

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN VÀ NHẬN DẠNG NGUỒN GEN CÂY ƯƠI (*Scaphium macropodum* (Miq)) BẰNG CHỈ THỊ PHÂN TỬ

Trần Thị Thu Hà^{1*}, Phạm Đình Sâm², Hà Thị Huyền Ngọc¹, Nguyễn Thị Huyền¹
Lê Thị Thủy¹, Nguyễn Thị Việt Hà¹, Mai Thị Phương Thúy¹, Nguyễn Hữu Thịnh²
Hoàng Thị Nhung², Hồ Trung Lương², Lê Sơn¹

¹Viện Nghiên cứu Giống và Công nghệ Sinh học Lâm nghiệp - Viện Khoa học Lâm nghiệp Việt Nam

²Viện Nghiên cứu Lâm sinh - Viện Khoa học Lâm nghiệp Việt Nam

TÓM TẮT

Cây Ươi (*Scaphium macropodum* (Miq)) là loài cây đa tác dụng, sinh trưởng nhanh và rất có giá trị ở Việt Nam. Tuy nhiên, việc khai thác cây Ươi bằng hình thức chặt cành đang phổ biến hiện nay khiến cho loài này đứng trước nguy cơ bị đe dọa. Trong nghiên cứu này, chúng tôi sử dụng chỉ thị ITS để đánh giá đa dạng di truyền của 25 cây trội Ươi được thu thập từ các tỉnh Quảng Nam, Quảng Ngãi và Thừa Thiên Huế. Kết quả cho thấy trình tự nucleotide gen ITS của các mẫu nghiên cứu có sự tương đồng cao từ 94,01% đến 94,46% khi so với mẫu tham chiếu *Scaphium lychnophorum* AY083663.1. Mức độ tương đồng di truyền về trình tự nucleotide gen ITS của các mẫu Ươi nghiên cứu rất cao từ 97,96% đến 99,85%. Dựa vào cây quan hệ phát sinh, 25 cây trội Ươi trong nghiên cứu và mẫu tham chiếu được chia làm hai nhóm chính. Kết quả nghiên cứu này cung cấp thêm cơ sở khoa học cho việc khai thác hợp lý đồng thời gắn với việc bảo tồn nguồn gen loài cây bản địa quan trọng này.

Từ khóa: Cây Ươi, chỉ thị ITS, đa dạng di truyền, nguồn gen

Genetic diversity assessment and genetic resources identification of (*Scaphium macropodum* (Miq)) using molecular markers

Scaphium macropodum is a multi-purpose species that grows fast and is very valuable in Vietnam. However, the exploitation of this species by cutting branches is popular at present, triggering this species for being in danger of being threatened. Therefore, in this study, we have used the ITS marker to sequencing and have identified 25 sequence segments of 25 leaf samples of *S. macropodum* collected from Quang Nam, Quang Ngai and Thua Thien Hue provinces that have similarities in the range from 94.01% to 94.46% with reference sample AY083663.1 *Scaphium lychnophorum*. At the same time, research results have also determined that the genetic similarity of the nucleotide sequence of the samples is very high (ranging from 97.96 - 99.85%). Based on the phylogenetic tree, 25 *S. macropodum* samples in the study and the reference sample were divided into two main groups. The results of this study are very important for the proper exploitation and the conservation of the genetic resources of this important indigenous plant species as well.

Keywords: Genetic diversity, gene resources, ITS (Internal Transcribed Spacer) marker, *Scaphium macropodum*