

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN CÁC XUẤT XỨ CÂY LAI (*Aleurites moluccana* (L.) Willd) BẰNG CHỈ THỊ PHÂN TỬ RAPD

Trần Đức Vượng¹, Bùi Ngọc Quang¹,
Lương Văn Tiến², Hoàng Văn Thắng³, Trần Hồ Quang¹
¹ Viện Nghiên cứu Giống và Công nghệ Sinh học Lâm nghiệp
² Viện Khoa học Lâm nghiệp Việt Nam
³ Viện Nghiên cứu Lâm sinh

TÓM TẮT

Đa dạng di truyền của 31 cây Lai (*Aleurites moluccana* (L.) Willd) thuộc năm xuất xứ khác nhau (Bắc Kạn, Lạng Sơn, Thanh Hoá, Nghệ An và Gia Lai) đã được đánh giá bằng bảy chỉ thị phân tử RAPD đa hình (OPN16, OPH08, OPR08, OPAL8, OPAK14, OPA4, OPAB5). Kết quả phân tích cho thấy các chỉ thị RAPD này có 960 băng, kích thước các phân đoạn ADN nằm trong khoảng từ 100 - 950 bp với tỷ lệ băng RAPD đa hình dao động từ 54,34 - 64,83%. Sơ đồ mối quan hệ hình cây từ 31 cây theo phương pháp UPGMA cho thấy hầu hết các cây của cùng một xuất xứ nằm trong cùng một nhóm và được chia thành 2 nhóm lớn với hệ số tương đồng di truyền là 0,8. Nhóm I gồm 16 cây thuộc xuất xứ Thanh Hoá, Nghệ An và Gia Lai có hệ số sai khác với các mẫu khác là 0,16 (0,84 - 1,00) và được chia thành 3 nhóm phụ. Nhóm II gồm 15 cây thuộc các xuất xứ Bắc Kạn và Lạng Sơn và được chia thành 2 nhóm phụ với hệ số tương đồng di truyền từ 0,915 - 0,985.

Từ khóa: Cây Lai, đa dạng di truyền, RAPD.

Study genetic diversity of *Aleurites moluccana* (L.) Willd's provenances by RAPD markers

Genetic diversity of 31 *Aleurites moluccana* trees from five provenances (Bac Kan, Lang Son, Thanh Hoa, Nghe An and Gia Lai) were evaluated by seven polymorphic RADP markers (OPN16, OPH08, OPR08, OPAL8, OPAK14, OPA4, OPAB5). Seven RAPD markers amplified 31 individual trees and produced 960 bands with size ranges from 100 bp to 950 bp. The polymorphic level ranged from 54.34% to 64.83%. Dendrogram obtained from 31 trees with UPGMA method showed 2 main clusters with similarity coefficient of 0.8. Cluster I comprised 16 individuals from Thanh Hoa, Nghe An and Gia Lai and having similarity coefficient from 0.84 to 1.00 and divided into three sub - clusters. Cluster II comprised 15 trees from Bac Kan and Lang Son provinces and contained 2 sub - clusters with similarity coefficient from 0.915 - 0.985.

Keywords: *Aleurites moluccana*, genetic diversity, RAPD

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Cây Lai (*Aleurites moluccana* (L.) Willd) là loài thực vật thân gỗ thuộc họ Thầu dầu (Euphorbiaceae). Ở Việt Nam loài cây này có phân bố từ các tỉnh phía Bắc như Cao Bằng, Lào Cai, Lạng Sơn, Bắc Giang, Thái Nguyên... đến các tỉnh miền Trung như Thanh Hóa, Nghệ An, Quảng Nam và các tỉnh Tây Nguyên, Gia Lai, Đắk Lắk... Đây là loài cây ưa sáng, sinh trưởng nhanh, ưa đất tốt, tầng đất sâu trên các nương rẫy cũ hoặc đất xung tích đá vôi. Lai là loài cây có khả năng tái sinh hạt và chồi đều rất tốt.

Đề tài cấp Bộ “Nghiên cứu chọn giống và kỹ thuật trồng cây Lai (*Aleurites moluccana*) ở Tây Nguyên, Bắc Trung Bộ và Đông Bắc theo hướng lấy quả” (2010 - 2014) do TSKH. Lương Văn Tiến, Viện Khoa học Lâm nghiệp Việt Nam chủ trì được thực hiện, với mục đích xác định được các biện pháp gây trồng phù hợp và xác định các giống Lai có năng suất quả, hàm lượng và chất lượng dầu cao, đồng thời đề tài cũng nghiên cứu đa dạng di truyền của 31 cây Lai (*Aleurites moluccana* (L.) Willd) thuộc năm xuất xứ khác nhau (Bắc Kạn, Lạng Sơn, Thanh Hoá, Nghệ An và Gia Lai) được đánh giá bằng bảy chỉ thị phân tử RAPD đa hình.

Dù mới được đi vào nghiên cứu, khai thác và sử dụng ở Việt Nam nhưng có thể thấy rằng Lai là cây có giá trị sử dụng cao đặc biệt là tiềm năng về khai thác dầu Diesel sinh học. Đây là sự thay thế nguồn nguyên liệu truyền thống gây ô nhiễm môi trường và đang ngày một cạn kiệt (Lương Văn Tiến *et al.*, 2012). Do

vậy, việc lựa chọn nguồn vật liệu giống ban đầu là hết sức quan trọng và là nhiệm vụ cấp thiết trong công tác bảo tồn, khai thác và phát triển nguồn gen cây bản địa có giá trị kinh tế.

Ngày nay, ngoài mục đích chọn giống theo tính trạng mục tiêu, việc duy trì một mức độ ổn định về đa dạng di truyền trong các quần thể chọn tạo giống trong các thế hệ để đảm bảo tính ổn định và linh hoạt của nguồn gen luôn được quan tâm. Việc đánh giá đa dạng và quan hệ di truyền các quần thể chọn tạo giống là một công việc không thể thiếu trong chương trình chọn giống cây lâm nghiệp.

Chỉ thị phân tử RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA - Đa hình ADN nhân bản ngẫu nhiên) là chỉ thị dựa trên nền PCR với một môi đơn có trình tự ngẫu nhiên gồm khoảng từ 5÷12 nucleotide (Williams *et al.*, 1990). Chi phí cho việc sử dụng mỗi RAPD này không cao nên thường được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền cho nhiều loài cây rừng bản địa như Cọc rào (*Jatropha curcas*) (Basha và Sujatha, 2009), Mỡ Hải Nam (*Manglietia hainanensis* Dandy) (Nguyễn Hoàng Nghĩa *et al.*, 2009), Sờ (*Camellia* sp.) (Nguyễn Quang Khải và Khuất Hữu Trung, 2007), Gõ đỏ (*Azelia xylocarpa* Kurz) (Nguyễn Hoàng Nghĩa *et al.*, 2007).

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu

Trong nghiên cứu này chúng tôi đã sử dụng mẫu lá của 31 cá thể cây Lai từ năm xuất xứ khác nhau được trình bày trong bảng 1.

Bảng 1. Các xuất xứ cây Lai được sử dụng trong nghiên cứu

STT	Địa điểm lấy mẫu	Số lượng cây	Ký hiệu
1	Bắc Kạn	8	BB: 1, 2, 5, 7, 8, 9, 11, 12
2	Lạng Sơn	7	CL: 1, 2. BS: 5, 6, 7, 9, 12
3	Thanh Hóa	6	QH: 6, 7, 8, 9, 11, 13
4	Nghệ An	3	AS: 1, 2, 3
5	Gia Lai	7	PL: 1, 5, 7, 8, 9, 10, 11

Các môi ngẫu nhiên sử dụng trong nghiên cứu là những môi có mức độ đa hình cao và đã được sử dụng trong các nghiên cứu trước

đây cho các loài cây bản địa. Bảy môi ngẫu nhiên được sử dụng trong nghiên cứu được trình bày trong bảng 2.

Bảng 2. Danh sách và trình tự bảy môi ngẫu nhiên được sử dụng

STT	Tên môi	Trình tự (5' - 3')
1	OPN16	AAGCGACCTG
2	OPH08	GAAACACCCC
3	OPR08	CCCGTTGCCT
4	OPAL8	GTCGCCCTCA
5	OPAK14	CTGTTCATGCC
6	OPA4	AATCGGGCTG
7	OPAB5	CCCGAAAGCGA

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Thu và bảo quản mẫu nghiên cứu

Mẫu để đánh giá đa dạng di truyền là lá cây Lai sạch bệnh, không quá non và không quá già (lá bánh tẻ) được thu tại các cây ở các xuất xứ khác nhau. Mẫu lá sau khi lấy về phòng thí nghiệm sẽ được nghiền thành bột mịn với ni tơ lỏng và bảo quản ở nhiệt độ - 80°C cho tới khi sử dụng.

Phương pháp sinh học phân tử

ADN tổng số được tách chiết theo phương pháp CTAB thông thường có cải tiến (Gawel và Jarret, 1991). Hàm lượng và chất lượng ADN được kiểm tra bằng phương pháp điện di trên gel agarose 1% và máy đo quang phổ Nanodrop.

Phản ứng PCR với các môi ngẫu nhiên được tiến hành với tổng thể tích là 20µl/1mẫu gồm những thành phần trong bảng 3.

Bảng 3. Thành phần phản ứng PCR - RAPD

Thành phần phản ứng	Thể tích sử dụng (µl)
H ₂ O	6
Primer (10mM)	2
PCR Master Mix	10
DNA (25 ng/µl)	2
Tổng thể tích phản ứng	20

Chu trình phản ứng PCR gồm 94°C trong 3 phút, sau đó là 40 chu trình gồm (94°C trong 1 phút, 36°C trong 30 giây, 72°C trong 1 phút), 72°C trong 10 phút và duy trì ở 12°C.

Sản phẩm PCR sau đó được điện di trên gel agarose 2,5% và nhuộm bằng Ethidium Bromide, sau đó quan sát dưới tia UV và được chụp ảnh bằng máy UV - Vis.

Phân tích mối quan hệ di truyền

Các phân đoạn DNA được ghi nhận dựa trên sự có mặt hay không có mặt của chúng ở các mẫu nghiên cứu theo thang ADN chuẩn (DNA maker). Nếu xuất hiện băng ADN thì ký hiệu là 1 còn nếu không có thì ký hiệu là 0. Các số liệu này sau đó được xử lý bằng phần mềm NTSYSpc 2.2 (Rohlf, 2008) để tính ma trận tương đồng giữa các đôi mẫu theo phương pháp UPGMA theo mức độ xa gần về mặt di truyền và vẽ thành sơ đồ hình cây trong TREE DISPLAY.

Ma trận tương đồng và khoảng cách di truyền được thiết lập dựa vào công thức của M. Nei và Li (1979).

$$S_{ij} = 2N_{ij}/(N_i+N_j)$$

Trong đó: N_i: số vạch của giống i; N_j: số vạch của giống j;

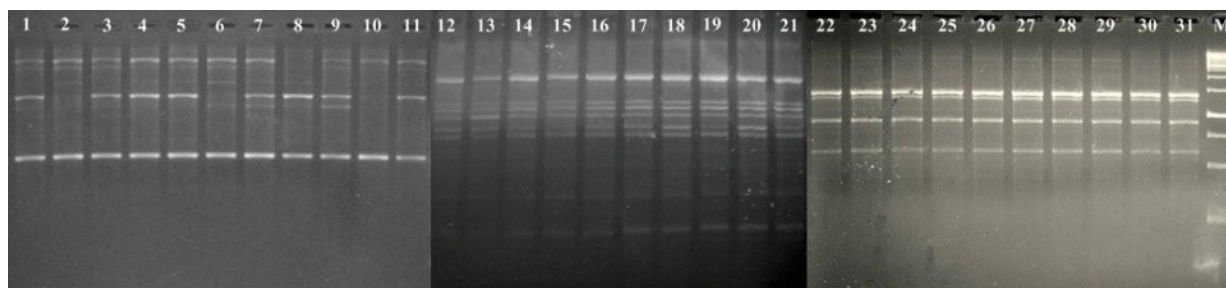
N_{ij}: số vạch trùng nhau của hai giống I và j; S_{ij}: hệ số đồng dạng.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả phân tích mức độ đa hình

Trong nghiên cứu này chúng tôi đã sử dụng bảy môi ngẫu nhiên: OPN16, OPA4, OPH08, OPR08, OPAB5; OPAL8 và OPAK14 để phân tích mức độ khác nhau về đa dạng di truyền của 31 mẫu Lai. Kết quả

nhận được cả bảy môi đều cho biểu hiện đa hình khá rõ ràng, điều này khá thuận lợi cho việc phân tích tính đa dạng ADN khi so sánh tất cả các mẫu với nhau. Điện di sản phẩm RAPD với bảy môi của 31 mẫu Lai thu được tổng cộng 960 băng, kích thước các phân đoạn ADN nằm trong khoảng từ 0,1 đến 0,95 kb.



Hình 1. Sản phẩm PCR của các mẫu Lai với môi OPAK14

Ghi chú: Số thứ tự trong ảnh là số mẫu nghiên cứu, M: DNA marker 1KB

Các phân đoạn ADN được nhân lên bằng các môi RAPD được thống kê bằng mã nhị phân và kết quả được trình bày ở bảng 4 dưới đây.

Bảng 4. Tổng hợp các băng ADN xuất hiện và đa hình của 31 cây Lai khi phân tích bằng chỉ thị RAPD với 7 môi ngẫu nhiên

Xuất xứ (ký hiệu mẫu)	Số đoạn đa hình	Tổng số đoạn	Tỷ lệ đoạn đa hình chiếm (%)
Bắc Kạn (BB)	177	273	64,83
Lạng Sơn (BS, CL)	151	245	61,63
Thanh Hóa (QH)	104	176	59,09
Gia Lai (PL)	100	184	54,34
Nghệ An (AS)	46	82	56,09
Từ các xuất xứ	578	960	60,20

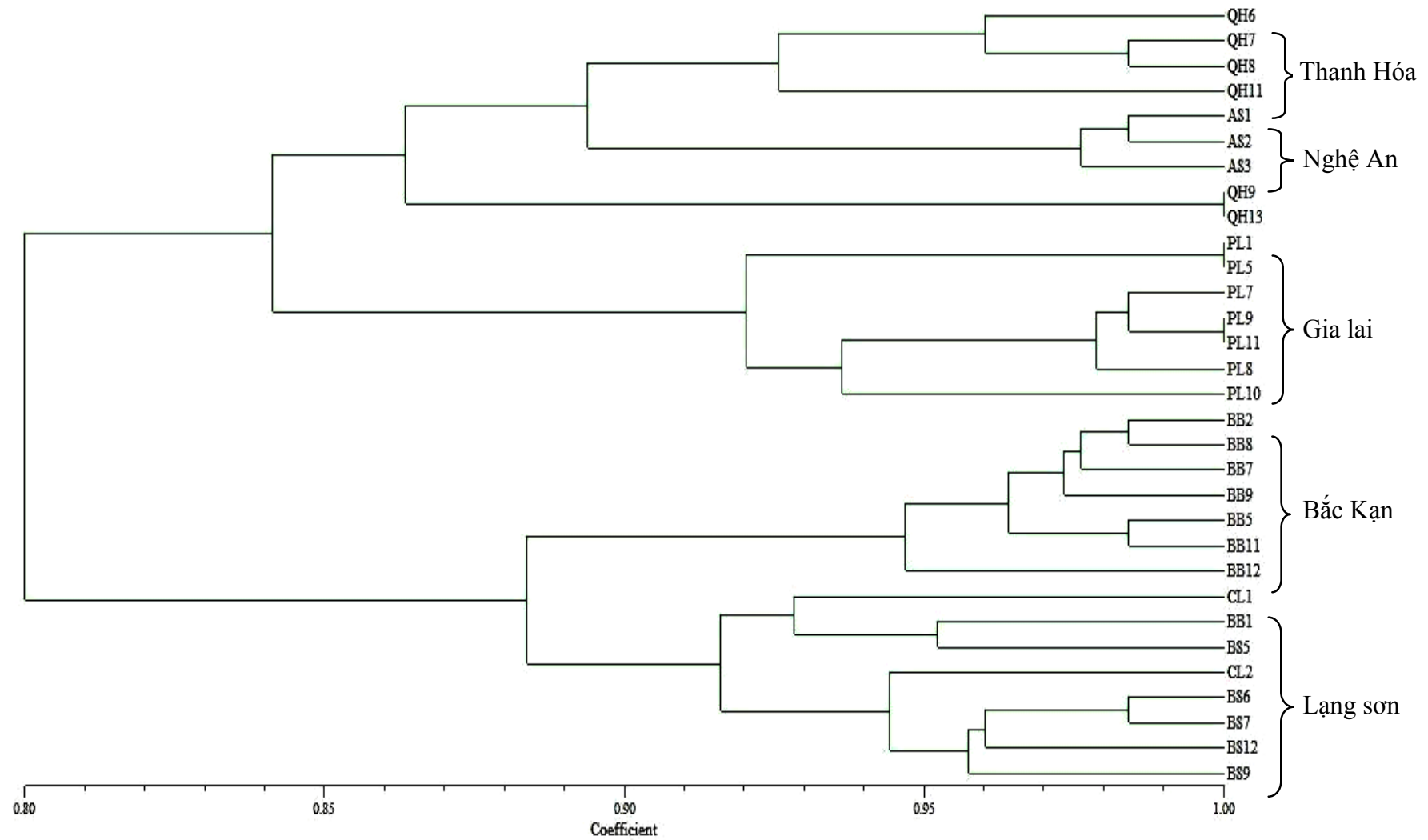
Bảng trên cho thấy, tỷ lệ băng đa hình của các xuất xứ dao động từ 54,34 - 64,83% với mức dao động là trong một khoảng giá trị nhỏ ($\approx 10\%$) chứng tỏ các xuất xứ có mức độ tương đối đồng đều về mức độ tương đồng di truyền.

3.2. Kết quả phân tích mối quan hệ di truyền

Mối quan hệ di truyền của năm xuất xứ cây Lai được tính toán bằng chương trình NT SYSpC 2.2 với thuật toán tính ma trận tương đồng giữa các đôi mẫu theo phương pháp phân nhóm UPGMA theo mức độ xa gần về mặt di truyền được thể hiện ở bảng 5 và sơ đồ hình cây được thể hiện trong hình 2 dưới đây:

Bảng 5. Bảng ma trận tương đồng của 31 cây Lai

Rows\Cols	QH6	QH7	QH8	QH9	QH11	QH13	PL1	PL5	PL7	PL8	PL9	PL10	PL11	EB1	EB2	EB5	EB7	EB8	EB9	EB11	EB12	AS1	AS2	AS3	CL1	CL2	BS5	BS6	BS7	BS12	BS9		
QH6	1.0000																																
QH7	0.9682	1.0000																															
QH8	0.9523	0.9841	1.0000																														
QH9	0.8571	0.8889	0.9047	1.0000																													
QH11	0.9206	0.9206	0.9360	0.8730	1.0000																												
QH13	0.8571	0.8889	0.9047	1.0000	0.8730	1.0000																											
PL1	0.8412	0.8412	0.8255	0.8571	0.7936	0.8571	1.0000																										
PL5	0.8412	0.8412	0.8255	0.8571	0.7936	0.8571	1.0000	1.0000																									
PL7	0.8730	0.9047	0.8889	0.8255	0.8255	0.8255	0.9360	0.9360	1.0000																								
PL8	0.8412	0.8730	0.8889	0.8571	0.8255	0.8571	0.9360	0.9360	0.9682	1.0000																							
PL9	0.8571	0.8889	0.9047	0.8412	0.8412	0.8412	0.9206	0.9206	0.9841	0.9841	1.0000																						
PL10	0.7936	0.8255	0.8412	0.8095	0.7777	0.8095	0.8889	0.8889	0.9206	0.9523	0.9360	1.0000																					
PL11	0.8571	0.8889	0.9047	0.8412	0.8412	0.8412	0.9206	0.9206	0.9841	0.9841	1.0000	0.9360	1.0000																				
EB1	0.8255	0.8571	0.8412	0.7777	0.7777	0.7777	0.8255	0.8255	0.8889	0.8571	0.8730	0.8095	0.8730	1.0000																			
EB2	0.8095	0.8412	0.8571	0.7619	0.7936	0.7619	0.7777	0.7777	0.8412	0.8412	0.8571	0.7936	0.8571	0.9523	1.0000																		
EB5	0.7936	0.7936	0.8095	0.7143	0.7460	0.7143	0.7300	0.7300	0.7936	0.7936	0.8095	0.7460	0.8095	0.9047	0.9523	1.0000																	
EB7	0.8095	0.8412	0.8255	0.7300	0.7619	0.7300	0.7777	0.7777	0.8412	0.8095	0.8255	0.7619	0.8255	0.9523	0.9682	0.9523	1.0000																
EB8	0.7936	0.8255	0.8412	0.7460	0.7777	0.7460	0.7619	0.7619	0.8255	0.8255	0.8412	0.7777	0.8412	0.9360	0.9841	0.9682	0.9841	1.0000															
EB9	0.7777	0.8095	0.8255	0.7300	0.7619	0.7300	0.7460	0.7460	0.8095	0.8095	0.8255	0.7619	0.8255	0.9206	0.9682	0.9523	0.9682	0.9841	1.0000														
EB11	0.7777	0.8095	0.8255	0.7300	0.7619	0.7300	0.7460	0.7460	0.8095	0.8095	0.8255	0.7619	0.8255	0.9206	0.9682	0.9841	0.9682	0.9841	0.9682	1.0000													
EB12	0.8412	0.8412	0.8255	0.7300	0.7619	0.7300	0.7777	0.7777	0.8412	0.8095	0.8255	0.7619	0.8255	0.9206	0.9360	0.9523	0.9682	0.9523	0.9360	0.9360	1.0000												
AS1	0.8889	0.9206	0.9360	0.8412	0.8730	0.8412	0.7936	0.7936	0.8571	0.8571	0.8730	0.8095	0.8730	0.8095	0.8255	0.7777	0.7936	0.8095	0.7936	0.7936	0.7936	1.0000											
AS2	0.8730	0.9047	0.9206	0.8255	0.8571	0.8255	0.7777	0.7777	0.8412	0.8412	0.8571	0.8255	0.8571	0.7936	0.8095	0.7619	0.7777	0.7936	0.7777	0.7777	0.7777	0.9841	1.0000										
AS3	0.8730	0.9047	0.9206	0.8571	0.8571	0.8571	0.8095	0.8095	0.8412	0.8730	0.8571	0.8255	0.8571	0.7936	0.8095	0.7619	0.7777	0.7936	0.7777	0.7777	0.7777	0.9841	0.9682	1.0000									
CL1	0.8255	0.8255	0.8095	0.8095	0.7777	0.8095	0.8889	0.8889	0.8571	0.8571	0.8412	0.8095	0.8412	0.9360	0.8889	0.8412	0.8889	0.8730	0.8571	0.8571	0.8889	0.7777	0.7619	0.7936	1.0000								
CL2	0.7936	0.8255	0.8412	0.7777	0.7777	0.7777	0.7619	0.7619	0.8255	0.8255	0.8412	0.7777	0.8412	0.9047	0.8889	0.8412	0.8571	0.8730	0.8571	0.8571	0.8571	0.7777	0.7619	0.7619	0.8730	1.0000							
BS5	0.8412	0.8730	0.8889	0.8255	0.8255	0.8255	0.8095	0.8095	0.8730	0.8730	0.8889	0.8255	0.8889	0.9523	0.9360	0.8889	0.9047	0.9206	0.9047	0.9047	0.9047	0.8255	0.8095	0.8095	0.9206	0.9523	1.0000						
BS6	0.8255	0.8255	0.8095	0.7460	0.7460	0.7460	0.7936	0.7936	0.8571	0.8255	0.8412	0.7777	0.8412	0.9360	0.8889	0.8730	0.8889	0.8730	0.8571	0.8571	0.9206	0.7777	0.7619	0.7619	0.9047	0.9360	0.9206	1.0000					
BS7	0.8412	0.8412	0.8255	0.7619	0.7619	0.7619	0.7777	0.7777	0.8412	0.8095	0.8255	0.7619	0.8255	0.9206	0.8730	0.8571	0.8730	0.8571	0.8412	0.8412	0.9047	0.7619	0.7460	0.7460	0.8889	0.9523	0.9360	0.9841	1.0000				
BS12	0.8412	0.8095	0.8255	0.7619	0.7936	0.7619	0.7777	0.7777	0.8095	0.8095	0.8255	0.7619	0.8255	0.8889	0.8730	0.8571	0.8412	0.8571	0.8412	0.8412	0.8730	0.7619	0.7460	0.7460	0.8889	0.9523	0.9360	0.9523	0.9682	1.0000			
BS9	0.8255	0.8255	0.8412	0.7777	0.7777	0.7777	0.7936	0.7936	0.8571	0.8571	0.8730	0.8095	0.8730	0.9360	0.9206	0.9047	0.8889	0.9047	0.8889	0.8889	0.9206	0.8095	0.7936	0.7936	0.9047	0.9360	0.9523	0.9682	0.9523	0.9523	1.0000		



Hình 2. Sơ đồ mối quan hệ di truyền của 31 cây Lai thuộc 5 xuất xứ

Sơ đồ mối quan hệ di truyền hình cây cho thấy hầu hết các cá thể của cùng một xuất xứ nằm cùng một nhóm với nhau và 5 xuất xứ có thể chia thành 2 nhóm lớn có hệ số tương đồng di truyền là 0,8:

Nhóm 1: gồm 16 cây thuộc các xuất xứ Thanh Hoá, Nghệ An, Gia Lai có hệ số sai khác với các mẫu khác là 0,16 (1 - 0,84) và được chia thành các nhóm phụ sau:

Nhóm phụ 1.1: gồm 7 cây cùng có xuất xứ từ Gia Lai (PL1, PL5, PL7, PL9, PL11, PL8, PL10) có hệ số tương đồng di truyền của các cây từ 0,91 - 1,00.

Nhóm phụ 1.2: gồm 4 cây thuộc xuất xứ Thanh Hoá (QH6, QH7, QH8, QH11) có hệ số tương đồng di truyền so với các nhóm khác là 0,91.

Nhóm phụ 1.3: gồm 3 cây thuộc xuất xứ Nghệ An: AS1, AS2, AS3.

Riêng 2 cây QH9 và QH13 thuộc xuất xứ Thanh Hoá nhưng lại tách biệt hẳn so với các cây còn lại thuộc cùng một xuất xứ.

Nhóm 2: gồm 15 cây còn lại và được chia thành 2 nhóm phụ.

Nhóm phụ 2.1: gồm các cây BB2, BB5, BB7, BB8, BB9, BB11, BB12 có hệ số sai khác với các mẫu còn lại là 0,05 (1 - 0,95), đây là các mẫu đều thuộc quần thể Bắc Kạn. Nhóm này lại được chia thành 2 nhóm phụ.

Nhóm phụ 2.2: gồm 8 cây CL1, CL2, BB1, BS5, BS6, BS7, BS9, BS12 chủ yếu thuộc xuất xứ Lạng Sơn và có mức độ tương đồng khoảng 0,91 và không có mẫu nào có mức độ tương đồng lớn nhất là 1,00.

Kết quả mối quan hệ di truyền của 31 cây Lai cho thấy mức độ tương đồng thấp nhất được ghi nhận là 0,714 giữa hai cây BB5 (thuộc xuất xứ Bắc Kạn) và QH9 (thuộc xuất xứ Thanh Hoá). Điều này cũng phù hợp với kết

quả của cây phân loại (Hình 2) khi hai cây Lai nằm ở hai nhóm chính có quan hệ xa nhau về mặt địa lý. Lý do mức độ tương đồng của hai cây thấp như vậy chủ yếu là vì hai cây này nằm ở hai quần thể khác nhau và có khoảng cách địa lý khá lớn (Bắc Kạn - Thanh Hóa). Điều này chứng tỏ các xuất xứ Lai có nền tảng di truyền cao, mức độ đa dạng di truyền lớn và có mức độ phân bố khá rộng. Mặt khác, việc này cũng khá hữu ích vì như vậy sẽ làm phong phú thêm nguồn gen, hiệu quả hơn trong việc chọn giống hay lai tạo giống mới.

Ngược lại, hai cây BB5 (xuất xứ Bắc Kạn) và BS1 (xuất xứ Lạng Sơn) là hai cây thu từ hai quần thể khác nhau (Bắc Kạn - Lạng Sơn) có hệ số tương đồng cao nhất 0,95. Không khó giải thích khi mà hai quần thể này có khoảng cách gần nhau hơn. Theo tài liệu thu thập mẫu được cán bộ điều tra cung cấp thì hai cây này được lấy cùng một khu vực. Với kết quả phân tích hệ số tương đồng di truyền có thể khẳng định BB5 và BS1 có khoảng cách di truyền rất gần nhau.

Các xuất xứ cây Lai có khoảng cách địa lý khá xa nhau (Lạng Sơn và Thanh Hoá) nhưng lại có hệ số tương đồng di truyền khá gần nhau (0,84 - 1,0), điều này cũng phù hợp với nghiên cứu trước đây cho cây bản địa như cây Mỡ Hải Nam (*Manglietia hainanensis* Dandy) (Nguyễn Hoàng Nghĩa *et al.*, 2009). Các xuất xứ Mỡ Hải Nam có khoảng cách khá xa về mặt địa lý (đảo Hải Nam - Trung Quốc và Vườn Quốc Gia Ba Vì - Việt Nam) nhưng lại có hệ số tương đồng di truyền từ 0,82 - 1,00.

Như vậy, trong năm xuất xứ Lai nghiên cứu có xuất xứ Nghệ An, Thanh Hóa, Gia Lai là các xuất xứ có tất cả các mẫu nghiên cứu thuộc cùng một nhóm phân loại tức là giữa các mẫu nghiên cứu thuộc xuất xứ này không có sự khác biệt rõ ràng về mặt di truyền (hệ số tương đồng di truyền trong quần thể cao).

Điều này cũng phù hợp với các nghiên cứu trước đây về mức độ đa dạng di truyền cho các loài cây bản địa như loài Pơ Mu (*Fokienia hodginsii*) dao động từ 0,87 - 1,0 (Phí Hồng Hải và Nguyễn Hoàng Nghĩa, 2013).

IV. KẾT LUẬN

Phân tích đa dạng di truyền 31 cây Lai thuộc 5 xuất xứ bằng 7 chỉ thị RAPD cho thấy cả 7 chỉ thị này thu được số băng là 960 băng, kích thước các phân đoạn ADN nằm trong khoảng từ 0,1 đến 0,95 kb. Tỷ lệ băng RAPD đa hình của năm xuất xứ dao động từ 54,34 - 64,83%

với mức dao động nhỏ ($\approx 10\%$), chứng tỏ các xuất xứ có sự ổn định về mức độ tương đồng di truyền.

Các cây trong một xuất xứ hầu hết đều nằm trong cùng một phân nhóm và có độ tương đồng di truyền dao động từ 0,80 - 1,00. Trong đó 2 phân nhóm lớn là (1) Thanh Hoá, Nghệ An, Gia Lai và (2) Bắc Kạn, Lạng Sơn có mức độ tương đồng di truyền dao động từ 0,84 đến 0,88. Mức độ tương đồng giữa các xuất xứ phù hợp với phân bố về mặt địa lý của các xuất xứ.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Basha, S. D. and Sujatha, M., 2009. Genetic analysis of *Jatropha* species and interspecific hybrids of *Jatropha curcas* using nuclear and organelle specific markers. *Euphytica* 168, 197 - 214.
2. Gawel, N. J. and Jarret, R. L., 1991. A modified CTAB DNA extraction procedure for *Musa* and *Ipomoea*. *Plant Molecular Biology Reporter* 9, 262 - 266.
3. Lương Văn Tiến, Vũ Hoàng Phương và Hoàng Văn Thắng, 2012. Kết quả nghiên cứu bước đầu về thành phần hóa học của dầu hạt Lai (*Aleurites molucana*). *Tạp chí Khoa học Lâm nghiệp* 2, 2273 - 2279.
4. Nguyễn Hoàng Nghĩa, Nguyễn Đức Thành, Trần Thùy Linh, 2007. Kết quả phân tích đa dạng di truyền loài Gõ đỏ (*Azelia xylocarpa* (Kurz) Craib.) bằng chỉ thị phân tử RAPD *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển nông thôn* 14, 44 - 48.
5. Nguyễn Hoàng Nghĩa, Trần Thanh Trang, Đỗ Tiến Phát, Nguyễn Văn Phương, Lê Văn Sơn và Chu Hoàng Hà, 2009. Phân tích đa dạng di truyền hệ gen nhân của loài Mỡ Hải Nam bằng chỉ thị RAPD và cpSSR. *Tạp chí Khoa học Lâm nghiệp* 2, 918 - 925.
6. Nguyễn Quang Khải và Khuất Hữu Trung, 2007. Nghiên cứu đa dạng di truyền một số giống Sờ (*Camellia* sp.) của Việt Nam bằng kỹ thuật RAPD. *Tạp chí Khoa học Lâm nghiệp* 4, 452 - 459.
7. Phí Hồng Hải và Nguyễn Hoàng Nghĩa, 2013. Báo cáo kết quả công tác bảo tồn và phát triển nguồn gen cây lâm nghiệp tại Viện Khoa học Lâm nghiệp Việt Nam giai đoạn 2011 - 2013 và định hướng công tác đến năm 2020. Tuyển tập báo cáo Hội nghị đánh giá kết quả hoạt động khoa học công nghệ về quỹ gen (giai đoạn 2011 - 2013). Nhà xuất bản Khoa học và Kỹ thuật Hà Nội - Việt Nam, 130 - 148.
8. Rohlf, F. J., 2008. NTSYSpc: Numerical Taxonomy System, ver. 2.20. Exeter Publishing, Ltd.: Setauket, NY.
9. Williams, J. G. K., Kubelik, A. R., Livak, K. J., Rafalski, J. A. and Tingey, S. V., 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research* 18, 6531 - 6535.

Người thẩm định: TS. Bùi Văn Thắng