

## NGHIÊN CỨU ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN NGUỒN GEN CÂY MẠY BÓI (*Bambusa burmanica* Gamble) TẠI MỘT SỐ TỈNH TÂY BẮC

Lê Sơn<sup>1\*</sup>, Nguyễn Thị Việt Hà<sup>1</sup>, Lê Thị Thủy<sup>1</sup>, Hà Thị Huyền Ngọc<sup>1</sup>,  
Trần Thị Thu Hà<sup>1</sup>, Đinh Công Trình<sup>2</sup>, Lê Anh Thanh<sup>2</sup>, Nguyễn Thị Hương Ly<sup>2</sup>,  
Hoàng Diệp Linh<sup>2</sup>, Lò Văn Bình<sup>2</sup>, Nguyễn Thanh Lân<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Viện Nghiên cứu Giống và Công nghệ Sinh học Lâm nghiệp, Viện Khoa học Lâm nghiệp Việt Nam

<sup>2</sup> Trung tâm Khoa học Lâm nghiệp Tây Bắc, Viện Khoa học Lâm nghiệp Việt Nam

### TÓM TẮT

Mạy bó ( *Bambusa burmanica* Gamble) là loài cây đa tác dụng, có giá trị kinh tế cao và được dùng phổ biến ở nhiều quốc gia, trong đó có Việt Nam. Ở nước ta, Mạy bó có phân bố tự nhiên chủ yếu ở khu vực Tây Bắc. Những năm gần đây, loài cây này bắt đầu được phát triển trong sản xuất, do đó việc nghiên cứu phát triển và bảo tồn nguồn gen loài cây này là cần thiết. Trong các hoạt động chọn lọc và phát triển giống, nghiên cứu phân tích đa dạng di truyền nguồn gen loài là hoạt động cần thiết. Các thông tin về cấu trúc quần thể, tính đa dạng di truyền của loài cung cấp những thông tin cơ bản cho việc xây dựng các hoạt động nghiên cứu và phát triển để vừa phát triển được nguồn giống có chất lượng, lại vừa duy trì tính đa dạng di truyền cần thiết của loài nhằm đáp ứng các mục tiêu nghiên cứu trong tương lai. Kết quả phân tích 48 mẫu Mạy bó thu thập từ 3 tỉnh Sơn La, Điện Biên và Lai Châu (4 điểm/tỉnh × 4 mẫu/điểm) bằng 7 mồi ISSR cho thấy mức độ đa dạng di truyền của Mạy bó tương đối cao ( $h=0,198$ ) với mức độ sai khác về mặt di truyền giữa các quần thể là 24%. Trong đó, quần thể Sơn La có tính đa dạng di truyền cao nhất và có khoảng cách di truyền xa hơn hẳn so với 2 quần thể còn lại. Một số ứng dụng của phân tích đa dạng di truyền trong nghiên cứu phát triển nguồn gen loài cây này cũng được đề cập trong nghiên cứu này.

**Từ khóa:** Đa dạng di truyền, chỉ thị phân tử, Mạy bó, ISSR

### Evaluate on genetic diversity of *Bambusa burmanica* Gamble in some North - Western provinces of Vietnam

*Bambusa burmanica* Gamble is a popular multi-use species in many countries, including Vietnam. In Vietnam, *Bambusa burmanica* Gamble is distributed naturally in the North-Western region. In recent years, this species is planted widely in some provinces for sprouts or canes production, thus research on genetic improvement and conservation is very important. The knowledge of genetic diversity provides the paramount information for research activities design in order to develop the genetic improved cultivars as well as maintain diverse genetic resources of the species. The results of the analysis of 48 samples of *Bambusa burmanica* Gamble collected from 3 provinces of Son La, Dien Bien and Lai Chau (4 locations/province × 4 samples/location) using 7 ISSR primers show that the genetic diversity of May boi is relatively high ( $h=0.198$ ) with 24% genetic difference between populations. Which, Son La population has the highest genetic diversity and a much longer genetic distance than the others. Some applications of genetic diversity analysis in the study of the genetic development of this species are also mentioned in this study.

**Keywords:** *Bambusa burmanica* Gamble, genetic diversity, ISSR, molecular marker

## I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Mạy bóí (*Bambusa burmanica* Gamble) thuộc chi *Bambusa* là loài tre có kích thước trung bình, không có gai, mọc cụm, thân thẳng đứng. Thân cây có màu xanh lá cây, khi già có màu xanh xám và có các đốm địa y màu trắng bám trên thân. Thân cứng vách dày, lóng thân khoảng 30 - 35 cm, đốt thân có vòng lông và phần trắng, vòng mo nổi rõ, mỗi đốt thân có 1 cành to và 8 - 10 cành nhỏ. Măng ăn rất ngon nên thường được dùng làm thực phẩm, thân cây được sử dụng trong xây dựng và đan lát. Nghiên cứu về thành phần chất dinh dưỡng của măng tre từ cây Mạy bóí cho thấy có đến 91-92% của măng là nước, 0,06% chất béo, 2,23-2,6% là chất xơ và 3,44% là protein bao gồm 18 axit amin (Kusalaruk W., Limsangouan H., 2015).

Ở Myanmar, Mạy bóí được xếp hạng đầu tiên trong 11 loài tre được sử dụng phổ biến nhất tại nước này và có thể được sử dụng khai thác măng, đồ thủ công mỹ nghệ, làm nhà, ống nước hoặc các vật dụng gia đình khác (Thida Hlaing, 2019). Ở Việt Nam, cây Mạy bóí phân bố chủ yếu tại tỉnh Sơn La và rải rác tại một số địa điểm thuộc các tỉnh Lai Châu và Điện Biên. Trong đó, tập trung nhiều nhất tại khu vực thành phố Sơn La ở các xã như Chiềng Đen, Chiềng Cơi, Hua La, Chiềng Ngần,... Mạy bóí chủ yếu là do nhân dân các địa phương tự trồng, mọc tự nhiên gặp thưa thớt, cây ưa đất tốt, ẩm. Chúng thường được trồng ở vùng đất tương đối bằng phẳng, xung quanh bờ rào cạnh nhà để tiện cho việc khai thác, sử dụng măng và thân khí sinh. Do đó, việc nghiên cứu chọn tạo và phát triển giống Mạy bóí có năng suất, chất lượng cao là hướng đi có ý nghĩa thực tiễn. Để có thể xác định được các hoạt động nghiên cứu chọn tạo và phát triển giống, việc xác định cấu trúc quần thể và tính đa dạng di truyền loài là rất

cần thiết bởi nó có cung cấp một số thông tin thiết yếu về khả năng thích ứng của loài với điều kiện môi trường, tập tính/hệ thống sinh sản của loài cũng như mối quan hệ di truyền giữa các nguồn vật liệu giống nghiên cứu... (White, 2001).

Trên thế giới và Việt Nam, việc ứng dụng các kỹ thuật sinh học phân tử dựa trên phân tích RFLP, AFLP, RAPD, SSR, ISSR,... để đánh giá mức độ di truyền đã được áp dụng trên nhiều đối tượng cây trồng (Hoàng Đăng Hiếu *et al.*, 2016; Kim *et al.*, 2006; Mace *et al.*, 1999; Powell *et al.*, 1996). Trong đó, kỹ thuật ISSR (Inter-Simple Sequence Repeats) đã được sử dụng rộng rãi trong việc đánh giá đa dạng nguồn gen thực vật do có ưu điểm là tương đối đơn giản, mang lại hiệu quả cao với một lượng DNA rất nhỏ và không yêu cầu phải có thông tin trước về trình tự của gen (Esselman *et al.*, 1999; Wolfe *et al.*, 1998; Zietkiewicz *et al.*, 1994).

Nghiên cứu này đánh giá mức độ đa dạng di truyền nguồn gen cây Mạy bóí tại 3 tỉnh Điện Biên, Sơn La, Lai Châu bằng chỉ thị phân tử ISSR làm cơ sở khoa học cho việc bảo tồn và phát triển nguồn gen loài cây này tại các tỉnh miền núi Tây Bắc.

## II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1. Vật liệu nghiên cứu

48 mẫu Mạy bóí thuộc 3 tỉnh Sơn La, Điện Biên và Lai Châu được thu tại 12 địa điểm khác nhau (4 mẫu/địa điểm). Mẫu thu được bảo quản ở điều kiện lạnh bằng đá gel khô trong suốt quá trình vận chuyển từ địa điểm thu mẫu đến phòng thí nghiệm để tiến hành tách chiết DNA tổng số. Danh sách mẫu Mạy bóí và địa điểm thu được trình bày ở bảng 1 dưới đây:

**Bảng 1.** Danh sách mẫu Mạy bóı thu tại 3 tỉnh Tây Bắc

Quần thể	Ký hiệu	Số lượng	Địa điểm
Sơn La	BC	4	Bản Bó Cầm, xã Hua La, TP. Sơn La
	BP	4	Bản Páng, xã Chiềng Đen, TP. Sơn La
	BH	4	Bản Phặng, xã Bon Phặng, huyện Thuận Châu
	BM	4	Bản Mòn, xã Thôn Mòn, huyện Thuận Châu
Điện Biên	BB	4	Bản Ban, xã Mường Nhà, huyện Điện Biên
	PK	4	Bản Pa Kín, xã Na Tông, huyện Điện Biên
	PL	4	Bản Pom Loi, P. Nam Thanh, TP. Điện Biên Phủ
	TP	4	Bản Tầu Pung, xã Nà Nhạn, TP. Điện Biên Phủ
Lai Châu	CH	4	Bản Can Hồ, xã Lùng Thàng, huyện Sin Hồ
	PA	4	Bản Pá Khôm, xã Nậm Tâm, huyện Sin Hồ
	PP	4	Bản Pa Pe, xã Bình Lự, huyện Tam Đường
	SS	4	Bản Sáy San, xã Nùng Nàng, huyện Tam Đường
Tổng số		48 mẫu	

Sử dụng 7 môi ISSR để tiến hành đánh giá đa dạng di truyền 48 mẫu Mạy bóı, danh sách và trình tự môi ở bảng 2 dưới đây.

**Bảng 2.** Danh sách và trình tự môi được sử dụng

STT	Tên môi	Trình tự môi 5'-3'
1	UBC808	AGAGAGAGAGAGAGAGC
2	UBC809	AGAGAGAGAGAGAGAGG
3	UBC811	GAGAGAGAGAGAGAGAC
4	UBC818	CACACACACACACACAG
5	UBC823	TGTGTGTGTGTGTGTGGA
6	UBC824	TCTCTCTCTCTCTCTCG
7	UBC881	GGGTGGGGTGGGGTG

**2.2. Phương pháp nghiên cứu**

**2.2.1. Tách chiết DNA tổng số**

DNA được tách chiết từ lá bánh tẻ theo phương pháp CTAB của Doyle J. J. và Doyle J. L. (1987) (1987) có cải tiến một số bước, cụ thể như sau: 150 mg mẫu lá sau khi nghiền mịn bằng dụng cụ chuyên dụng cho vào ống eppendorf 2ml bổ sung đệm chiết (EDTA 0,5M pH8, 100mM Tris HCl pH8, 500mM NaCl, 2% CTAB, 0,1% β-mecaptoethanol). Ủ hỗn hợp dịch chiết và mẫu trong 60°C trong

vòng 45 phút. Ly tâm 12.000 vòng/phút trong thời gian 10 phút, hút dịch sang ống eppendorf 2ml và bổ sung 30μl Rnase ở 37°C trong thời gian 30 phút. Tiếp tục bổ sung Chloroform: Isoamyl alcohol (tỷ lệ thể tích 24:1) vào ống chứa dịch chiết tỷ lệ 1:1, lắc đều và ly tâm 12.000 vòng/phút với thời gian 10 phút. Dùng pipet hút dịch nổi và bổ sung thêm isopropanol thể tích gấp 1,5 rồi lắc đều, ủ lạnh -20°C trong 30 phút. Đem ly tâm 12.000 vòng/phút trong 10 phút rồi thu tủa DNA, rửa tủa bằng ethanol 70° lạnh. Hòa tan DNA bằng 100μl TE 1X và bảo quản ở tủ lạnh -20°C.

DNA tổng số các mẫu Mạy bóı sau khi tách chiết được kiểm tra bằng phương pháp điện di trên gel agarose 1% và quan sát bằng máy soi gel sử dụng tia UV. Nồng độ DNA tổng số được xác định bằng máy đo quang phổ hấp thụ Nano drop (hãng Thermo scientific).

**2.2.2. Phân tích bằng chỉ thị ISSR**

DNA tổng số của 48 mẫu Mạy bóı thu được khuếch đại bằng các chỉ thị ISSR thực hiện trên máy PCR model AG 22331 (hãng Eppendorf). Phản ứng PCR được thực hiện với tổng thể tích 15μl gồm 7,5μl Mastermix 2X,

1 $\mu$ l mỗi ISSR 10 $\mu$ M, 2 $\mu$ l DNA tổng số và 4,5 $\mu$ l nước deion. Chu trình nhiệt: 94°C trong 4 phút; (94°C: 45 giây, 56°C: 40 giây, 72°C: 45 giây) lặp lại 35 chu kỳ; 72°C trong 5 phút; bảo quản ở 4°C.

Sản phẩm PCR được kiểm tra trên gel agarose 1,8%, kích thước các băng được so sánh thang GenRuler 1kb DNA Ladder (hãng Thermo scientific) và quan sát trên máy soi gel. Thu thập số liệu băng DNA trên gel theo quy ước (0): Phân đoạn DNA không xuất hiện và (1): Phân đoạn DNA xuất hiện.

### 2.2.3. Phân tích, xử lý số liệu

Hàm lượng thông tin đa hình (giá trị PIC - Polymorphism Information Content) của các môi ISSR nghiên cứu được xác định theo công thức:

$$PIC_i = 1 - \sum P_{ij}^2$$

Trong đó:  $P_{ij}$  là tần suất alen thứ  $j$  với locus thứ

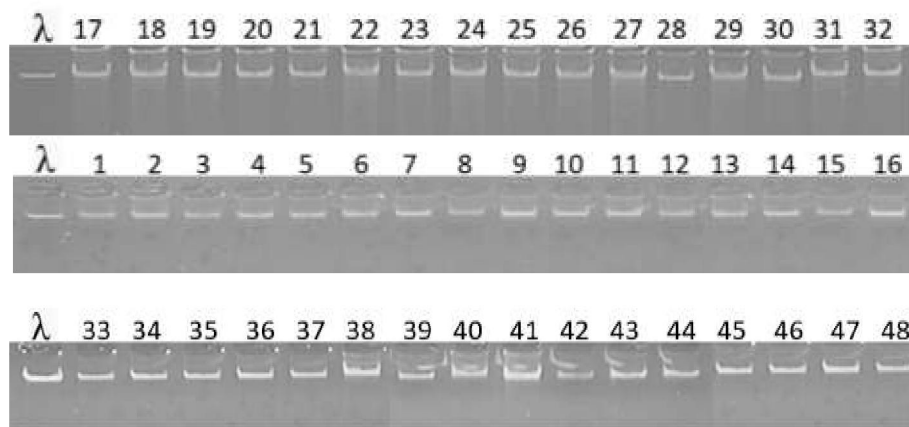
$i$ . Tổng số các băng DNA có cùng kích thước (được coi là cùng 1 alen) sẽ được sử dụng để tính toán giá trị PIC. Phạm vi giá trị PIC từ 0 (không đa hình) tới 1 (đa hình hoàn toàn).

Các giá trị về đa dạng di truyền: số lượng alen trong quần thể, giá trị dị hợp tử mong đợi, giá trị dị hợp tử quan sát được, hệ số di truyền cố định (fixation index) được tính toán bằng phần mềm GenAIEx (Peakall, Smouse, 2006) và POPGENE (Yeh *et al.*, 1999). Phân tích mối quan hệ di truyền giữa các mẫu nghiên cứu theo phương pháp Nei và Li (1979) bằng phần mềm MEGA X.

## III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VÀ THẢO LUẬN

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

DNA tổng số 48 mẫu Mạ bói được tiến hành kiểm tra điện di, kết quả được thể hiện qua hình 1.



**Hình 1.** Kết quả điện di DNA tổng số của 48 mẫu Mạ bói

Mẫu DNA tổng số được tinh sạch và đo trên máy quang phổ hấp phụ để xác định nồng độ và độ tinh sạch của DNA. Kết quả phân tích nồng độ và chất thấy DNA tổng số của 48 mẫu Mạ bói lên băng sáng, rõ nét và không đứt gãy. Nồng độ DNA > 20 ng/ $\mu$ l và độ tinh sạch OD<sub>260/280</sub> đạt giá trị từ 1,8-2,0 chứng tỏ 48 mẫu

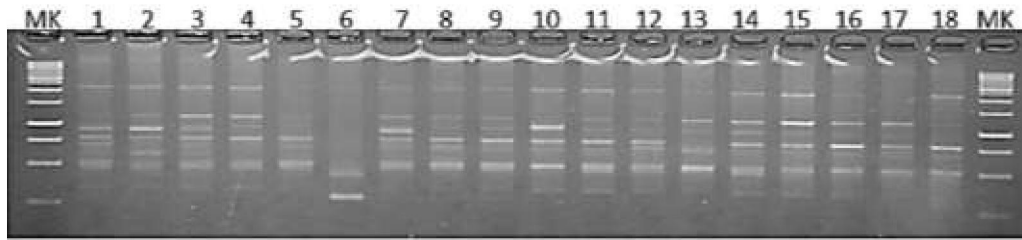
DNA thu được có chất lượng tốt đủ điều kiện cho thí nghiệm tiếp theo.

### 3.2. Kết quả phân tích đánh giá đa dạng di truyền của 48 mẫu Mạ bói

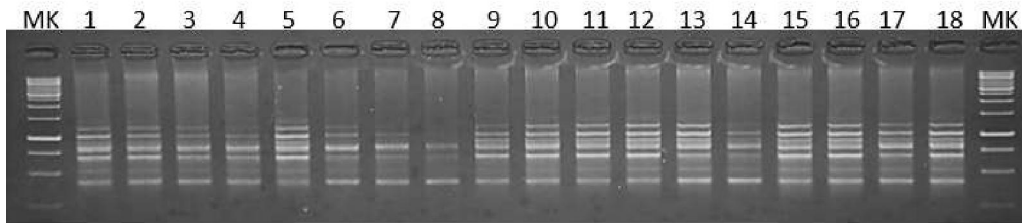
Tiến hành phân tích kết quả PCR của 48 mẫu Mạ bói với 7 chỉ thị ISSR thu được tổng số

41 phân đoạn DNA được nhân bản với kích thước dao động từ 300bp đến 2.500bp. Trong đó, số phân đoạn đa hình trung bình đạt 68,29% và phân đoạn đồng hình trung bình đạt 31,71%. Kết quả này cao hơn khi so sánh với tỷ lệ phân đoạn đa hình của loài Tre ngọt *Dendrocalamus brandisii* ở một số tỉnh phía

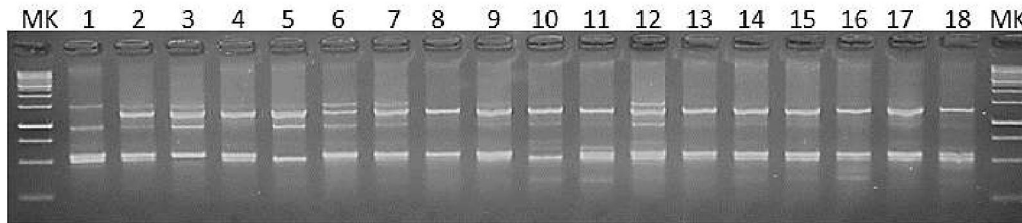
Bắc Việt Nam (65,07%) (Nguyễn Viễn *et al.*, 2019), loài *D. giganteus* ở Sri Lanka (66,67%) (Ramanayake *et al.*, 2007), thấp hơn 3 loài tre ở Trung Quốc là *D. giganteus* (88,57%) (Tian *et al.*, 2012), *D. brandisii* (96,05%) (Ruan *et al.*, 2010), *D. membranaceus* (99%) (Yang *et al.*, 2012).



A. Môi UBC823



B. Môi UBC881



C. Môi UBC818

**Hình 2.** Hình ảnh một số sản phẩm PCR mẫu Mạ bói

Kết quả phân tích các thông số về đa dạng di truyền 3 quần thể Mạ bói được thu tại 3 tỉnh Tây Bắc bằng phần mềm POPGENE và GenAlEx, kết quả thu được trình bày ở Bảng 3.

**Bảng 3.** Các thông số về đa dạng di truyền của mẫu Mạ bói thu tại 3 tỉnh Tây bắc

Quần thể	Chỉ số đa dạng di truyền				
	<i>Na</i>	<i>Ne</i>	<i>I</i>	<i>h</i>	<i>PPB</i> (%)
Sơn La	1,781	1,344	0,338	0,215	78,05
Điện Biên	1,683	1,370	0,336	0,221	68,29
Lai Châu	1,585	1,250	0,250	0,158	58,54
Trung bình	1,683	1,321	0,308	0,198	68,29
<i>SE</i>	0,098	0,063	0,050	0,035	5,63

Hệ số đa dạng di truyền Nei ( $h$ ) của 3 quần thể Mạ bói từ 0,158 đến 0,221 với hệ số đa dạng trung bình là 0,198, trong đó cao nhất ở quần thể Điện Biên với  $h = 0,221$  và thấp nhất ở quần thể Lai Châu với  $h = 0,158$ . Đối với hệ số Shannon ( $I$ ) ở 3 quần thể nghiên cứu trung bình đạt 0,308, trong đó quần thể Sơn La có giá trị cao nhất  $I = 0,338$  và thấp nhất ở quần thể Lai Châu  $I = 0,250$ .

Phân đoạn đa hình (PPB) giữa 3 quần thể Mạ bói nghiên cứu trung bình đạt 68,29%, với 24 phân đoạn thuộc quần thể Lai Châu đến 28 phân đoạn thuộc quần thể Điện Biên và 32 phân đoạn thuộc quần thể Sơn La. Trong đó, tỷ lệ phân đoạn đa hình nằm trong khoảng 58,54% đến 78,05% chứng tỏ sự đa hình của các phân đoạn ở mỗi quần thể là tương đối cao.

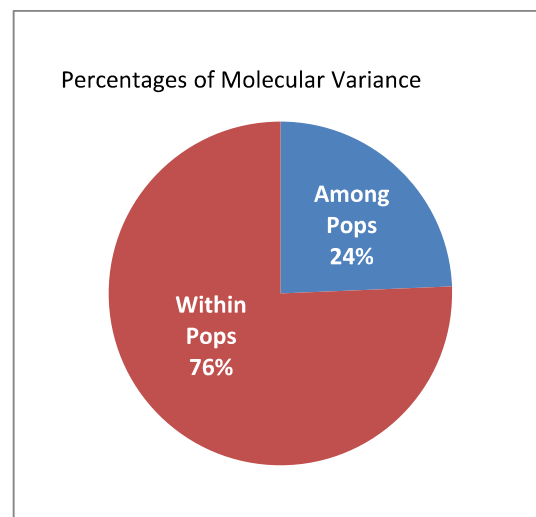
Số alen quan sát được ( $N_a$ ) của quần thể Sơn La là cao nhất đạt 1,756 trong khi quần thể Lai Châu có số alen quan sát được thấp nhất là 1,585 và số alen quan sát ở ba quần thể trung bình đạt 1,683. Bên cạnh đó, số alen có ý nghĩa ( $N_e$ ) nằm từ 1,250 (Lai Châu) đến 1,370 (Điện Biên) với giá trị trung bình đạt 1,321. Nhìn chung, 3 quần thể Mạ bói có số alen quan sát được lớn hơn số alen có ý nghĩa ( $N_a > N_e$ ).

Ở mức độ quần thể, loài Mạ bói có tính đa dạng di truyền ( $N_e = 1,321$ ;  $I = 0,308$  và PPB = 68,29%) cao hơn so với tính đa dạng di truyền của quần thể Tre ngọt (*D. brandisii*) ở miền núi phía Bắc Việt Nam ( $N_e = 1,145$ ;  $I = 0,129$  và PPB = 25,12%) (Nguyễn Viên *et al.*, 2019), quần thể loài *D. brandisii* ở Trung Quốc ( $N_e = 1,090$ ;  $I = 0,074$  và PPB = 13,38%) (Ruan *et al.*, 2010) và quần thể loài *D. giganteus* (Trung Quốc) ( $I = 0,0624$  và PPB = 11,33%) (Tian *et al.*, 2012).

Thông qua kết quả phân tích các thông số về đa dạng di truyền ở loài Mạ bói cho thấy chỉ số đa dạng di truyền trung bình của 3 quần thể Mạ bói được nghiên cứu ( $h = 0,198$ ) cao hơn khi so sánh với mức độ đa dạng di truyền loài

*Dendrocalamus giganteus* thuộc một quần thể trong Vườn thực vật Hoàng gia ở Peradeniya, Sri Lanka ( $h = 0,045 \pm 0,004$ ) (Ramanayake *et al.*, 2007).

Kết quả phân tích AMOVA cho thấy mức độ thay đổi phân tử giữa các quần thể Mạ bói đạt 24,0% và giữa các mẫu trong cùng một quần thể là 76% với sự khác biệt về mặt di truyền có ý nghĩa thống kê với giá trị PhiPT = 0,243 ( $p \leq 0,001$ ) thể hiện ở hình 3 sau đây.



**Hình 3.** Kết quả phân tích AMOVA của 3 quần thể Mạ bói

Mặt khác, khi sử dụng phần mềm POPGENE phân tích các chỉ số sai khác di truyền giữa các quần thể với kết quả chỉ số  $G_{ST} = 0,2146$  cho thấy mức độ sai khác giữa các quần thể là tương đối cao (bảng 4). Chỉ số sai khác di truyền giữa 3 quần thể  $G_{ST} = 0,2146$  chứng tỏ có tới 21,46% sự sai khác giữa các quần thể Mạ bói nghiên cứu là không nhỏ. Dựa vào giá trị  $G_{ST}$  thì giá trị Nm (hệ số gene flow) tính được đạt 1,8303, cho thấy tần số trao đổi gen giữa 3 quần thể là không lớn. Trong thời gian tới, việc xây dựng vườn giống/rừng giống kết hợp với bảo tồn loài với nguồn vật liệu được thu từ các quần thể khác nhau sẽ làm tăng khả năng trao đổi gen giữa chúng. So sánh với loài *Dendrocalamus giganteus* Munro, nhận thấy Mạ bói có sự khác biệt di truyền giữa các

quần thể nhỏ hơn (với  $G_{ST} = 0,8474$ ) và sự trôi dạt di truyền (tần số trao đổi gen) lớn hơn nhiều (với  $N_m = 0,090$ ) (Tian *et al.*, 2011). Có thể đây là những yếu tố quan trọng để giải thích sự khác biệt giữa các quần thể được nghiên cứu và cần có biện pháp bảo tồn.

Như vậy, giữa 3 quần thể Mạ bói được nghiên cứu có mức độ sai khác giữa các quần thể và mức độ trao đổi gen qua lại nhưng không lớn giữa các quần thể nên sự đa dạng nguồn gen của mỗi quần thể là khác nhau nên cần được bảo tồn và phát triển.

**Bảng 4.** Các chỉ số đa dạng của các quần thể Mạ bói

Các thông số	Mean ± SD
Số lượng mẫu	48
$H_T$	0,2518 ± 0,0273
$H_S$	0,1978 ± 0,0161
$G_{ST}$	0,2146
$N_m$	1,8303

*Chú thích:*  $H_T$  - 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

Đánh giá khoảng cách di truyền của 3 quần thể Mạ bói tại Tây Bắc, cho thấy khoảng cách di truyền giữa các quần thể là không phải là gần. Khoảng cách đạt từ 0,026 đến 0,174, trong đó quần thể Sơn La có khoảng cách xa hơn hẳn so

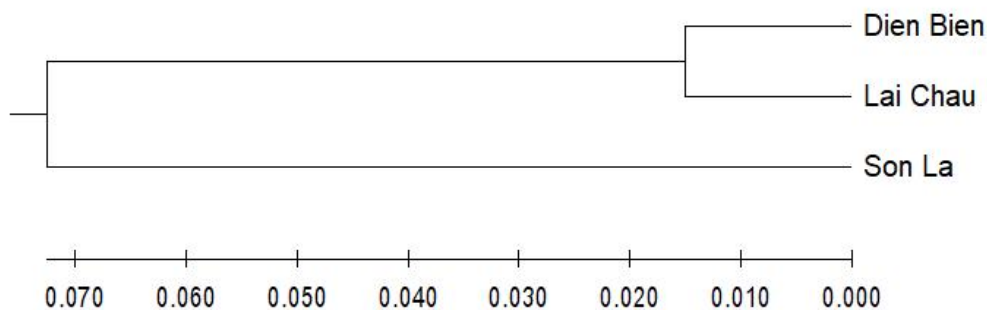
với quần thể Lai Châu (0,174) và Điện Biên (0,124); mặt khác quần thể Lai Châu và Điện Biên có khoảng cách di truyền là rất thấp chỉ đạt 0,026 (bảng 5). Như vậy, qua phân tích mối tương quan giữa khoảng cách di truyền và chỉ số sai khác di truyền Nei ở 3 quần thể nhận thấy có sự tương đồng của 2 giá trị này.

Khi phân tích mức độ tương đồng của 3 quần thể Mạ bói nhận thấy giá trị này tương đối cao, trong đó quần thể Điện Biên và Lai Châu có mức độ tương đồng đạt tới 97,4% và quần thể Sơn La có độ tương đồng lần lượt là 88,40% và 84,00% với Điện Biên và Lai Châu (bảng 5). Như vậy, giá trị mức độ tương đồng và mức độ trao đổi gen ( $N_m$ ) ở 3 quần thể Mạ bói có sự tương đồng, với mức độ trao đổi gen đạt 1,8303 là không lớn nên mức độ tương đồng có sự rõ ràng giữa quần thể Sơn La đối với 2 quần thể còn lại.

**Bảng 5.** Mức độ tương đồng (trên vạch) và Khoảng cách di truyền (dưới vạch) ở 3 quần thể Mạ bói nghiên cứu

Sơn La	Điện Biên	Lai Châu	
-	0,884	0,840	Sơn La
0,124	-	0,974	Điện Biên
0,174	0,026	-	Lai Châu

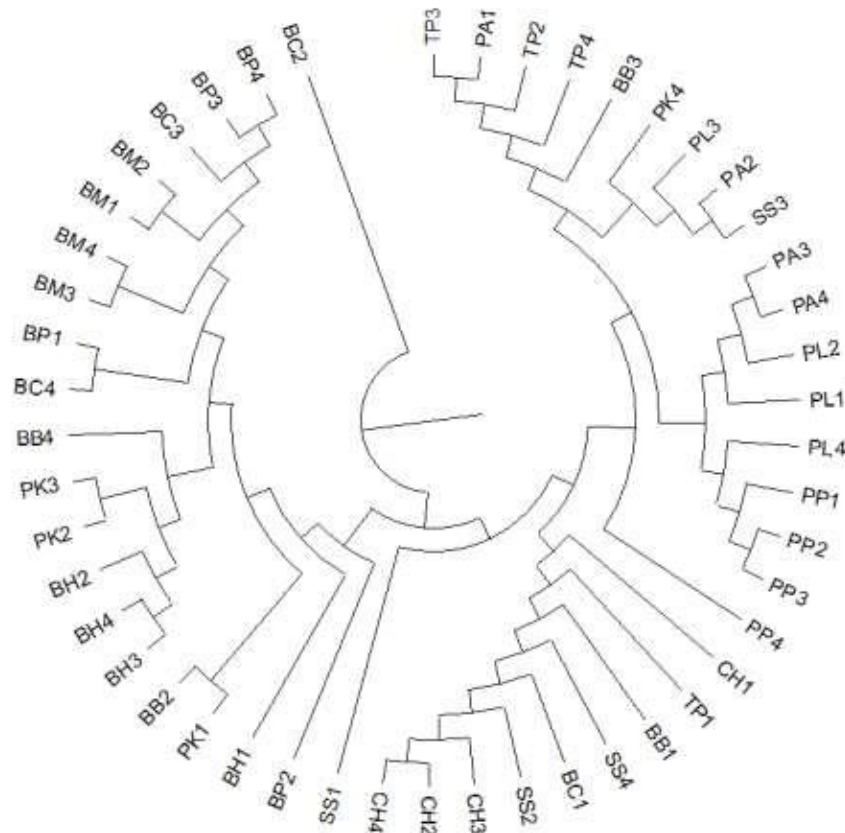
Dựa vào kết quả ở bảng 5, tiến hành xây dựng cây quan hệ di truyền 3 quần thể Mạ bói được nghiên cứu thể hiện ở hình 4 dưới đây.



**Hình 4.** Cây quan hệ di truyền 3 quần thể Mạ bói tại Tây Bắc

Kết quả cho thấy với 3 quần thể Mạ bói được chia thành 2 nhóm, trong đó 1 nhánh là quần thể Sơn La và nhánh còn lại gồm 2 quần thể Lai Châu và Điện Biên. Như vậy, khi phân tích quan hệ di truyền giữa các quần thể nhận thấy

quần thể Sơn La có khoảng cách di truyền xa hơn 2 quần thể còn lại. Tiến hành xây dựng sơ đồ cây phả hệ đối với 48 mẫu Mạ bói thuộc 3 tỉnh Tây Bắc, thu được kết quả như hình 5 dưới đây.



**Hình 5.** Cây quan hệ di truyền của 48 mẫu Mạ bói tại Tây Bắc

Kết quả phân tích cho thấy, đa số mẫu thu tại thành phố Sơn La (BC và BP) và huyện Thuận Châu (BM và BH) trong cùng một quần thể Sơn La có quan hệ gần gũi nhau về mặt di truyền và nằm cùng trong một nhánh nhưng có xen kẽ lẫn với một vài mẫu thu từ huyện Điện Biên thuộc quần thể Điện Biên. Tương tự, các mẫu thu tại quần thể Điện Biên và Lai Châu cũng nằm cùng trên một nhánh và xen lẫn nhau.

Ở quần thể Sơn La, tại huyện Thuận Châu, các mẫu thu tại xã Thôn Mòn (BM) nằm cùng trên một nhánh còn tại xã Bon Phăng (BH) thì các mẫu cùng đều nằm trên một nhánh nhưng có

mẫu BH1 tách riêng ra một nhóm lớn bao gồm hết các mẫu thu tại huyện Thuận Châu. Tại thành phố Sơn La, các mẫu thu ở xã Chiềng Đen (BP) và xã Hua La (BC) tạo thành các nhóm nhỏ nằm cùng nhánh với nhau (BP3, BP4 ở cùng nhánh BC3; BP1 cùng nhánh BC4). Ngoài ra, mẫu tại xã Hua La (BC2) ở riêng một nhánh lớn và mẫu tại xã Chiềng Đen (BP2) cũng ở riêng một nhánh chứa tất cả các mẫu thuộc quần thể Sơn La (trừ mẫu BC2 cùng nhóm với mẫu thuộc huyện Tam Đường, tỉnh Lai Châu).

Như vậy, với các mẫu Mạ bói cùng quần thể nhưng thu tại các địa điểm khác nhau thì có



khoảng cách di truyền lớn và có tính đa dạng di truyền cao. Từ các kết quả phân tích, nhận thấy mẫu thu tại xã Hua Lai và xã Chiềng Đen thuộc thành phố Sơn La; thu tại xã Thôn Mòn và xã Bon Phặng thuộc huyện Thuận Châu (thuộc quần thể Sơn La) có tính đa dạng di truyền cao hơn so với các mẫu còn lại và cần tập trung nghiên cứu để bảo tồn và lưu trữ nguồn gen cây Mạ bóí hiện có.

Từ những kết quả nghiên cứu trên, một số đề xuất phục vụ cho việc bảo tồn và lưu trữ nguồn gen cây Mạ bóí cụ thể như sau:

- Quần thể Sơn La có tính đa dạng di truyền cao nhất trong các quần thể nghiên cứu, nên cần tập trung nghiên cứu, bảo tồn và lưu trữ nguồn gen trong tương lai.

- Quần thể Điện Biên và Lai Châu có khoảng cách di truyền nhỏ và có mức độ tương đồng lớn. Với điều kiện còn hạn chế thì việc nghiên cứu và bảo tồn nguồn gen có thể chỉ cần 2 quần thể tại Sơn La và Điện Biên hoặc Lai Châu trên tổng 3 quần thể nghiên cứu là tương đối đảm bảo tính đa dạng di truyền. Tuy nhiên, việc phát triển, bảo tồn và lưu trữ nguồn gen đối với 3 quần thể Mạ bóí tại 3 tỉnh Tây Bắc vẫn là tốt nhất cho nghiên cứu trong tương lai.

Trong thời gian tới, việc mở rộng phạm vi nghiên cứu các quần thể Mạ bóí là hết sức cần thiết để đánh giá đầy đủ mức độ đa dạng di

truyền phục vụ cho công tác bảo tồn và lưu giữ nguồn gen loài cây này.

#### IV. KẾT LUẬN

Nghiên cứu đa dạng di truyền nguồn gen cây Mạ bóí (*Bambusa burmanica* Gamble) là cần thiết cho việc bảo tồn và phát triển nguồn gen cây Mạ bóí tại các tỉnh Tây Bắc. Đánh giá đa dạng di truyền loài cây này nhận thấy đây là loài có hệ số đa dạng di truyền ( $h = 0,198$ ) cao hơn hoặc tương đương so với một số loài khác. Mức độ sai khác về mặt di truyền giữa các quần thể nghiên cứu là 24% và khoảng cách di truyền giữa 3 quần thể có sự sai khác rõ ràng ( $G_{st} = 0,2146$ ). Trong đó, quần thể Điện Biên và Lai Châu (0,026) có quan hệ di truyền gần gũi hơn so với quần thể Sơn La (lần lượt là 0,124 và 0,174 tương ứng). Từ kết quả này, một số định hướng cho việc bảo tồn và phát triển nguồn gen loài cây này đã được đề xuất.

**Lời cảm ơn:** Nghiên cứu này là một phần nội dung thực hiện thuộc đề tài “Nghiên cứu bảo tồn và phát triển nguồn gen cây Mạ bóí (*Bambusa burmanica* Gamble) để lấy măng tại một số tỉnh Tây Bắc” do Trung tâm Khoa học Lâm nghiệp Tây Bắc, Viện Khoa học Lâm nghiệp Việt Nam thực hiện. Nhóm tác giả xin chân thành cảm ơn Bộ Khoa học và Công nghệ đã tài trợ kinh phí cho nghiên cứu này.

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Doyle J. J. and Doyle J. L., 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*. Vol. 19: 11-15.
2. Esselman E., Jianqiangamplifiedord D., Windus J., Wolfe A., 1999. Clonal diversity in the rare *Calamagrostis porteri* ssp. *insperata* (Poaceae): comparative results for allozymes and random amplified polymorphic DNA (RAPD) and inter simple sequence repeat (ISSR) markers. *Molecular Ecology* 8: 443-451.
3. Hoàng Đăng Hiếu, Chu Thị Thu Hà, Phạm Bích Ngọc, Lâm Đại Nhân, Nguyễn Thị Thúy Hương, Chu Hoàng Hà, 2016. “Sử dụng chỉ thị ISSR trong việc đánh giá đa dạng di truyền ở quần thể Ba kích tại Quảng Ninh”, *Tạp chí Sinh học*, 38 (1/2016): 89-95.
4. Kim M. K., Park M. J., Jeong W. H., Nam K. C., Chung J., 2006. SSR marker tightly linked to the Ti locus in Soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. *Euphytica* 152(3): 361-366.

5. Kusalaruk, W. and Limsangouan, H., 2015. Nutrition and Nutraceutical of *Bambusa burmanica* Gamble and *Thysoctachys siamensis* Gamble shoots. Thai Agricultural Research Journal, 33(2): 169-178.
6. Mace ES., Lester RN., Gebhardt CG., 1999. AFLP analysis of genetic relationships among the cultivated eggplant, *Solanum melongena* L., and wild relatives (Solanaceae), Theor. Appl. Genet. 99: 626 - 633.
7. Nei M. and Li W. H. , 1979. Mathematical Model for Studying Genetic Variation in Terms of Restriction Endonucleases. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 76: 526-5273. <https://doi.org/10.1073/pnas.76.10.5269>.
8. Peakall, R., Smouse P. E. , 2006. GenAlEx 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching DNA research. Molecular Ecology Notes, 6 (1): 288-295.
9. Powell W., Morgante M., Andre C., Hanafey M., Vogel J., Tingey S., Rafalski A., 1996. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR markers for germplasm analysis. Molecular Breeding 2(3): 225 - 23.
10. Ramanayake, S., Meemaduma, V. & Weerawardene, 2007. Genetic Diversity in a population of *Dendrocalamus giganteus* Wall. ex Munro (giant bamboo) in the Royal Botanic Gardens in Peradeniya, Sri Lanka. Journal of the National Science Foundation of Sri Lanka, vol. 35, No. 3: 207-210.
11. Ruan Z. Y., Yang H. Q., Tian B., Yang Y. M., Sun M. S., 2010. Genetic diversity analysis based on ISSR among six populations of *Dendrocalamus brandisii* in Yunnan Province, China. Journal of 2ndjing Forestry University 32(2): 46-51.
12. Thida Hlaing, 2019, 2<sup>nd</sup> Myanmar Korea Conference Research Journal
13. Tian, B., Yang, H.Q., Wong, K.M., Liu, A.Z. & Ruan, Z.Y., 2012. ISSR analysis shows low genetic diversity versus high genetic differentiation for giant bamboo, *Dendrocalamus giganteus* (Poaceae: Bambusoideae), in China Populations. Genetic Resources and Crop Evolution, vol. 59: 901-908..
14. Nguyễn Viễn, Trần Thị Liễu, Vũ Thị Thu hiền, Vũ Tiến Chính, Trần Thị Phương Anh, Nguyễn Văn Thọ, 2019. Phân tích đa dạng di truyền các quần thể Tre ngọt (*Dendrocalamus brandisii* (Munro) Kurz) ở một số tỉnh miền núi phía Bắc Việt Nam dựa trên chỉ thị phân tử ISSR. Tạp chí Công nghệ Sinh học tập 17, số 1/2019: 105-114
15. White T., 2001. Breeding strategies for forest trees: Concepts and challenges. Southern African Forestry Journal, 190 (1): 31-42
16. Wolfe A. D., Xiang Q. Y., Kephart S. R., 1998. Assessing hybridization in natural populations of Penstemon (Scrophulariaceae) using hypervariable inter simple sequence repeat markers. Molecular Ecology 7: 1107- 1125.
17. Yang H. Q., An M. Y., Gu Z. J., Tian B., 2012. Genetic diversity and differentiation of *Dendrocalamus membranaceus* (Poaceae: Bambusoideae), a declining Bamboo species in Yunnan, China, as based on Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) analysis. Int J Mol Sci 13: 4446-4457.
18. Yeh, F.C., Yang, R.C. and Boyle, T.. 1999. POPGENE. Microsoft Windows Based Freeware for Population Genetic Analysis. Release 1.31. University of Alberta, Edmonton.
19. Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D., 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polypolymerase amplification. Genomics 20: 176-183.

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

**Ngày nhận bài:** 15/08/2022

**Ngày phản biện đánh giá và sửa chữa:** 18/09/2022

**Ngày duyệt đăng:** 20/09/2022