

## ỨNG DỤNG MỘT SỐ MÃ VẠCH ADN TRONG PHÂN TÍCH QUAN HỆ DI TRUYỀN VÀ ĐỊNH DANH MỘT SỐ LOÀI GIỎI TẠI GIA LAI

Nguyễn Thị Huyền<sup>1</sup>, Mai Thị Phương Thúy<sup>1</sup>, Trần Thị Thu Hà<sup>1</sup>,  
Lê Thị Thủy<sup>1</sup>, Nguyễn Thị Việt Hà<sup>1</sup>, Hà Huyền Ngọc<sup>1</sup>, Trần Cao Nguyên<sup>2</sup>,  
Triệu Thái Hưng<sup>2</sup>, Ninh Việt Khương<sup>2</sup>, Trần Hoàng Quý<sup>2</sup>,  
Phạm Tiến Bằng<sup>3</sup>, Lê Việt Dũng<sup>3</sup>, Nguyễn Trí Bảo<sup>3</sup>, Lê Sơn<sup>1</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> Viện Nghiên cứu Lâm sinh - Viện Khoa học Lâm nghiệp Việt Nam

<sup>3</sup> Trung tâm Lâm nghiệp Nhiệt đới - Viện Khoa học Lâm nghiệp Việt Nam

### TÓM TẮT

Giỏi ăn hạt đang được coi là cây lâm nghiệp đa mục đích có giá trị kinh tế cao. Tuy nhiên, một số loài giỏi có giá trị kinh tế khác nhau lại chưa có sự phân biệt rõ ràng về hệ thống phân loại và định danh dựa trên các đặc điểm hình thái. Sử dụng mã vạch ADN được nhận định là công cụ hữu ích cho việc phân tích quan hệ di truyền, giám định và xác định loài. Nghiên cứu này sử dụng 3 vùng gen lục lạp *matK*, *rbcL* và *rpoCl* để phân tích quan hệ di truyền của 4 loài giỏi thuộc chi Giỏi (*Michelia*) hiện đang được trồng phổ biến tại Gia Lai. Kết quả phân tích trình tự nucleotide của các mẫu gGiỏi tại 3 vùng gen nghiên cứu có sự tương đồng từ 97,8% đến 99,8%. Mỗi quan hệ di truyền giữa các mẫu Giỏi nghiên cứu được phân biệt rõ ràng giữa mẫu Giỏi không ăn hạt với 3 mẫu còn lại khi phân tích phát sinh chủng loại bằng giải trình tự ở cả 3 vùng gen. Đối với mẫu Giỏi ăn hạt trồng và Giỏi ăn hạt tự nhiên không có sự khác biệt về mặt di truyền và gần gũi nhau trên cây phát sinh chủng loại nên có thể nhận định hai mẫu này là cùng một loài. Trình tự nucleotide ở 3 vùng gen này của bốn loài giỏi nghiên cứu có sự tương đồng cao với trình tự của Giỏi ăn quả (*M. hypolampra*) và Giỏi bắc (*M. macclurei*) đã được công bố trên Ngân hàng gen. Việc kết hợp cả 3 vùng gen *matK*, *rbcL* và *rpoCl* có thể được sử dụng để phân tích phát sinh chủng loại và mối quan hệ di truyền của 4 mẫu giỏi được nghiên cứu.

**Từ khóa:** Chi Giỏi,  
mã vạch ADN,  
*matK*, *rbcL*, *rpoCl*.

### Using DNA barcodes to evaluate genetic relationship of *Michelia* species in Gia Lai

The genus *Michelia* includes some high value- multipurposes species that are using for planting programs widely in Vietnam. Despite the differences in economical values between species, the taxonomy of this genus is still unclear due to the difficulties in morphological classification. In this study, three chloroplast gene regions *matK*, *rbcL* and *rpoCl* were used to analyse the genetic relationship of four *Michelia* species, which are widely planted in Gia Lai. The genetic similarity coefficients of four species in three chloroplast gene regions ranged from 97.8% to 99.8%. The phylogenetic analysis in all three gene regions of the studied samples clearly separated the unedible *Michelia* sp. from the other samples. There was high genetic similarity between cultivated edible *Michelia* sp. and the natural edible *Michelia* sp., therefore, these two samples can be identified as the same species. In comparison with other sequences of other *Michelia* species in NCBI, studied species had closest genetics relationship with *M. hypolampra* and *M. macclurei*. In summary, combining 3 gene regions *matK*, *rbcL* and *rpoCl* can analyse the phylogenetic ability and genetic relationship of the studied *Michelia* samples.

**Keywords:** DNA  
barcode, *Michelia*,  
*matK*, *rbcL*, *rpoCl*