Tạp chí KHLN Số 4/2020
©: Viện KHLNVN - VAFS
ISSN: 1859 - 0373 Đăng tải tại: www.vafs.gov.vn

ĐA DẠNG DI TRUYỀN QUẦN THỂ CÂY TRỘI GIỔI ĂN HẠT (*Michelia tonkinensis* A.Chev.) Ở MỘT SỐ TỈNH PHÍA BẮC VIỆT NAM DỰA TRÊN CHỈ THỊ SSR

Trần Thị Liễu[1*], Đinh Thị Phòng[1, 2], Nguyễn Văn Hùng[3]

[1]Bảo tàng Thiên nhiên Việt Nam, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam
[2]Học viện Khoa học và Công nghệ, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam
[3]Trung tâm Giống cây trồng, vật nuôi và thủy sản tỉnh Hòa Bình

Từ khóa: Đa dạng di truyền, *Michelia tonkinensis*, SSR

TÓM TẮT

Giổi ăn hạt (*Michelia tonkinensis* A.Chev.) là loài cây gỗ đa tác dụng, có giá trị kinh tế và bảo tồn cao. Tuy nhiên, các quần thể Giổi ăn hạt trong rừng tự nhiên đang bị suy giảm nghiêm trọng do bị khai thác quá mức. Trong nghiên cứu này, 25 chỉ thị SSR đã được sử dụng để phân tích đa dạng di truyền của 50 cá thể cây trội Giổi ăn hạt thu tại 5 tỉnh Hòa Bình, Thanh Hóa, Phú Thọ, Lào Cai và Lai Châu. Trong đó quần thể cây trội Giổi ăn hạt ở Hòa Bình thể hiện tính đa dạng di truyền cao nhất (*Na* = 3,920; *Ne* = 2,588; *I* = 0,966; *Ho* = 0,561; *He* = 0,515 và *PPB* = 96%) và thấp nhất là quần thể Thanh Hóa (*Na* = 2,200; *Ne* = 1,984; *I* = 0,600; *Ho* = 0,560; *He* = 0,372; và *PPB* = 72%). Cả 5 quần thể đều xuất hiện alen hiếm (*Ap* trung bình = 0,360) và xảy ra hiện tượng giao phấn chéo. Hiện tượng di nhập gen (*Nm*) cũng đã xảy ra trong quần thể Giổi ăn hạt với giá trị trung bình *Nm* = 1,884. Tổng mức độ thay đổi phân tử (AMOVA) giữa 5 quần thể là 37,07% và giữa các cá thể trong cùng quần thể là 62,93%. Mức độ tương đồng di truyền của quần thể cây trội Giổi ăn hạt dao động từ 58 đến 90%. Thông qua phân tích phân tử cho thấy quần thể 50 cây trội Giổi ăn hạt nghiên cứu có tính đa dạng di truyền tương đối cao. Hiện tượng thụ phấn chéo giữa các cá thể trong quần thể đã được tìm thấy nên đảm bảo duy trì tính đa dạng di truyền ở các thế hệ tiếp theo. Vì vậy cần có chiến lược sớm để bảo tồn các dòng cây trội Giổi ăn hạt, phục vụ công tác tuyển chọn giống và nhân rộng loài.

Keywords: Genetic diversity, *Michelia tonkinensis*, SSR

Genetic diversity of the populations of *Michelia tonkinensis* A. Chev. in some North provinces, Vietnam using SSR marker

Michelia tonkinensis A.Chev. is a multi-purpose timber species, with high economic and conservation value. However, the populations of *M. tonkinensis* in natural forests are reduced due to over exploitation. In this study, 25 SSR markers were used to analyze the genetic diversity of 50 dominant individuals *M. tonkinensis* collected in 5 provinces Hoa Binh, Thanh Hoa, Phu Tho, Lao Cai, Lai Chau. Among them, the level of genetic diversity in Hoa Binh population was the highest (*Na* = 3.920; *Ne* = 2.588; *I* = 0.966; *Ho* = 0.561; *He* = 0.515 and *PPB* = 96%) and the lowest in Thanh Hoa (*Na* = 2.200; *Ne* = 1.984; *I* = 0.600; *Ho* = 0.560; *He* = 0.372 and *PPB* = 72%). All 5 populations had the private allele (mean of *Ap* = 0.360) and cross-pollination. The gene flow (*Nm*) has also occurred in the *M. tonkinensis* populations with an average value of *Nm* = 1.884. The total level of molecular variance (AMOVA) was relatively low among populations (37.07%) and high among individuals within the populations (62.93%). The