

# ĐÁNH GIÁ MỨC ĐỘ ĐA DẠNG DI TRUYỀN QUẦN THỂ CHỌN GIỐNG KEO LÁ TRÀM Ở VIỆT NAM

Lê Sơn

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

## TÓM TẮT

Keo lá tràm (*Acacia auriculiformis*) là loài cây lâm nghiệp quan trọng tại Việt Nam nhờ khả năng thích nghi rộng và vai trò làm bố mẹ trong các tổ hợp keo lai. Tuy nhiên, mức độ đa dạng di truyền trong quần thể chọn giống hiện tại còn hạn chế, tiềm ẩn nguy cơ suy thoái di truyền và giảm khả năng chọn lọc bền vững. Nghiên cứu này nhằm đánh giá đa dạng di truyền của 150 gia đình Keo lá tràm (gồm 100 gia đình mới nhập nội từ Indonesia và 50 gia đình đã có trước đây) bằng chỉ thị vi vệ tinh (SSR). Kết quả cho thấy việc bổ sung vật liệu giống mới giúp gia tăng đáng kể số alen ( $N_a = 14,3$ ), số alen hiệu quả ( $N_e = 6,4$ ) và tỷ lệ dị hợp tử quan sát ( $H_o = 0,82$ ), đồng thời giảm hệ số cố định ( $F = -0,05$ ), phản ánh sự cải thiện rõ rệt về tính đa dạng và không có mối quan hệ di truyền cận huyết giữa các xuất xứ. So sánh giữa các nguồn gốc cho thấy quần thể Papua New Guinea (PNG) có tính đa dạng di truyền cao hơn quần thể Queensland QLD ( $N_a = 11,3$ ,  $N_e = 4,6$ ), gợi ý chiến lược lai tạo cần kết hợp giữa các xuất xứ, cá thể có khoảng cách di truyền lớn. Kết quả nghiên cứu còn cung cấp cơ sở khoa học cho việc thiết kế vườn giống, lựa chọn bố mẹ, và phát triển chương trình chọn giống chống chịu sâu bệnh hiệu quả, bền vững.

**Từ khóa:** Chỉ thị phân tử, đa dạng di truyền, Keo lá tràm, nguồn gen

## EVALUATION OF THE GENETIC DIVERSITY OF THE VIETNAMESE BREEDING POPULATION OF *Acacia auriculiformis*

Le Son

*Institute of Forest Tree Improvement and Biotechnology*

## ABSTRACT

*Acacia auriculiformis* is an important forestry species in Vietnam due to its wide adaptability, fast growth and its role as a parent in hybrid breeding programs. However, the current breeding population exhibits limited genetic diversity, posing risks of genetic degradation and reduced long-term improvement potential. This study aimed to assess the genetic diversity of 150 *A. auriculiformis* families (including 100 newly introduced families from Indonesia and 50 existing provenances) using microsatellite markers (SSRs). Results showed that the addition of new genetic materials significantly increased the average number of alleles ( $N_a = 14.3$ ), effective alleles ( $N_e = 6.4$ ), and observed heterozygosity ( $H_o = 0.82$ ), while reducing the fixation index ( $F = -0.05$ ), indicating a notable improvement in genetic diversity and a reduction in inbreeding. Comparison between origin groups revealed that families from Papua New Guinea (PNG) had higher polymorphism ( $N_a = 11.3$ ,  $N_e = 4.6$ ) than those from Queensland (QLD), suggesting that hybrid breeding strategies should combine internal diversity with wide genetic distances. These findings provide a scientific basis for designing breeding orchards, selecting non-related parents, and supporting the development of effective and sustainable breeding programs for disease-resistant *Acacia* clones under current and future climate change conditions.

**Keywords:** *Acacia auriculiformis*, genetic diversity, genetic resources, molecular marker.

## I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Keo lá tràm (*Acacia auriculiformis*) thuộc họ Đậu (*Fabaceae*), có phân bố tự nhiên tại các vùng khí hậu nóng ẩm và bán ẩm của Úc, Papua New Guinea và Indonesia. Nhờ khả năng thích nghi rộng, sinh trưởng nhanh và ít bị sâu bệnh gây hại hơn so với Keo tai tượng (*A. mangium*) nên loài cây này đã được trồng rộng rãi tại nhiều quốc gia nhiệt đới, trong đó có Việt Nam (Harwood *et al.*, 2015). Tại Việt Nam, Keo lá tràm giữ vai trò quan trọng không chỉ với vai trò là loài trồng rừng sản xuất (với ước tính khoảng 300.000 ha rừng trồng đến năm 2020) mà còn được sử dụng làm cây bố mẹ để tạo ra các giống keo lai có năng suất, chất lượng cao (Lê Đình Khả, 2003).

Chương trình chọn giống cho các loài keo nhiệt đới (gồm Keo tai tượng, Keo lá tràm và giống lai giữa 2 loài này) tại Việt Nam được tiến hành từ những năm 1990, qua đó đã chọn lọc được quần thể chọn và phát triển giống Keo lá tràm bao gồm hơn 100 cây trội từ các khảo nghiệm hậu thế với các xuất xứ được thu thập từ các vùng phân bố tự nhiên (chủ yếu ở Indonesia) và các chương trình chọn giống tại Thái Lan và Úc (Harwood *et al.*, 2015). Mặc dù, các vườn giống Keo lá tràm đã được thiết lập trong hai thập kỷ qua, nhiều nghiên cứu cho thấy mức độ đa dạng di truyền của loài này nói chung cũng như trong quần thể chọn giống tại Việt Nam vẫn thấp hơn đáng kể so với nhiều loài cây rừng khác (White *et al.*, 2007).

Việc duy trì mức độ đa dạng di truyền cao trong quần thể chọn lọc và phát triển giống là yếu tố then chốt nhằm đảm bảo tiềm năng cải thiện di truyền một cách bền vững và hạn chế rủi ro thoái hóa giống do giao phối cận huyết (Allendoft *et al.*, 2007). Đặc biệt trong bối cảnh gần đây, rừng trồng các loài keo ở khu vực Đông Nam Á nói chung và Việt Nam nói riêng đã xuất hiện bệnh hại nghiêm trọng do nấm *Ceratocystis* gây ra ở Keo tai tượng và keo lai,

làm gia tăng nhu cầu cấp thiết đối với các giống có khả năng chống chịu (Tarigan *et al.*, 2016), trong đó Keo lá tràm được ghi nhận là có tính chống chịu cao hơn so với Keo tai tượng và keo lai (Trang *et al.*, 2018). Theo kinh nghiệm từ chương trình lai tạo bạch đàn lai tại Brazil, khả năng chọn lọc được các tổ hợp/dòng lai có tính chống chịu với sâu bệnh hiệu quả phụ thuộc nhiều hơn vào mức độ đa dạng di truyền của các cây bố mẹ hơn là số lượng các dòng đưa vào trồng thử nghiệm (Dehon *et al.*, 2013). Vì vậy, chương trình chọn giống chống chịu sâu bệnh cho Keo lá tràm và keo lai cần chú trọng không chỉ vào số lượng dòng vô tính hay dòng gia đình, mà còn phải đảm bảo tính đa dạng di truyền cao và không đồng huyết của quần thể chọn giống. Một trong những giải pháp hiệu quả là bổ sung vật liệu truyền dẫn từ các nguồn gen mới không cùng huyết thống nhằm mở rộng mức độ đa dạng di truyền của quần thể chọn/tạo giống hiện có.

Gần đây, thông qua chương trình hợp tác trong cải thiện giống các loài keo, 100 lô hạt Keo lá tràm (gia đình) có nguồn gốc từ Indonesia - theo cơ sở dữ liệu của Trung tâm Hạt giống Quốc tế Úc (Australia Tree Seed Centre) là không trùng với nguồn hạt đã được du nhập về Việt Nam trong giai đoạn trước - đã được nhập nội và đưa vào chương trình chọn giống. Trước yêu cầu đảm bảo hiệu quả cải tiến giống trong tương lai, việc đánh giá mức độ đa dạng di truyền của các nguồn gen mới này là cần thiết.

Chỉ thị vi vệ tinh (Microsatellite hay SSR - Simple Sequence Repeat) là công cụ sinh học phân tử hiệu quả trong đánh giá đa dạng di truyền nhờ tính đa hình cao, di truyền ổn định và phân bố rộng trong hệ gen. Việc sử dụng các chỉ thị SSR cho phép phân tích cấu trúc di truyền quần thể, xác định mức độ dị hợp, phân hóa di truyền giữa các quần thể và xây dựng cây quan hệ di truyền, đặc biệt trong nghiên cứu cải thiện giống cho các loài cây rừng (Nowakowska, 2016). Đây là nền tảng

quan trọng trong công tác chọn giống, bảo tồn nguồn gen và quản lý tài nguyên di truyền một cách bền vững. Việc sử dụng chỉ thị SSR trong phân tích di truyền còn cung cấp thông tin chính xác để hỗ trợ việc lựa chọn cây bố mẹ, thiết kế vườn giống có tính đa dạng cao, và hạn chế nguy cơ suy thoái do giao phối cận huyết trong các thế hệ tiếp theo (Le, 2018).

Do đó, nghiên cứu này được thực hiện nhằm đánh giá đa dạng di truyền của các nguồn giống Keo lá tràm đã có trước đây ở nước ta và mới nhập nội từ Indonesia bằng chỉ thị SSR, từ đó đề xuất cơ sở khoa học cho việc xây dựng chiến lược chọn tạo và bảo tồn giống của loài cây quan trọng này trong tương lai.

**II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU**

**2.1. Vật liệu nghiên cứu và tách chiết DNA**

Mẫu lá của 1.500 cây con từ 150 gia đình Keo lá tràm (10 cây/gia đình) (gồm 100 gia đình mới nhập nội từ nguồn hạt giống của Indonesia và 50 gia đình đã được nhập về Việt Nam trong giai đoạn trước) (bảng 1), được thu ở vườn ươm của Viện Nghiên cứu Giống và Công nghệ sinh học Lâm nghiệp. Mỗi mẫu được bảo quản riêng biệt trong túi nilon có khóa (zip) riêng, được giữ lạnh trong thùng xốp và vận chuyển đến phòng thí nghiệm di truyền phân tử của Viện Nghiên cứu Giống và Công nghệ sinh học Lâm nghiệp - Viện Khoa học Lâm nghiệp Việt Nam để tiến hành tách chiết DNA.

**Bảng 1.** Danh sách các gia đình Keo lá tràm được sử dụng trong nghiên cứu

STT	Tên lô hạt	Xuất xứ	Số lượng gia đình
<i>Các xuất xứ mới nhập nội</i>			
1	18601	Melville Orchard, NT	11
2	16608	Bandabern of Bulla, PNG	2
3	16609	Belamuk, PNG	1
4	17553	Bensbach, PNG	37
5	17966	Boggy Creek, QLD	10
6	16756	Enormamby River, QLD	1
7	18359	Lower Poscoe River, QLD	14
8	16606	Morehead R Rouku, PNG	8
9	18246	Morehead River, PNG	1
10	17961	Oliver River, QLD	2
11	18247	Wenlock River, QLD	13
<i>Các xuất xứ đã có trước đây</i>			
12	19326	Sakaerat SSO Thái Lan	24
13	19255	Melville Orchard, NT	16
14	18998	Pascoe Cape Work, QLD	2
15	17966	Boggy Creek, QLD	2
16	18854	Archer R and Tribs, QLD	2
17	19246	Wenlock River, QLD	2
18	19250	Coen River, QLD	2
	Tổng cộng		150

(QLD: Queensland, PNG: Papua New Guinea, SSO: Vườn giống - Seedling Seed Orchard, NT: Northern Territory)

Khoảng 200 mg mô của từng mẫu lá của từng cây riêng lẻ được cân, nghiền bằng cối chày sứ trong nitor lỏng trước khi tiến hành tách chiết

DNA tổng số bằng bộ kit DNeasy™ 96 Plant Kit (Qiagen) (Hiden, Germany).

Nồng độ và độ tinh sạch của DNA tổng số được đánh giá thông qua điện di trên gel agarose 1% và đo phổ hấp thụ bằng máy quang phổ Nanodrop ND - 1000 (Thermo Fisher Scientific, Hoa Kỳ).

**2.2. Phân tích các chỉ thị vi vệ tinh (Microsatellite)**

Mười chỉ thị vi vệ tinh được chọn lọc từ nghiên cứu của Butcher và đồng tác giả (2000) phát

triển cho Keo tai tượng, Ng và đồng tác giả (2005) phát triển cho giống keo lai (*Acacia hybrid*), là các chỉ thị đã được xác định là có khả năng hoạt động tốt với Keo lá tràm (Le, 2018) được sử dụng cho nghiên cứu này (bảng 2). Các cặp mồi được tổng hợp bởi Sigma ProLigo, trong đó mồi xuôi của mỗi cặp được gắn chất huỳnh quang để phục vụ cho phân tích kiểu gen bằng phương pháp điện di mao quản.

**Bảng 2.** Thông tin các mồi được sử dụng trong nghiên cứu

STT	Tên mồi	Trình tự (5' - 3')	Nguồn
1	AH29	F: GGCCATCTCTATCCATCTCC	Ng <i>et al.</i> , 2015
		R: CCTTCCCCAATTCCTTTGCTTC	
2	AH54	F: AATGAACAAGAGCCATCACAG	
		R: GGTATGGTGTCTATGAGCTATC	
3	AH69	F: CTCTACCAGCTTCATTCGTC	
		R: TCCACTCTTCCCTCTCAACT	
4	AH76	F: GGGGAGGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	
		R: GTGACCTGAGTTAGGAAGGAGC	
5	AH3_6	F: AGCCAAGGTTGAGACTGTAA	
		R: TCCTTTTTCTCAGCTTTGTC	
6	Am041	F: TAGGCTAATGGTCATATTCCTAG	Butcher <i>et al.</i> , 2000
		R: AGAGATAGGGGTACACACTAAAAAAC	
7	Am387	F: TGATACAAGGGAAGACAGAGTGG	
		R: CCAACTCAAACCTGACAACG	
8	Am456	F: TGGGTATCACTTCCACCATT	
		R: AGGCTGCTTCTTTGTGCAGG	
9	Am014	F: GATCTAACGTTGCTATATGAGGAAAGG	
		R: CTGGTTGTTTCGCTTATATGG	
10	Am164	F: ACCCGGACGTATAGAAATAAATACA	
		R: CGTGAGGCAAGCAATATC	

**2.3. Phản ứng PCR và phân tích sản phẩm PCR**

PCR được thực hiện trên máy GeneAmp PCR System 9700 (Applied Biosystems, Hoa Kỳ) với thể tích phản ứng cuối cùng là 25 µl/phản ứng, bao gồm: 12,5 µl PCR master mix, 2 µl mồi xuôi và ngược nồng độ 0,2 µM mỗi mồi, 2 µl DNA gốc (nồng độ 20 ng DNA) và 9,5 µl nước khử ion.

Điều kiện chu trình gia nhiệt theo phương pháp thay đổi nhiệt độ (Touchdown) được thực hiện theo Butcher và đồng tác giả (2000) có thay đổi theo phương pháp của Le (2018). Phản ứng PCR

được thực hiện theo chu trình touchdown nhằm tăng độ đặc hiệu của quá trình khuếch đại. Hỗn hợp phản ứng được biến tính ban đầu ở 95°C trong 3 phút, sau đó tiến hành 40 chu kỳ khuếch đại. Mỗi chu kỳ gồm: biến tính ở 95°C trong 30 giây, gắn mồi trong 30 giây, và kéo dài mạch ở 72°C với thời gian phù hợp theo chiều dài đoạn DNA đích (khoảng 30 - 60 giây/kb). Trong giai đoạn touchdown, nhiệt độ gắn mồi ban đầu là 60,0°C và được giảm 0,5°C sau mỗi 2 chu kỳ, cho đến 50,5°C ở chu kỳ cuối. Ví dụ, nhiệt độ

gắn mỗi 60,0°C ở chu kỳ 1 và 2, chu kỳ 3 và 4 ở nhiệt độ 59,5°C và kết thúc với 50,5°C ở chu kỳ 39 và 40. Kéo dài phản ứng ở 72°C trong 10 phút và giữ ở 4°C cho đến khi phân tích tiếp theo.

Sản phẩm PCR sau đó được phân tích bằng máy giải trình tự ABI 3130 Genetic Analyzer (Thermo Fisher Scientific, Hoa Kỳ) để xác định kiểu gen với phương pháp điện di mao quản (Smith *et al.*, 1986). Dữ liệu kiểu gen sau đó được phân tích bằng phần mềm GenMapper 3.5.

**2.4. Phân tích di truyền**

Các thông số đa dạng di truyền của các quần thể được xác định bằng phần mềm GenAlex phiên bản 6.15 (Peakall and Smouse, 2012), sử dụng module Frequency và lựa chọn tần số alen đồng trội (codominant allele frequencies) (Nei, 1978).

Các tiêu chí đánh giá bao gồm:

- Tỷ lệ đa hình (P%)
- Số lượng alen (Na)
- Số alen hiệu quả (Ne)
- Tỷ lệ dị hợp tử quan sát (Ho)
- Tỷ lệ dị hợp tử kỳ vọng (He)

**III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN**

**3.1. Mức độ đa dạng di truyền của quần thể chọn giống Keo lá tràm tại Việt Nam**

Kết quả phân tích cho thấy quần thể chọn giống Keo lá tràm hiện có ở nước ta sở hữu mức độ đa dạng di truyền ở mức độ trung bình,

phản ánh kết quả của quá trình thu thập và tuyển chọn giống từ nhiều nguồn khác nhau, đặc biệt là nguồn hạt từ vườn giống Keo lá tràm tại Thái Lan, nơi được trồng từ các nguồn hạt thu từ nhiều xuất xứ tự nhiên. Số alen trung bình (Na) ghi nhận được là 10,2 alen/locus, số alen hiệu quả (Ne) đạt 4,9 và chỉ số Shannon (I) là 1,63.

Tỷ lệ dị hợp tử quan sát ( $H_o = 0,77$ ) và kỳ vọng ( $H_e = 0,75$ ) đều ở mức độ tương đối cao, cho thấy khả năng giao phấn mở và mức độ phong phú kiểu gen trong quần thể. Giá trị chỉ số cố định ( $F = -0,03$ ) phản ánh hiện tượng dư thừa dị hợp tử không đáng kể trong quần thể chọn giống (bảng 3). Kết quả phân tích đa dạng di truyền cho thấy quần thể chọn giống Keo lá tràm tại Việt Nam hiện nay đang duy trì được mức đa dạng di truyền trung bình - khá, đặc biệt thể hiện rõ ở các chỉ tiêu dị hợp tử ( $H_o$  và  $H_e$ ) và chỉ số Shannon. Đây là cơ sở quan trọng cho thấy quần thể vẫn còn tiềm năng di truyền đủ lớn để tiếp tục triển khai các chu kỳ cải thiện giống tiếp theo mà chưa xuất hiện các dấu hiệu suy thoái di truyền nghiêm trọng. Trong bối cảnh các nguồn hạt tự nhiên mới từ Australia và Papua New Guinea ngày càng bị hạn chế do yếu tố pháp lý, sinh thái và chi phí tiếp cận, việc duy trì và khai thác hiệu quả nguồn gen hiện có trong nước trở nên đặc biệt cấp thiết.

**Bảng 3.** Mức độ đa dạng di truyền quần thể chọn giống Keo lá tràm tại Việt Nam trước và sau khi bổ sung nguồn gen mới

Quần thể chọn giống	Na	Ne	I	Ho	He	F
Trước đây	10,2	4,9	1,63	0,77	0,75	-0,03
Sau khi bổ sung nguồn giống mới	14,3	6,4	1,87	0,82	0,78	-0,05

(Na = Số lượng alen trung bình, Ne = Số lượng alen có hiệu lực, I = Chỉ số đa dạng Shannon, Ho = Hệ số dị hợp tử quan sát, He = hệ số dị hợp tử mong đợi, F = chỉ số cố định)

Sau khi bổ sung thêm 100 gia đình từ Indonesia, mức độ đa dạng di truyền của quần thể chọn giống Keo lá tràm đã có sự cải thiện rõ rệt. Số alen trung bình tăng từ 10,2 lên 14,3 alen/locus;

số alen hiệu quả tăng từ 4,9 lên 6,4; và chỉ số Shannon tăng từ 1,63 lên 1,87. Sự gia tăng đáng kể của số lượng alen trung bình (Na) và số alen hiệu quả (Ne) sau khi bổ sung 100 gia đình từ

Indonesia cho thấy việc làm giàu quần thể bằng các nguồn gen có xuất xứ khác biệt về mặt di truyền là một giải pháp hiệu quả để mở rộng cơ sở di truyền mà không nhất thiết phải tiếp cận trực tiếp các quần thể tự nhiên nguyên sản. Đặc biệt, số alen - nhất là các alen hiếm - có vai trò quan trọng trong việc duy trì khả năng thích nghi lâu dài của quần thể trước các điều kiện môi trường biến động, như biến đổi khí hậu, sâu bệnh mới nổi hoặc điều kiện lập địa bất lợi. Trong khi đó, các chỉ tiêu dị hợp tử thường phản ánh trạng thái cân bằng di truyền hiện tại, nhưng ít nhạy cảm hơn với các biến động lịch sử của quần thể so với số lượng alen.

Đáng chú ý, tỷ lệ dị hợp tử quan sát tăng từ 0,77 lên 0,82, và giá trị  $F$  giảm xuống -0,05 đồng nghĩa với việc tỷ lệ dị hợp tử quan sát được cao hơn so với tỷ lệ dị hợp tử mong đợi. Giá trị chỉ số cố định ( $F$ ) âm và có xu hướng giảm nhẹ sau khi bổ sung nguồn gen mới cho thấy quần thể chọn giống không có dấu hiệu gia tăng giao phối cận huyết, thậm chí còn có xu hướng dư thừa dị hợp tử. Điều này đặc biệt quan trọng đối với các loài cây rừng giao phấn chéo như Keo lá tràm, bởi duy trì mức dị hợp tử cao không chỉ giúp cải thiện sinh trưởng và sức sống của cây trồng mà còn góp phần giảm thiểu nguy cơ suy thoái do tích lũy các alen bất lợi qua nhiều thế hệ chọn lọc. Do đó, kết quả nghiên cứu củng cố luận điểm rằng việc bổ sung có chọn lọc các nguồn gen không cùng huyết thống là chiến lược then chốt để nâng cao hiệu quả và tính bền vững của chương trình chọn giống Keo lá tràm ở Việt Nam. Qua đó, duy trì được mức độ đa dạng di truyền cần thiết để giảm thiểu nguy cơ giảm tính đa dạng di truyền quần thể thông qua thụ phân tự do và hiện tượng “thắt cổ chai” (bottle neck) qua các thế hệ (White *et al.*, 2007).

### 3.2. So sánh đa dạng di truyền giữa các xuất xứ

Khi so sánh các quần thể xuất xứ nguyên sản (loại trừ các gia đình từ vườn giống), quần thể

PNG thể hiện số alen trung bình ( $N_a = 11,3$ ) và số alen hiệu quả ( $N_e = 4,6$ ) cao hơn rõ rệt so với quần thể QLD ( $N_a = 8,1$ ;  $N_e = 2,8$ ). Chỉ số Shannon ở quần thể PNG (1,75) cũng cao hơn so với QLD (1,32). Tuy nhiên, các chỉ số dị hợp tử ( $H_o$  và  $H_e$ ) giữa hai quần thể lại tương đương nhau ( $H_o = 0,75 - 0,76$ ;  $H_e = 0,72$  cho cả hai quần thể), cho thấy mức độ đa dạng về kiểu gen là tương đương. Tuy vậy, giữa 2 quần thể lại có sự chênh lệch khá rõ về số lượng alen (bảng 4), phản ánh tác động của trôi dạt gen (genetic drift) và sự khác biệt về quy mô quần thể. Theo nhiều nghiên cứu về di truyền quần thể, số lượng alen là chỉ tiêu nhạy cảm phản ánh mức độ phong phú di truyền và lịch sử tiến hóa của quần thể, thường suy giảm nhanh hơn so với mức dị hợp tử khi quần thể trải qua hiện tượng suy giảm kích thước hoặc bị phân mảnh. Sự mất alen, đặc biệt là các alen hiếm, thường liên quan đến tác động của trôi dạt di truyền và quy mô quần thể hiệu quả nhỏ (Hill *et al.*, 2023). Các nghiên cứu trước đây sử dụng chỉ thị SSR và SNP trên nhiều loài cây rừng và sinh vật hoang dã cũng ghi nhận rằng các quần thể bị cô lập hoặc chịu tác động mạnh của con người thường có số lượng alen thấp hơn, trong khi các chỉ tiêu dị hợp tử vẫn có thể được duy trì ở mức tương đối ổn định (Fisher *et al.*, 2017). Do đó, sự chênh lệch về số lượng alen giữa hai quần thể trong nghiên cứu này có thể phản ánh sự khác biệt về lịch sử quần thể, mức độ trao đổi gen cũng như khả năng duy trì đa dạng di truyền lâu dài. Mô hình này cũng phản ánh một quy luật phổ biến trong di truyền quần thể, đó là sự suy giảm số lượng alen thường xảy ra nhanh hơn so với sự suy giảm dị hợp tử khi quần thể trải qua hiện tượng trôi dạt di truyền hoặc suy giảm kích thước hiệu quả (White *et al.*, 2007). Điều này gợi ý rằng mặc dù các quần thể vẫn có thể duy trì mức dị hợp tử tương đối ổn định trong ngắn hạn, nhưng sự mất mát alen - đặc biệt là alen hiếm - có thể

làm giảm đáng kể tiềm năng thích nghi và tiến hóa của loài trong dài hạn.

Mức độ đa dạng di truyền của các vườn giống tại Thái Lan và NT (Australia) là cao hơn đáng kể so với các xuất xứ tự nhiên từ PNG và QLD, thể hiện ở tất cả các chỉ tiêu phân tích (bảng 4) Nguyên nhân chính là do các vườn giống này

được xây dựng từ các lô hạt được thu từ cả 2 quần thể tự nhiên của loài. Vì vậy, các lô hạt thu từ 2 vườn giống này mang cả 2 nguồn di truyền từ 2 quần thể tự nhiên, lại được làm giàu và duy trì thông qua quá trình thụ phấn tự do giữa các cây có nguồn gốc xuất xứ khác nhau có trong vườn giống.

**Bảng 4.** So sánh các giá trị đa dạng di truyền giữa các nguồn giống Keo lá trà

Nguồn gốc	Số gia đình	Na	Ne	I	Ho	He	F
QLD	50	8,1	2,8	1,32	0,75	0,72	-0,04
PNG	49	11,3	4,6	1,75	0,76	0,72	-0,05
Thái Lan	24	14,7	4,7	1,88	0,78	0,73	-0,05
Vườn giống NT	27	14,2	4,4	1,85	0,79	0,73	-0,06

Kết quả phân tích cho thấy sự khác biệt di truyền chủ yếu nằm ở số lượng alen hiếm và cấu trúc phân bố alen, thay vì sự khác biệt lớn về tỷ lệ dị hợp. Kết quả cũng phù hợp với nhận định của Wickneswari và Norwati (1993) rằng sự sai khác về di truyền chủ yếu nằm ở giữa các cá thể trong cùng một quần thể, hơn là giữa các quần thể khác nhau. Điều này có ý nghĩa quan trọng trong việc hoạch định và triển khai các chương trình cải thiện giống, đó là cần ưu tiên khai thác mức độ đa dạng di truyền nội tại trong từng quần thể chứ không nên tập trung quá nhiều vào sự sai khác giữa các quần thể, đồng thời kết hợp lai giống giữa các nhóm cá thể/quần thể có khoảng cách di truyền cao để tăng cơ hội biểu hiện ưu thế lai ở thế hệ tiếp theo cả ở mức độ thuần loài cũng như lai khác loài với Keo tại tởng.

Trong bối cảnh Việt Nam chủ yếu sử dụng các nguồn giống thứ cấp (vườn giống, rừng trồng giống), sự khác biệt về số lượng alen giữa các xuất xứ nhấn mạnh tầm quan trọng của việc bảo tồn phổ alen rộng nhất có thể trong các quần thể chọn giống và quần thể bảo tồn *ex situ*. Các vườn giống tại Thái Lan và NT (Australia) cho thấy mức độ đa dạng di truyền cao nhất, phản

ánh hiệu quả của chiến lược kết hợp nhiều nguồn xuất xứ khác nhau và duy trì thụ phấn tự do trong quần thể có quy mô đủ lớn. Đây có thể được xem là mô hình tham chiếu quan trọng cho việc xây dựng và quản lý các vườn giống Keo lá trà tại Việt Nam trong tương lai.

**3.3. Một số gợi ý định hướng trong chọn tạo giống và bảo tồn Keo lá trà tại Việt Nam**

Từ các kết quả phân tích, có thể đề xuất một số định hướng quan trọng cho chương trình chọn tạo giống và bảo tồn nguồn gen Keo lá trà tại Việt Nam. Thứ nhất, trong ngắn và trung hạn, cần ưu tiên khai thác tối đa đa dạng di truyền nội tại trong các quần thể hiện có thông qua thiết kế chọn lọc gia đình - cá thể hợp lý, nhằm vừa nâng cao giá trị giống vừa hạn chế nguy cơ suy giảm đa dạng di truyền. Việc lựa chọn cây trội không nên chỉ dựa trên sinh trưởng và chất lượng gỗ, mà cần kết hợp với thông tin di truyền phân tử để tránh tích lũy giao phối cận huyết không mong muốn.

Thứ hai, trong điều kiện hạn chế tiếp cận các nguồn hạt nguyên sản mới, chiến lược “làm giàu nội bộ” thông qua việc trao đổi và bổ sung vật

liệu di truyền giữa các quần thể chọn giống trong khu vực (ví dụ: Đông Nam Á) có thể là giải pháp khả thi và hiệu quả. Kết quả nghiên cứu cho thấy việc bổ sung nguồn gen từ Indonesia đã mang lại cải thiện rõ rệt về đa dạng di truyền, mở ra tiềm năng áp dụng các mô hình hợp tác khu vực trong bảo tồn và cải thiện giống cây rừng.

Cuối cùng, ở góc độ bảo tồn dài hạn, cần xem xét xây dựng các quần thể bảo tồn *ex situ* Keo lá tràm tại Việt Nam với quy mô đủ lớn và cấu trúc di truyền đại diện cho phổ biến dị rộng nhất của loài. Những quần thể này không chỉ đóng vai trò là “ngân hàng gen sống” mà còn là nguồn vật liệu chiến lược cho các chương trình chọn giống trong tương lai, đặc biệt trong bối cảnh biến đổi khí hậu và nhu cầu gỗ nguyên liệu ngày càng gia tăng.

#### IV. KẾT LUẬN

Kết quả phân tích đa dạng di truyền bằng 10 chỉ thị SSR trên 150 gia đình Keo lá tràm cho thấy quần thể chọn giống Keo lá tràm tại Việt Nam hiện đang sở hữu mức độ đa dạng di truyền ở mức trung bình - khá. Trước khi bổ sung nguồn gen mới, quần thể chọn giống có số lượng alen trung bình đạt 10,2 alen/locus, số alen hiệu quả

4,9, chỉ số Shannon 1,63 và tỷ lệ dị hợp tử kỳ vọng (He) đạt 0,75.

Việc bổ sung thêm 100 gia đình Keo lá tràm có từ Indonesia đã mang lại hiệu quả rõ rệt trong việc mở rộng cơ sở di truyền của quần thể chọn giống. Cụ thể, số lượng alen trung bình tăng 40,2% (từ 10,2 lên 14,3 alen/locus), số alen hiệu quả tăng từ 4,9 lên 6,4 và chỉ số Shannon tăng từ 1,63 lên 1,87. Đồng thời, tỷ lệ dị hợp tử quan sát tăng từ 0,77 lên 0,82 và chỉ số cố định giảm từ -0,03 xuống -0,05, cho thấy xu hướng gia tăng dị hợp và giảm nguy cơ giao phối cận huyết trong quần thể.

So sánh giữa các nguồn giống cho thấy quần thể PNG có mức độ phong phú alen cao hơn đáng kể so với quần thể QLD (Na tương ứng lần lượt là 11,3 và 8,1), trong khi các chỉ tiêu dị hợp tử giữa hai quần thể gần như tương đương ( $H_o \approx 0,75 - 0,76$ ;  $H_e \approx 0,72$ ). Điều này cho thấy sự khác biệt di truyền chủ yếu thể hiện ở thành phần và số lượng alen, đặc biệt là các alen hiếm, hơn là ở mức độ dị hợp tổng thể. Các vườn giống tại Thái Lan và NT (Úc) thể hiện mức đa dạng di truyền cao nhất ( $N_a > 14$ ;  $I \approx 1,85 - 1,88$ ), phản ánh hiệu quả của việc phối trộn nhiều nguồn xuất xứ và thụ phấn tự do trong vườn giống.

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Allendorf, F. W., Luikart, G. H., and Aitken, S. N., 2012. Conservation and the genetics of populations. John Wiley and Sons.
2. Butcher, P. A., and Moran, G. F., 2000. Genetic linkage mapping in *Acacia mangium*. 2. Development of an integrated map from two outbred pedigrees using RFLP and microsatellite loci. Theoretical and Applied Genetics, 101(4), 594 - 605.
3. Butcher, P. A., Decroocq, S., Gray, Y., and Moran, G. F., 2000. Development, inheritance and cross - species amplification of microsatellite markers from *Acacia mangium*. Theoretical and Applied Genetics, 101(8), 1282 - 1290.
4. Dehon, G., Resende, S., Resende, M., Assis, T., 2013. A roadmap to eucalyptus breeding for clonal forestry. In: Fenning T (ed) Challenges and opportunities for the world's forests in the 21st century. Springer, Dordrecht, pp 394 - 424.
5. Fischer, M.C., Rellstab, C., Leuzinger, M. Marie Roumet, Felix Gugerli, Kentaro K. Shimizu, Rolf Holderegger and Alex Widmer, 2017. Estimating genomic diversity and population differentiation - an empirical comparison of microsatellite and SNP variation in *Arabidopsis halleri*. BMC Genomics 18, 69. DOI: 10.1186/s12864-016-3459-7.

6. Harwood, C. E., Hardiyanto, E. B., and Yong, W. C., 2015. Genetic improvement of tropical acacias: Achievements and challenges. *Southern Forests*, 77(1), 11 - 18. DOI: 10.2989/20702620.2014.999302.
7. Hill, P., Dickman, C. R., Dinnage, R., Duncan, R. P., Edwards, S. V., Greenville, A., Sarre, S. D., Stringer, E. J., Wardle, G. M., Gruber, B., 2023. Episodic population fragmentation and gene flow reveal a trade-off between heterozygosity and allelic richness. *Mol Ecol.* 32(24):6766-6776. DOI: 10.1111/mec.17174. Epub 2023 Oct 24. PMID: 37873908.
8. Lê Đình Khả, 2003. Chọn tạo giống và nhân giống cho một số loài cây trồng rừng chủ yếu ở Việt Nam. Nhà xuất bản Nông nghiệp.
9. Le, S., 2018. Application of microsatellite markers to the genetic improvement of Acacia in Vietnam. PhD thesis, University of Tasmania. Hobart, Tasmania, Australia.
10. Ng, C. H., Koh, S. C., Lee, S. L., Ng, K. K. S., Mark, A., Norwati, M., and Wickneswari, R., 2005. Isolation of 15 polymorphic microsatellite loci in Acacia hybrid (*Acacia mangium* × *Acacia auriculiformis*). *Molecular Ecology Notes*, 5(3), 572 - 575. DOI: 10.1111/j.1471-8286.2005.00994.x.
11. Nowakowska, J. A., 2016. Microsatellite Markers in Analysis of Forest-Tree Populations. InTech. DOI: 10.5772/64867.
12. Peakall, R., and Smouse, P. E., 2012. GenALEX 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research - An update. *Bioinformatics*, 28(19), 2537 - 2539. DOI: 10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x.
13. Smith, L. M., Sanders, J. Z., Kaiser, R. J., Hughes, P., Dodd, C., Connell, C. R., Heiner, R., Kent, S. B. H. and Hood, L. E., 1986. Fluorescence detection in automated DNA sequence analysis. *Nature*, 321(6071), 674 - 679.
14. Tarigan, M., Yulianto, M., Gafur, A., Yong, W. C. and Sharma, M., 2016. Other Acacia species as source of resistance to Ceratocystis. In: International Workshop on Ceratocystis in tropical hardwood plantations, Yogyakarta, Indonesia, 15<sup>th</sup>-18<sup>th</sup> February 2016, 13 pp.
15. Trang, T. T., Eyles, A., Davies, N. W., Glen, M., Ratkowsky, D. and Mohammed, C. L., 2018. Screening for host responses in Acacia to a canker and wilt pathogen, *Ceratocystis manginecans*. *Forest Pathology*, 48. DOI: 10.1111/efp.12390.
16. White, T. L., Adams, W. T., Neale, D. B., 2007. Forest genetics. CABI Publishing, Cambridge, MA, USA.
17. Wickneswari, R. and Norwati, M., 1993. Genetic diversity of natural populations of *Acacia auriculiformis*. *Aust. J. Bot.*, 41,65 -77. DOI: 10.1071/BT9930065.

**Email tác giả liên hệ:** leson@vafs.gov.vn

**Ngày nhận bài:** 25/11/2025

**Ngày phản biện đánh giá và sửa chữa:** 12/12/2025; 31/12/2025

**Ngày duyệt đăng:** 05/02/2026