7400$ ). Population structure showed genetic differences between the three origins and was divided into three distinct groups, with a high proportion of concentrated samples in each group. The results of this study contribute to the future conservation and development of the genetic resources of this plant species.

**Keyword:** Endemic, genetic diversity, genetic structure, ISSR, *Platanus kerrii* Gagnep.

## I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Chò nước (*Platanus kerrii* Gagnep) thuộc chi Huyền linh (*Platanus*), họ Chò nước (*Platanaceae*), là cây gỗ lớn, có chiều cao từ 30 - 35 m, đường kính 1,5 m. Phân bố và sinh trưởng tự nhiên ở các nước Đông Nam Á gồm Lào (Viêng Chăn), Việt Nam (Bắc Kạn, Hà Tĩnh, Nghệ An,...). Là loài đặc hữu của Việt Nam và đang được xếp vào nhóm sẽ nguy cấp VU B1+2e đứng trước nguy cơ lớn sẽ bị tuyệt chủng ngoài thiên nhiên (Bộ Khoa học và Công nghệ, 2007).

Chò nước là loài cây có giá trị khoa học, giá trị dược liệu, giá trị bảo tồn cao và có tiềm năng lớn về kinh tế. Tuy nhiên, Chò nước chưa được tập trung nghiên cứu đúng mức do có vùng phân bố rộng (tập trung chủ yếu ở các địa hình bị chia cắt), cùng với việc người dân mở rộng diện tích đất canh tác nông nghiệp dẫn đến khu vực phân bố ngoài tự nhiên của loài ngày càng bị thu hẹp. Các nghiên cứu trước đây chỉ tập trung về phân bố, đặc điểm lâm học, kỹ thuật trồng cây Chò nước để đề xuất các giải pháp bảo tồn và phát triển loài cây này. Do đó, nghiên cứu đánh giá đa dạng di truyền nguồn gen cây Chò nước là rất cần thiết, góp phần cho công tác bảo tồn và phát triển nguồn gen loài cây này trong thời gian tới.

Các chỉ thị phân tử là công cụ quan trọng trong nghiên cứu di truyền học cây lâm nghiệp, cho phép đánh giá chính xác mức độ đa dạng và cấu trúc di truyền của quần thể ở mức độ phân tử (DNA) mà không chịu ảnh hưởng của điều kiện môi trường (Muhammad & Muhammad, 2014). Việc ứng dụng các chỉ thị này giúp xác định

mức độ biến dị giữa các dòng hoặc quần thể, đánh giá mức độ phân hóa di truyền và dòng gen, từ đó hỗ trợ hiệu quả cho công tác chọn giống, bảo tồn và quản lý đa dạng di truyền nguồn gen (Allendorf *et al.*, 2022). Trong số các loại chỉ thị hiện có, chỉ thị ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) được sử dụng phổ biến nhờ khả năng phát hiện đa hình cao, độ lặp lại tốt và không đòi hỏi thông tin trình tự DNA trước đó. Phương pháp ISSR đặc biệt phù hợp với các loài cây rừng có hệ gen phức tạp hoặc chưa được giải mã hoàn chỉnh, giúp phân biệt các dòng vô tính, xác định quan hệ di truyền và phân tích cấu trúc quần thể một cách hiệu quả và kinh tế (White, 2007).

Do đó, trong nghiên cứu đánh giá mức độ đa dạng di truyền cấu trúc quần thể nguồn gen cây Chò nước tại một số tỉnh phía Bắc (Bắc Kạn, Thái Nguyên và Hòa Bình) đã được tiến hành với việc sử dụng các chỉ thị ISSR, kết quả nghiên cứu sẽ cung cấp thêm một số thông tin cần thiết để phục vụ cho công tác bảo tồn và phát triển nguồn gen loài cây có nhiều giá trị này.

## II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1. Vật liệu nghiên cứu

Mẫu lá của 30 cây Chò nước được thu thập tại ba tỉnh Thái Nguyên, Bắc Kạn và Hòa Bình (bảng 1) (trước đây), được bảo quản trong silicagel để phục vụ phân tích di truyền. Tại mỗi địa điểm thu mẫu, các cá thể được chọn là các cây trưởng thành (có chiều cao từ 17 m trở lên), cách nhau tối thiểu 100 m nhằm hạn chế khả năng thu các cây có quan hệ gần gũi về mặt di truyền.

**Bảng 1.** Danh sách mẫu Chò nước thu thập

STT	Xuất xứ	Số lượng	Địa điểm thu mẫu	Độ cao	Ký hiệu
1	Thái Nguyên	10	Khu Bảo tồn thiên nhiên Thần Sa Phụng Hoàng, tỉnh Thái Nguyên	58 - 98 m	TN1 - TN10
2	Hòa Bình	10	Khu Bảo tồn thiên nhiên Thượng Tiến, tỉnh Hòa Bình	256 - 297 m	HB1 - HB10
3	Bắc Kạn	10	Vườn Quốc gia Ba Bể, tỉnh Bắc Kạn	168 - 190 m	BK1 - BK10

## 2.2. Phương pháp nghiên cứu

### 2.2.1. Tách chiết DNA tổng số

Mẫu lá khô được nghiền nhỏ bằng nitor lỏng và được tách chiết DNA tổng số bằng bộ kit Genomic DNA Mini Kit theo hướng dẫn của nhà sản xuất. DNA tổng số được kiểm tra chất lượng bằng phương pháp quang phổ ở bước sóng 260/280 (và kiểm tra bằng điện di trên gel agarose 1% trong đệm TAE, hiệu điện thế 120V trong 20 phút, sau đó quan sát dưới đèn UV.

### 2.2.2. Thực hiện phản ứng PCR

Phản ứng PCR khuếch đại DNA được thực hiện với 10 mỗi ISSR (bảng 2 với tổng thể tích 15 µl gồm 7,5 µl DreamTaq PCR Mastermix 2X, 2 µl DNA tổng số, 1 µl mỗi ISSR 10 µM và 4,5 µl d.H<sub>2</sub>O cho mỗi phản ứng). Quá trình khuếch đại thực hiện trên máy MiniAmp Thermal Cycler với chu trình nhiệt: 94°C trong 5 phút; 40 chu kỳ: 94°C trong 30 giây, T<sub>m</sub> (°C) trong 30 giây và 72°C trong 60 giây; 72°C trong 10 phút. Các sản phẩm khuếch đại được kiểm tra bằng điện di trên gel agarose 2% trong đệm TAE 1X, chạy ở hiệu điện thế 70V trong thời gian 90 phút và được so sánh với thang DNA chuẩn 1 kb (GenRuler 1kb DNA), quan sát dưới đèn UV.

### 2.2.3. Xử lý số liệu

Các đoạn khuếch đại thu được, kết quả cho hai loại kiểu hình (xuất hiện: 1 và không xuất hiện: 0) đã được xử lý và thu thập dựa trên sự hiện diện của các băng, thông qua thang nhị phân.

Phần mềm POPGENE (Yeh *et al.*, 1999) sử dụng tính toán các giá trị thể hiện mức độ đa dạng di truyền gồm *Na*, *Ne*, *PPB*, *h*, *I*, khoảng cách di truyền, mức độ tương đồng di truyền, các chỉ số đa dạng di truyền như *H<sub>T</sub>*, *H<sub>S</sub>*, *G<sub>ST</sub>*, *N<sub>m</sub>*.

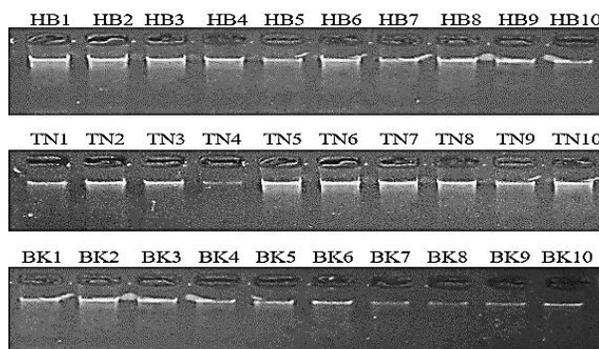
Các mối quan hệ phát sinh loài giữa các xuất xứ được xây dựng thông qua sơ đồ phả hệ bằng phần mềm MEGA X (Kumar *et al.*, 2018) theo phương pháp UPGMA (nhóm cặp không có trọng số) với giá trị Bootstrap lặp lại 1.000 lần. Phân tích phương sai phân tử (AMOVA) và phân tích tọa độ chính (PCoA) bằng phần mềm GenAlEx v6.512 (Peakall *et al.*, 2006).

Cấu trúc quần thể được xác định phần mềm STRUCTURE (Pritchard *et al.*, 2000) với số lượng xuất xứ đánh giá là 3, số lượng quần thể tối ưu K được kiểm nghiệm từ 1 - 10 bằng mô hình hỗn hợp lặp lại 10.000 lần. Giá trị K tối ưu bằng phần mềm STRUCTURE HARVESTER v0.6 (Earl *et al.*, 2012) để ước tính số nhóm mỗi bản sao được lặp lại.

## III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

### 3.1. Kết quả tách chiết DNA tổng số

Các mẫu DNA tổng số Chò nước sau khi tách chiết, được tiến hành kiểm tra chất lượng trên gel agarose 1% (hình 1) và đo bằng quang phổ ở bước sóng 260/280 để xác định nồng độ. Kết quả thu được cho thấy, các mẫu DNA hiển thị băng sắc nét và không có hiện tượng bị đứt gãy trên bản gel điện di, có nồng độ ≥ 20 ng/µl và độ tinh sạch đạt từ 1,8 - 2,0. Như vậy, 30 mẫu DNA tổng số mẫu Chò nước có chất lượng tốt và đủ điều kiện sử dụng cho các thí nghiệm tiếp theo.



**Hình 1.** Kết quả điện di DNA tổng số của 30 mẫu Chò nước nghiên cứu

### 3.2. Kết quả thực hiện phản ứng PCR

Kết quả phân tích sản phẩm PCR được kiểm tra trên gel agarose 2% (hình 2) cho thấy, với 10 môi ISSR sử dụng đã khuếch đại được tổng số 92 phân đoạn DNA (bảng) có kích thước dao động từ 200 - 2000 bp. Trong đó, số lượng phân

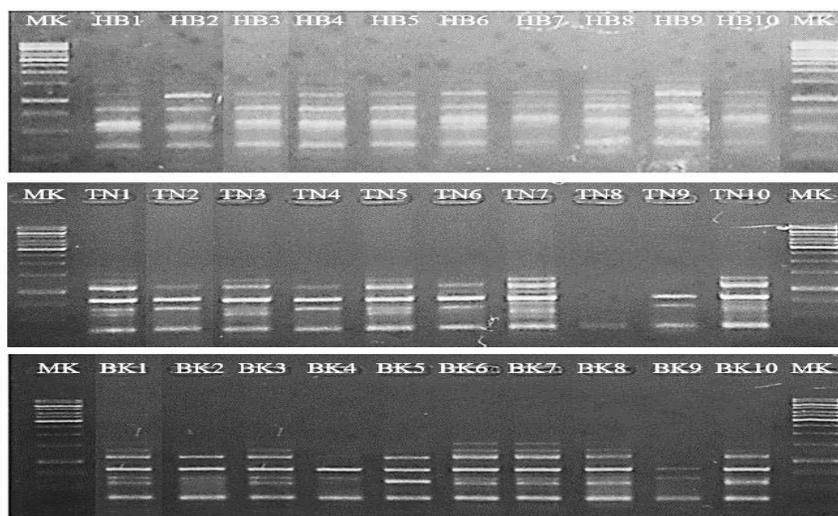
đoạn và tỷ lệ phần trăm các phân đoạn đa hình thay đổi tùy theo từng môi khác nhau. Trong các môi sử dụng, môi UBC834 tạo ra số phân đoạn cao nhất (12 phân đoạn) với 11 phân đoạn đa hình (bảng 2).

**Bảng 2.** Môi ISSR được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền các xuất xứ Chò nước (Huang *et al.*, 2009; Lee *et al.*, 2012; Galván-Hernández *et al.*, 2015)

STT	Tên môi	Trình tự môi (5'-3')	T <sub>m</sub> (°C)	Kích thước (bp)	Số phân đoạn DNA	Số phân đoạn DNA đa hình
1	UBC811	GAGAGAGAGAGA GAGAC	46,8	200 - 2.000	11	11
2	UBC818	CACACACACACA CACAG	51,0	200 - 1.200	8	6
3	UBC808	AGAGAGAGAGAGAGAGC	48,8	300 - 1.200	10	8
4	UBC855	ACACACACACACACT	51,4	350 - 1.200	9	9
5	UBC834	AGAGAGAGAGAGAGAGYT	49,2	300 - 1.600	12	11
6	UBC856	ACACACACACACACACYA	52,8	400 - 1.500	8	6
7	UBC824	TCTCTCTCTCTCTCG	48,5	350 - 1.500	8	7
8	UBC841	GAGAGAGAGAGAGAGAYC	48,5	300 - 1.200	8	6
9	UBC845	CTCTCTCTCTCTCTRG	48,1	250 - 1.500	10	8
10	UBC835	AGAGAGAGAGAGAGAGYC	50,2	300 - 1.400	8	6

Kết quả này gần như tương tự với một số nghiên cứu về đa dạng di truyền cho một số loài cùng chi *Platanus* như ở loài *P. acerifolia* Willd. (Huang *et al.*, 2009) với 16 chỉ thị ISSR thu được 103 phân đoạn DNA được khuếch đại có kích thước dao động từ 250 bp đến 2.000 bp; *P. occidentalis* (Lee *et al.*, 2012) sử dụng 10

chỉ thị ISSR thu được 98 phân đoạn DNA được khuếch đại với kích thước nằm trong khoảng từ 500 bp đến 2.100 bp; *P. mexicana* (Galván-Hernández *et al.*, 2015) sử dụng 10 chỉ thị ISSR thu được 105 phân đoạn DNA được khuếch đại với kích thước nằm trong khoảng từ 180 bp đến 1.700 bp.



**Hình 2.** Ảnh điện di sản phẩm PCR của 30 mẫu DNA Chò nước với môi.

### 3.3. Kết quả đánh giá đa dạng di truyền nguồn gen Chò nước

#### 3.3.1. Mức độ đa dạng di truyền

Phân tích kết quả đánh giá đa dạng di truyền các xuất xứ Chò nước cho thấy mức độ đa dạng di truyền của loài ở mức trung bình đến cao với các tham số trung bình lần lượt là  $N_a = 1,724$ ;  $N_e = 1,472$ ;  $I = 0,405$ ;  $h = 0,273$  và  $PPB = 72,41\%$ . Trong đó, xuất xứ Bắc Kạn có mức độ đa dạng di truyền cao nhất ( $N_a = 1,793$ ;  $N_e = 1,537$ ;  $I = 0,452$ ;  $h = 0,307$  và  $PPB = 79,31\%$ ), tiếp theo là xuất xứ Hòa Bình ( $N_a = 1,741$ ;  $N_e = 1,473$ ;  $I = 0,412$ ;  $h = 0,277$  và  $PPB = 74,14\%$ ) và Thái Nguyên có giá trị thấp nhất ( $N_a = 1,637$ ;  $N_e = 1,406$ ;  $I = 0,351$ ;  $h = 0,236$  và  $PPB = 63,79\%$ ). Mức độ đa dạng di truyền này tương đương so với loài *P. mexicana* cùng chi *Platanus* ( $H_e = 0,279$ ;  $N_e = 1,475$ ;  $I = 0,424$  và  $P = 87,61\%$ ) (Galván - Hernández *et al.*, 2015) khi các tác giả sử dụng 10 môi ISSR cho tổng số 120 cây (30 cây/địa điểm) tại 4 địa điểm (quần

thể) dọc theo dòng sông Colipa (Veracruz, Mexico) có phân bố ở các độ cao khác nhau (70 m, 200 m, 600 m và 1700 m so với mực nước biển) với khoảng cách xa nhất giữa các quần thể là khoảng 41 km. Các tác giả đã ghi nhận sự thay đổi tương đối về mức độ đa dạng di truyền theo độ cao của các quần thể nghiên cứu, khi mà quần thể ở độ cao ở mức 70 m, có các chỉ số về đa dạng di truyền thấp nhất (Galván-Hernández *et al.*, 2015). Xu hướng này, cũng được thể hiện ở các quần thể nghiên cứu tại Việt Nam trong nghiên cứu này, khi quần thể Thái Nguyên nơi có độ cao thấp nhất (dưới 100 m) có mức độ đa dạng di truyền thấp hơn 2 quần thể còn lại (bảng 3). Đối với các loài chủ yếu thụ phấn nhờ gió, thì độ cao và địa hình được ghi nhận là có ảnh hưởng đến mức độ phát tán hạt phấn, và do đó ảnh hưởng đến mức độ đa dạng di truyền nguồn gen của quần thể (Jordano, 2010). Xu thế này cũng được thể hiện ở mức độ đa dạng di truyền quần thể của loài Chò nước ở các địa điểm nghiên cứu.

**Bảng 3.** Các chỉ số đa dạng di truyền của 3 xuất xứ Chò nước được nghiên cứu

STT	Xuất xứ	Chỉ số đa dạng di truyền				
		$N_a$	$N_e$	$I$	$h$	PPB (%)
1	Hòa Bình	1,741	1,473	0,412	0,277	74,14
2	Thái Nguyên	1,637	1,406	0,351	0,236	63,79
3	Bắc Kạn	1,793	1,537	0,452	0,307	79,31
	Trung bình	1,724	1,472	0,405	0,273	72,41

Ghi chú:  $N_a$  (số lượng alen quan sát được),  $N_e$  (số lượng alen có hiệu lực),  $PPB$  (phần trăm phân đoạn đa hình),  $h$  (hệ số đa dạng di truyền Nei, 1973),  $I$  (chỉ số đa dạng di truyền Shannon).

#### 3.3.2. Mức độ biến đổi di truyền

Phân tích mức độ biến đổi phân tử (AMOVA) cho thấy mức độ sai khác di truyền giữa 3 xuất xứ Chò nước là 22,36% và giữa các mẫu trong cùng xuất xứ được xác định là 77,64% với giá trị  $\Phi_{PT} = 0,224$ ;  $p \leq 0,001$  (bảng 4). Như vậy, các xuất xứ Chò nước nghiên cứu có sự khác biệt về di truyền nguồn gen ở mức độ trung bình. Kết quả thu được thấp hơn so với loài *P. mexicana* khi sử dụng chỉ thị ISSR để phân

tích biến đổi di truyền (AMOVA) với các xuất xứ ở các độ cao khác nhau nằm trong khoảng từ 0,169 đến 0,238 ( $p = 0,001$ ) và biến dị ở các vị trí đạt 80% (Galván - Hernández *et al.*, 2015).

Về cơ bản, kết quả phân tích mức độ biến dị di truyền cho thấy, Chò nước là loài có hệ thống sinh sản (breeding system) dựa trên giao phối chéo do vậy giá trị AMOVA giữa các xuất xứ chỉ đạt 22,36% thấp hơn nhiều so với giữa các cá thể trong cùng xuất xứ (77,64%).

**Bảng 4.** Phân tích biến dị di truyền AMOVA mẫu Chò nước được nghiên cứu

AMOVA	Giá trị (%)
Giữa các xuất xứ	22,36
Giữa các cá thể trong xuất xứ	77,64
PhiPT	0,224; $p \leq 0,001$

### 3.3.3. Khoảng cách di truyền và mức độ tương đồng

Kết quả bảng 5 cho thấy, khoảng cách di truyền giữa 3 xuất xứ Chò nước nằm trong khoảng từ 0,1625 đến 0,1985 và mức độ tương đồng di truyền dao động từ 81,99% (0,8199) đến 85,01% (0,8501). Trong đó, khoảng cách di truyền giữa hai xuất xứ Bắc Kạn và Hòa Bình là lớn nhất đạt 0,1985 và khoảng cách di truyền giữa xuất xứ Thái Nguyên với Hòa Bình và Bắc Kạn thấp hơn lần lượt là 0,1625 và 0,1692. Mức độ tương đồng của 3 xuất xứ Chò nước được nghiên cứu thu được cho thấy xuất xứ Thái Nguyên có mức độ tương đồng cao hơn so với hai xuất xứ Hòa Bình (85,01%) và Bắc Kạn (84,44%). Ngược lại, hai xuất xứ Hòa Bình và Bắc Kạn có mức độ tương đồng nhỏ hơn (81,99%). Sự tương đồng về mặt di truyền giữa các xuất xứ cũng phản ánh khoảng cách địa lý giữa các quần thể, khi mà Hòa Bình và Bắc Kạn có khoảng cách địa lý xa nhất (khoảng 180 km).

**Bảng 5.** Khoảng cách di truyền (dưới vạch) và mức độ tương đồng (trên vạch) của 3 xuất xứ Chò nước được nghiên cứu

Xuất xứ	Hòa Bình	Thái Nguyên	Bắc Kạn
Hòa Bình	-	0,8501	0,8199
Thái Nguyên	0,1625	-	0,8444
Bắc Kạn	0,1985	0,1692	-

### 3.3.4. Mối quan hệ di truyền

Thông qua phần mềm POPGENE phân tích mối quan hệ di truyền của mẫu Chò nước giữa các xuất xứ và giữa các mẫu trong cùng xuất xứ được nghiên cứu trình bày ở bảng 6. Trong đó, tính đa dạng di truyền nguồn gen các mẫu trong từng xuất xứ là  $H_S = 0,2773$  chiếm 77,66% đa

dạng nguồn gen của các xuất xứ  $H_T = 0,3519$  là tương đồng với kết quả phân tích biến dị di truyền (AMOVA) tại bảng 4. Bên cạnh đó, chỉ số sai khác di truyền giữa các xuất xứ đạt  $G_{ST} = 0,2232$ , chứng tỏ có tới 22,32% (>10%) sự sai khác về mặt di truyền giữa các xuất xứ là tương đối lớn. Điều này còn thể hiện ở tần số trao đổi gen giữa các xuất xứ ( $N_m$ ) chỉ đạt 1,740. Nguyên nhân một phần là do các xuất xứ Chò nước được thu từ các cây mọc tự nhiên ở các địa điểm khác nhau có khoảng cách về mặt địa lý từ 80 đến 180 km, điều này làm hạn chế quá trình trao đổi nguồn gen giữa các xuất xứ. Kết quả này cũng đồng nhất với đánh giá của Lee và đồng tác giả (2012) khi phân tích mối quan hệ di truyền của 37 mẫu của loài *P. occidentalis* cây thu từ 13 địa điểm của 6 thành phố tại Hàn Quốc, khi các quần thể có phân bố địa lý gần nhau thì có mối quan hệ di truyền gần gũi với nhau hơn so với các quần thể có phân bố cách xa nhau về địa lý.

**Bảng 6.** Mối quan hệ di truyền giữa các mẫu và xuất xứ Chò nước được nghiên cứu

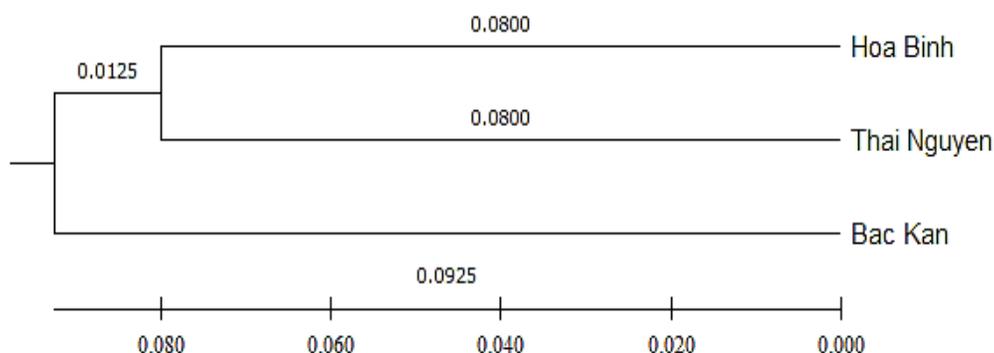
Thông số di truyền	Trung bình $\pm$ Sd
Số lượng mẫu	30
$H_T$	0,3519 $\pm$ 0,0145
$H_S$	0,2733 $\pm$ 0,0118
$G_{ST}$	0,2232
$N_m$	1,7400

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

Cây quan hệ di truyền được xây dựng dựa trên mức độ tương đồng di truyền và khoảng cách di truyền (bảng 5) thông qua phương pháp phân

nhóm UPGMA (phần mềm MEGA X). Kết quả thu được cây quan hệ di truyền của 3 xuất xứ (hình 3) được chia thành hai nhánh với nhánh

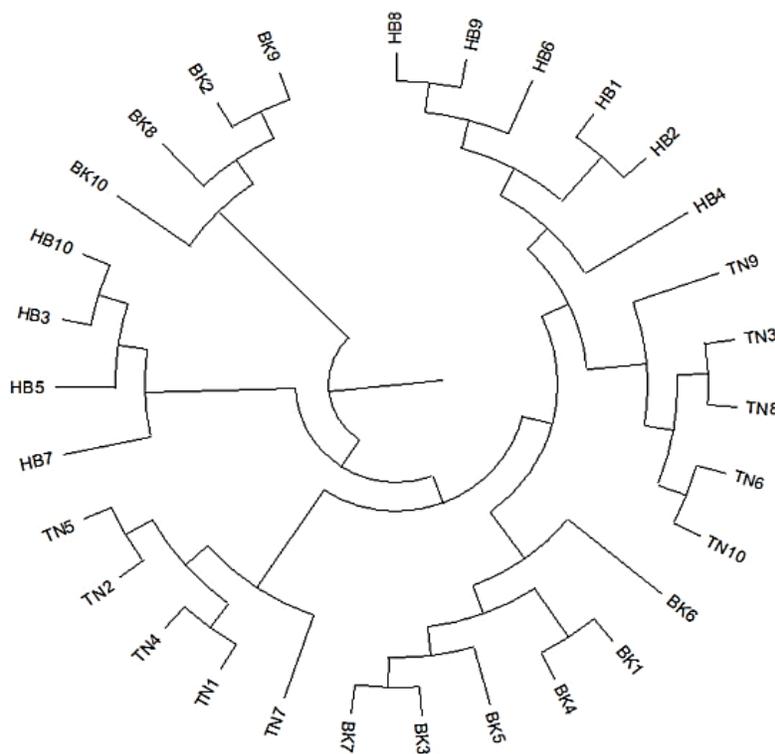
thứ nhất là xuất xứ Bắc Kạn và nhánh thứ hai gồm hai xuất xứ Thái Nguyên và Hòa Bình.



**Hình 3.** Cây quan hệ di truyền của 3 xuất xứ Chò nước được nghiên cứu

Hình 4 thể hiện mối quan hệ di truyền của 30 mẫu Chò nước thuộc 3 xuất xứ Bắc Kạn, Thái Nguyên và Hòa Bình. Kết quả cho thấy, 30 mẫu

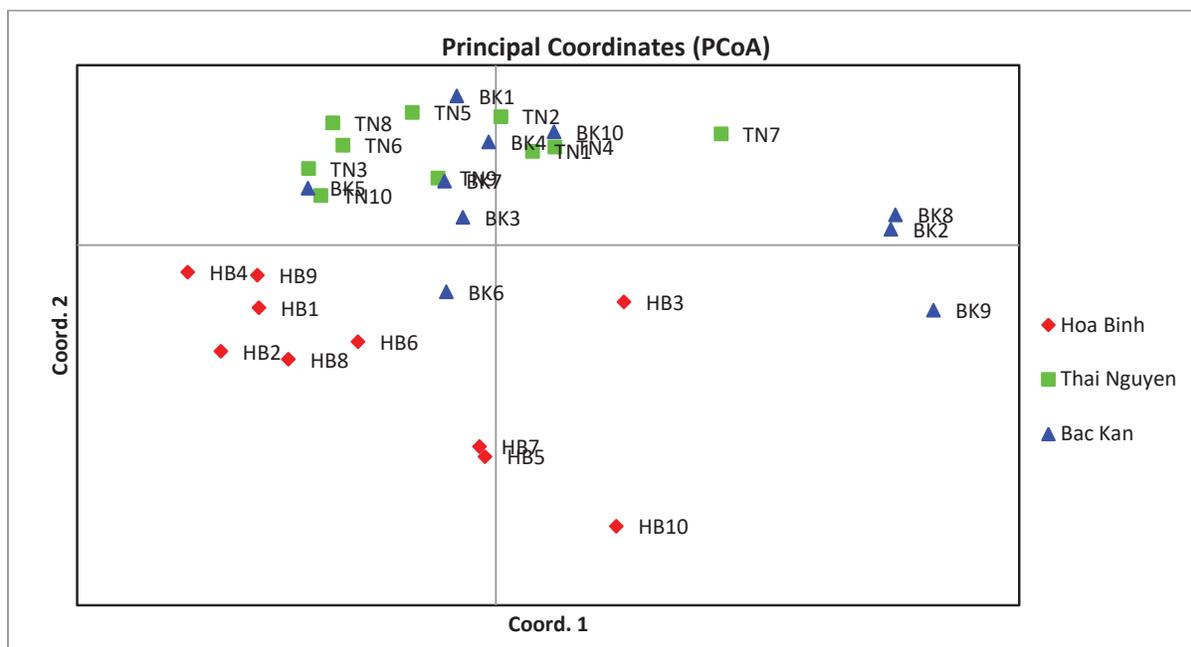
được chia thành các nhánh khác nhau và mỗi nhánh nhỏ là các mẫu thuộc từng xuất xứ khác nhau, xếp xen kẽ nhau.



**Hình 4.** Cây quan hệ di truyền của 30 mẫu Chò nước được nghiên cứu

Kết quả phân tích PCoA (hình 5) cho 30 mẫu Chò nước thuộc 3 xuất xứ nghiên cứu cho thấy các mẫu có sự phân bố rõ ràng và tương đồng với kết quả hình 4. Trong đó, mẫu thuộc xuất xứ

Hòa Bình nằm tách biệt so với hai xuất xứ còn lại. Điều này phản ánh khoảng cách địa lý của Hòa Bình cách xa với 2 địa phương còn lại (100 km với Thái Nguyên và 180 km với Bắc Kạn).



**Hình 5.** Kết quả phân tích PCoA của 30 mẫu Chò nước thuộc 3 xuất xứ được nghiên cứu

### 3.4. Kết quả phân tích cấu trúc quần thể

Cấu trúc quần thể các mẫu Chò nước được tiến hành thông qua phần mềm STRUCTURE và STRUCTURE HARVESTER cho thấy giá trị xác suất quần thể được phân thành các nhóm khác nhau về mặt di truyền với giá trị K khác nhau. Với giá trị K = 1 thì giá trị  $\text{LnP}(K)$  là nhỏ

nhất (-1.880,71) và  $\text{Ln}'(K)$  chưa được xác định, với giá trị K = 2 thì các giá trị  $\text{Ln}'(K)$  và  $\Delta K$  thu được lần lượt là 179,030 và 0,8909. Khi K = 3 tới thì giá trị  $\text{Ln}'(K)$  và  $\Delta K$  là cao nhất với  $\text{Ln}'(K) = 182,540$  và  $\Delta K = 95,0558$ . Khi giá trị K từ 4 đến 10 thì giá trị  $\Delta K$  giảm mạnh, dao động trong khoảng 1,2577 đến 3,3063.

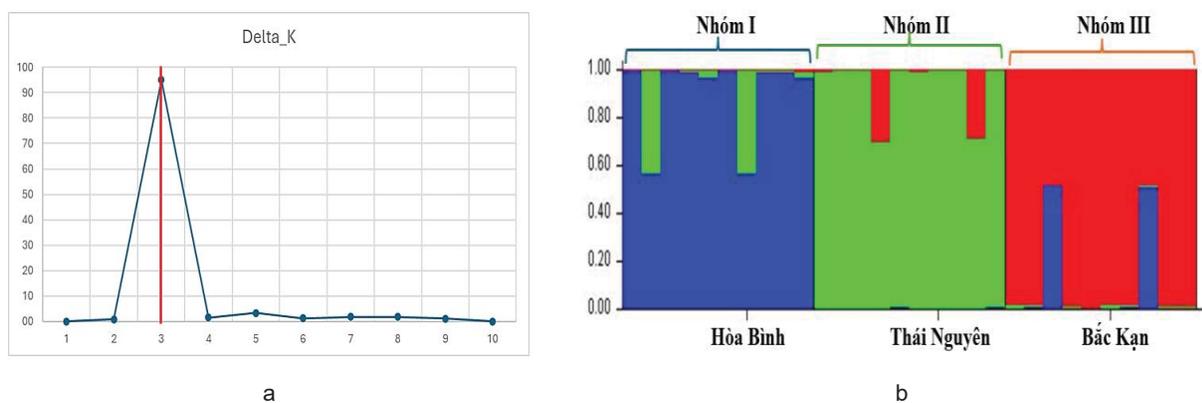
**Bảng 7.** Kết quả xác định số quần thể tối ưu K trong các xuất xứ Chò nước được nghiên cứu thông qua phần mềm STRUCTURE HARVESTER

K	Lần lặp	$\text{LnP}(K)$ TB	$\text{StdevLnP}(K)$	$\text{Ln}'(K)$	$ \text{Ln}'(K) $	Delta K
1	10	-1.880,71	1,53583	NA	NA	NA
2	10	-1.701,68	10,40511	179,030	9,270	0,8909
3	10	-1.519,14	1,53710	182,540	146,110	95,0558
4	10	-1.482,71	50,14930	36,430	77,070	1,5368
5	10	-1.465,11	51,98565	17,600	171,880	3,3063
6	10	-1.521,23	223,18782	-56,120	280,710	1,2577
7	10	-1.489,46	121,51257	31,770	224,430	1,8470
8	10	-1.477,40	137,27878	12,060	251,840	1,8345
9	10	-1.568,56	298,03860	-91,160	340,530	1,1426
10	10	-1.464,07	117,64465	104,490	NA	NA

Ghi chú:  $\Delta K = |\text{Ln}'(K)|/\text{StdevLnP}(K)$ , giá trị  $\Delta K$  lớn nhất tương ứng với số nhóm quần thể được tối ưu.

Như vậy, kết quả thu được cho thấy 30 mẫu Chò nước thuộc 3 xuất xứ Thái Nguyên, Hòa Bình và Bắc Kạn được phân thành 3 nhóm khác nhau với giá trị  $\Delta K$  là cao nhất (hình 6a). Trong đó, nhóm I là xuất xứ Hòa Bình, nhóm II là xuất xứ Thái Nguyên và nhóm III là xuất xứ Bắc Kạn,

có sự phân hóa rõ ràng giữa các nhóm và tỷ lệ các mẫu tập trung ở mỗi nhóm chiếm tỷ lệ cao (hình 6b). Kết quả này cũng đồng nhất với phân tích về giá trị trôi dạt gen, khi giá trị  $N_m$  chỉ đạt 1,740 tương đương với một số nghiên cứu ở các loài cây rừng có phân bố rộng (Ellstrand, 1992).



**Hình 6.** Cấu trúc quần thể dựa trên kiểu gen ISSR giữa các xuất xứ tại  $K = 3$  được phân tích bằng phần mềm STRUCTURE

Từ các phân tích về đa dạng di truyền và cấu trúc quần thể, để bảo tồn và phát triển bền vững loài này ở các địa điểm nêu trên, ngoài công tác bảo tồn tại chỗ, thì cần tăng cường công tác bảo tồn chuyển chỗ bằng hình thức thu thập hạt để làm tăng kích thước quần thể và tính đa dạng di truyền của loài.

#### IV. KẾT LUẬN

Phân tích 30 mẫu Chò nước thuộc 3 xuất xứ Hòa Bình, Thái Nguyên và Bắc Kạn với 10 chỉ thị ISSR cho thấy mức độ đa dạng di truyền của loài ở mức trung bình với các giá trị trung bình lần lượt là  $N_a = 1,724$ ;  $N_e = 1,472$ ;  $I = 0,405$ ;  $h = 0,273$  và  $PPB = 72,41\%$ .

Kết quả phân tích cấu trúc quần thể và mối quan hệ di truyền (POPGENE) chỉ ra sự khác biệt về di truyền giữa các xuất xứ là 22,36% ( $G_{ST} = 0,2232$ ) và giữa các mẫu trong cùng xuất xứ là 77,64% ( $Phi_{PT} = 0,224$ ;  $p \leq 0,001$ ) với tần số trao đổi gen thấp ( $N_m = 1,7400$ ). Khoảng cách di truyền

giữa các xuất xứ dao động trong khoảng từ 0,1625 đến 0,1985 và mức độ tương đồng di truyền dao động từ 81,99 đến 85,01%. Các mẫu nghiên cứu theo đó được phân chia thành 3 nhóm di truyền tương ứng với các quần thể về mặt địa lý.

Kết luận này cung cấp thông tin quan trọng về mức độ đa dạng di truyền và quan hệ giữa các quần thể, giúp định hướng cho công tác bảo tồn và phát triển nguồn gen cây Chò nước ở nước ta.

**LỜI CẢM ƠN:** Để hoàn thành nghiên cứu này, nhóm tác giả đã nhận được rất nhiều sự quan tâm giúp đỡ từ các đơn vị, tổ chức và cá nhân. Đặc biệt, nhóm tác giả xin gửi lời cảm ơn trân trọng nhất đến Bộ môn Bảo tồn và phát triển nguồn gen cây lâm nghiệp, Bộ môn Sinh học phân tử thuộc Viện Nghiên cứu Giống và Công nghệ sinh học Lâm nghiệp đã tạo điều kiện và hỗ trợ nhóm tác giả trong quá trình thu thập và xử lý mẫu nghiên cứu.

**TÀI LIỆU THAM KHẢO**

1. Allendorf, E.F., Funk, C. W, Aitken, S. N., Byrne, M., Luikart, G., 2022. Conservation and the Genomics of Populations. Oxford University Press, London, UK.
2. Bộ Khoa học và Công nghệ, 2007. Sách Đỏ Việt Nam, phần Thực vật. NXB Khoa học tự nhiên và Kỹ thuật, Hà Nội, 302-303.
3. Earl, D.A., Vonholdt, B.M., 2012. Structure Harvester: A Website and Program for Visualizing Structure Output and Implementing the Evanno Method. *Conserv. Genet. Resour.* 4:359 - 361.
4. Ellstrand, N.C., 1992. Gene flow among seed plant populations. *New Forest* 6, 241-256.
5. Galván-Hernández, D. M., Lozada-García, J. A., Flores-Estévez, N., Galindo-González, J., & Vázquez-Torres, S. M., 2015. Variation and genetic structure in *Platanus mexicana* (Platanaceae) along riparian altitudinal gradient. *International Journal of Molecular Sciences*, 16(1), 2066-2077. DOI: 10.3390/ijms16012066
6. Huang, W. J., Ning, G. G., Liu, G. F., & Bao, M. Z., 2009. Determination of genetic stability of long-term micropropagated plantlets of *Platanus acerifolia* using ISSR markers. *Biologia Plantarum*, 53, 159 - 163.
7. Jordano, P., 2010. Pollen, seeds and genes: The movement ecology of plants. *Heredity*, 105, 329 - 330.
8. 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 - 1549. DOI:10.1093/molbev/msy096.
9. Lee, J. Y., Han, M. S., & Shin, C. S., 2012. Variant identification in *Platanus occidentalis* L. using SNP and ISSR markers. *Korean Journal of Plant Resources*, 25(3), 308-316.
10. Muhammad, I. and Muhammad, I., 2014. Molecular markers in plants for analysis of genetic diversity: A review. *European Academic Research*, 2(1), 1513-1540.
11. Peakall, R. O. D., & Smouse, P. E., 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular ecology notes*, 6(1), 288 - 295. DOI: 10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x.
12. White, T. L., 2007. *Forest Genetics*. CAB International.
13. Yeh, F. C., Yang, R. C., Boyle, T. B. J., Ye, Z. H., & Mao, J. X., 1997. POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis, version 1.31. Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Alberta.

**Email tác giả liên hệ:** phanmuikhln@gmail.com

**Ngày nhận bài:** 12/09/2025

**Ngày phản biện đánh giá và sửa chữa:** 26/09/2025; 01/10/2025

**Ngày duyệt đăng:** 28/10/2025