

4.2. Đề nghị

Phát triển cả 3 dòng anh đào AD1, AD2, AD3 tại Điện Biên và sử dụng phân viên nén chậm tan bón cho cây để kéo dài mùa hoa, tạo cảnh quan đặc sắc, thu hút nhiều hơn khách du lịch đến thăm Pá Khoang - Điện Biên.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Đặng Văn Đông, Đoàn Trọng Đức, Phạm Thanh, 2013. Nghiên cứu trồng thử nghiệm cây hoa Anh Đào Nhật Bản *Edohigan Sakura* tại Măng Đen, huyện Kon Plông, tỉnh Kon Tum. Báo cáo tổng kết đề tài nghiên cứu khoa học và phát triển công nghệ cấp tỉnh Kon Tum 2010 - 2013.

Nguyễn Mai Thơm, 2016. Nghiên cứu thử nghiệm một số giống hoa Anh đào *Sakura* nhập nội tại Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển nông nghiệp Á nhiệt

đới Sapa. Báo cáo tổng kết đề tài nghiên cứu khoa học. Học viện Nông nghiệp Việt Nam, tr. 3-4.

Salgado E., 2016. Programmed fertigation effects on the growth and production of young cherry trees in central Chile. Truy cập ngày 19/10/2017. Địa chỉ: <https://www.researchgate.net/publication/262463346> -Programmed fertigation effects on the growth and production of young cherry trees in central Chile.

Peijian Shiet, 2014. Influence of air temperature on the first flowering date of *Prunus yedoensis* *MatsumEcol Evol.* 2014 Feb; 4(3): 292-299. Published online 2014 Jan.

UPOV, 2006. Sweet cherry UPOV code: Prunu - AV1 *Prunus avium* L. Guidelines for the conduct of tests for distinctness uniformity and stability. Truy cập ngày 21/10/2017. Địa chỉ: <http://www.upov.int/edocs/tgdocs/en/tg035.pdf>

Study on growth and development characteristics of cherry blossoms (*Prunus* var. *Edohigan Sakura*) and technical measures for their cultivation

Pham Thi Ha, Dang Van Dong

Abstract

This study focuses on the growth and development characteristics and cultivating techniques of three lines of Japanese cherry blossoms (*Prunus* var. *Edohigan Sakura*). The results showed that these three lines had some common features such as good vitality, egg-shaped green leaf blade, and small red fruit. Besides, they all began to bloom at their 3 - 5 years old, which was foreseen by abscission. AD1 and AD2 lines both bloomed from the end of December to the beginning of January, while AD3 bloomed much sooner from the beginning of December. The three lines differed in their flower petal colour: strong pink for AD1, light pink at the margin and stronger pink at the base for AD2, very light pink for AD3. In terms of nutrition supplement, slowly - released fertilizer tablets not only increased the speed and quality of bud forming, but also prolonged the flower duration.

Keywords: Cherry blossom (*Edohigan Sakura*), growth, development

Ngày nhận bài: 14/11/2017

Ngày phản biện: 20/11/2017

Người phản biện: PGS.TS. Nguyễn Thị Kim Lý

Ngày duyệt đăng: 11/12/2017

PHÂN TÍCH MỐI QUAN HỆ PHÁT SINH CHỦNG LOÀI CỦA MỘT SỐ MẪU LAN *Dendrobium* DỰA TRÊN TRÌNH TỰ VÙNG ITS

Nguyễn Như Hoa¹, Trần Hoàng Dũng²,
Dương Hoa Xô³, Huỳnh Hữu Đức³

TÓM TẮT

Phân tích dữ liệu trình tự ADN là cơ sở cho việc nhận diện, bảo tồn các loài *Dendrobium* và chọn những tổ hợp lai tiềm năng để tạo các giống lan mới có giá trị. Qua kết quả giải trình tự cho thấy, 23 mẫu giống hoa lan Hoàng Thảo đã được khuếch đại và giải trình tự vùng ITS bao gồm một phần vùng 18S, toàn bộ vùng ITS1, 5.8S, ITS2 và một phần vùng 28S, tổng chiều dài thu được từ 659 - 706 nucleotide. Dựa trên cây phát sinh chủng loài, 12 mẫu *Dendrobium* rừng thu thập ở khu vực phía Nam và 11 mẫu *Dendrobium* nhập nội từ Thái Lan tách bạch thành 2 nhóm rõ rệt. Một số mẫu lan rừng Việt Nam có tên khoa học được nhận dạng bằng hình thái trùng khớp với nhận diện bằng trình tự vùng ITS; tuy nhiên, ở một số mẫu còn chưa thể hiện sự thống nhất rõ ràng.

Từ khóa: *Dendrobium*, dữ liệu phân tử, ITS, mối quan hệ di truyền

¹Trường Đại học Sư phạm TP. Hồ Chí Minh; ²Trường Đại học Nguyễn Tất Thành

³Trung tâm Công nghệ Sinh học TP. Hồ Chí Minh

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Chi lan Hoàng Thảo (*Dendrobium*) có số lượng lớn, đa dạng về hình dáng, màu sắc và kích thước với hơn 1148 loài khác nhau, đứng thứ 2 trong họ hoa lan, sau chi lan Lọng (*Bulbophyllum*) (Leitch *et al.*, 2009). Vùng Đông Nam Á có thể coi là quê hương của chi lan Hoàng Thảo với hàng trăm loài, riêng ở Việt Nam đã có hơn 100 loài (Trần Hợp, 1998; Averyanov, 2004; Dương Đức Huyền, 2007), chúng được phân bố rộng rãi trên khắp các vùng miền trong cả nước.

Trong công tác bảo tồn và sử dụng bền vững tài nguyên di truyền thực vật, việc đánh giá quỹ gen là công đoạn vô cùng quan trọng không chỉ phục vụ cho việc xác định các giống/loài khác nhau mà còn nhằm tìm hiểu mối quan hệ về di truyền giữa các giống/loài để bảo tồn đa dạng nguồn gen. Sự phát triển mạnh mẽ của các phương pháp và kỹ thuật trong lĩnh vực sinh học phân tử đã tạo ra các công cụ hữu hiệu và nhanh chóng được ứng dụng trong nghiên cứu bảo tồn đa dạng sinh học. Ưu thế của các kỹ thuật phân tử là có khả năng xác định được sự đa dạng ở mức độ gen, tạo cơ sở để đánh giá về giá trị bảo tồn của loài và quần thể. Để đánh giá bản chất di truyền của các cá thể dựa vào hệ gen của chúng, các chỉ thị ADN đã được ứng dụng cho nhiều mục đích khác nhau của các đối tượng khác nhau như: xây dựng thư viện bộ gen, xác định cây phát sinh chủng loại, đánh giá đa dạng di truyền, xác định quan hệ họ hàng... Ở thực vật, có nhiều loại chỉ thị phân tử đã được ứng dụng trong các nghiên cứu như: Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP); Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP); Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD); Microsatellite hay Simple Sequence Repeats (SSR); Inter-Simple Sequence Repeats (ISSRs), ITS (Internal Transcribed

Spacer) (Qian *et al.*, 2008; Yao *et al.*, 2009; Singh *et al.*, 2012; Shangguo *et al.*, 2013; Swati Das *et al.*, 2014). Trên thế giới, DNA barcode đã được áp dụng cho hầu hết các họ thực vật, trong đó nhóm *Dendrobium* được quan tâm nhiều do những khó khăn trong việc phân loại hình thái và số lượng giống được lai tạo mới ngày càng tăng (Feng *et al.*, 2015; Singh *et al.*, 2012). Việc xác định trình tự một đoạn ADN không chỉ là một bước quan trọng trong chiến lược giải mã toàn bộ gen mà còn được ứng dụng nhiều trong các nghiên cứu khác. Trong lĩnh vực nhận dạng phân tử, nghiên cứu phát sinh loài... thì chỉ cần phân tích xác định trình tự một vài gen chỉ thị giữa các loài cần khảo sát mà không cần thiết phải xác định trình tự toàn bộ bộ gen. Các nghiên cứu đánh giá đa dạng di truyền lan Hoàng Thảo còn rất ít, nhất là việc xác định chính xác marker nhận dạng trên đối tượng lan Hoàng Thảo dựa trên giải trình tự các vùng gen ITS, matK, rbcL (Trần Hoàng Dũng và *ctv.*, 2012; Trần Duy Dương, 2015; Chiang *et al.*, 2012). Với định hướng nghiên cứu trên, việc sử dụng chỉ thị ITS được tiếp tục là lựa chọn giúp nhận diện phân tử cho một số mẫu lan *Dendrobium* phổ biến tại khu vực phía Nam. Việc triển khai và tiến hành đề tài trên đối tượng lan Hoàng Thảo có ý nghĩa quan trọng trong việc bảo tồn, gìn giữ và phát triển loài hoa lan này.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

12 mẫu lan Hoàng Thảo *Dendrobium* rừng (ký hiệu mẫu I) và 11 mẫu lan Hoàng Thảo *Dendrobium* nhập nội từ Thái Lan (ký hiệu mẫu D) thu thập từ bộ sưu tập các giống lan của Trung tâm Công nghệ Sinh học thành phố Hồ Chí Minh (TT CNSH TP. HCM).

Bảng 1. Danh sách các mẫu *Dendrobium* trong nghiên cứu

STT	KH	Mẫu <i>Dendrobium</i> rừng	STT	KH	Mẫu <i>Dendrobium</i> thương mại
1	I3	<i>D. superbum</i>	13	D12	<i>D. Emma White</i>
2	I6	<i>D. aphyllum</i> (Roxb.) Fisher.	14	D26	<i>D. Heang Beauty</i>
3	I12	<i>D. primulinum</i>	15	D51	<i>D. Burana Charming</i>
4	I15	<i>D. anosmum</i> var <i>alba</i>	16	D58	<i>D. Ahulani Hinojosa Am</i>
5	I20	<i>D. devonianum</i>	17	D67	<i>D. Burana Sunshine</i>
6	I27	<i>D. anosmum</i> Lindl.	18	D71	<i>D. Caesar Stripe</i>
7	I28	<i>D. capillipes</i> Rchb.f.	19	D72	<i>D. sp. (D72)</i>
8	I32	<i>D. tortile</i> Lindl.	20	D80	<i>D. Thongchai Gold</i>
9	I35	<i>D. crystallinum</i> Rchb. f.	21	D97	<i>D. Duno Virspot</i>
10	I36	<i>D. intricatum</i> Gagnep.	22	D105	<i>D. Arica Woodleng</i>
11	I37	<i>D. cretaceum</i> Lindl.	23	D134	<i>D. Victorya</i>
12	I38	<i>D. anosmum</i> × <i>D. parishii</i>			

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Tiêu chí thu thập mẫu: Mẫu đã được định danh hình thái, có tên khoa học (lan rừng) hoặc tên thương mại (lan lai nhập nội). Các mẫu lá bánh tẻ được tách ADN tổng số bằng phương pháp CTAB (cetyltrimethylammonium bromide) của Doyle và Doyle (1990) với một số cải tiến nhỏ. Vùng ITS của 23 mẫu *Dendrobium* được khuếch đại bằng kỹ thuật PCR với cặp mồi ITS 1F/4R (White *et al.*, 1990). Thành phần phản ứng PCR: 12,5 µL Taq DNA pol 2x - premix, 1 µL mỗi xuôi (5 µM - 10 µM), 1 µL mỗi ngược (5 µM - 10 µM), 1 µL DNA khuôn và thêm nước cho đủ 25 µL. Chu trình nhiệt: 94°C trong 3'; 30 chu kỳ (94°C trong 30", 55°C trong 40", 72°C trong 1'); 72°C trong 5'.

- Sản phẩm PCR được giải trình tự hai chiều và trình tự sau khi giải được hiệu chỉnh bằng phần mềm FinchTV, SeaView, kiểm tra lại bằng công cụ BLAST tìm các trình tự tương đồng, tránh nhiễm mẫu, đánh giá quá trình thu nhận và bảo quản mẫu.

- Cây phát sinh loài được xây dựng dựa trên phần mềm MEGA 7.0, thuật toán Maximum Likelihood, theo mô hình Kimura 2-thông số, với giá trị Boottrap là 1000 (Kurma, 2016).

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

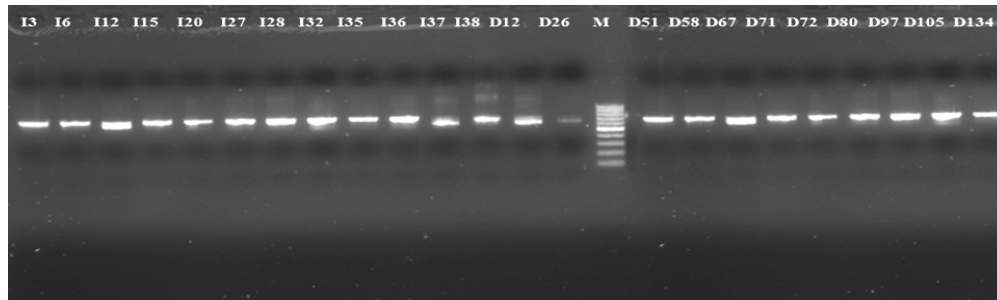
Nghiên cứu được thực hiện từ tháng 9/2015 - 9/2016 tại TT CNSH TP. HCM và trường Đại học Nguyễn Tất Thành.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

A. Kết quả

3a.1. Khuếch đại vùng ITS bằng kỹ thuật PCR

Với cặp mồi ITS 1F/4R, đã khuếch đại thành công đoạn ITS bằng PCR. Kết quả sản phẩm PCR thu được có chất lượng tốt với một băng rõ duy nhất cho mỗi mẫu giống lan Hoàng Thảo trên gel agarose sau khi điện di (Hình 1). Các băng nằm ở vị trí khoảng 700 - 800 bp.



Hình 1. Ảnh điện di đoạn ITS của quả 23 mẫu giống hoa lan Hoàng Thảo được khuếch đại bằng PCR với cặp mồi ITS 1F/4R

I3: *D. superbum*; I6: *D. aphyllum* (Roxb.) Fisher.; I12: *D. primulinum*; I15: *D. anosmum* var *alba*; I20: *D. devonianum*; I27: *D. anosmum* Lindl.; I28: *D. capillipes* Rchb.f.; I32: *D. tortile* Lindl.; I35: *D. crystallinum* Rchb. f.; I36: *D. intricatum* Gagnep.; I37: *D. cretaceum* Lindl.; I38: *D. anosmum* x *D. parishii*; D12: *D. Emma* White; D26: *D. Heang Beauty*; D51: *D. Burana Charming*; D58: *D. Ahulani Hinojosa* Am; D67: *D. Burana Sunshine*; D72: *D. Caesar Stripe*; D80: *D. Thongchai Gold*; D97: *D. Duno Virspot*; D105: *D. Arica Woodleng*; D134: *D. Victorya*; M- 100 ladder

Như vậy, kích thước vùng ITS được khuếch đại là phù hợp. Kết quả này cũng khá phù hợp với các kết quả nghiên cứu của các tác giả khác khi khuếch đại vùng ITS trên cây lan Hoàng Thảo (Xu *et al.*, 2005; Chiang *et al.*, 2012; Trần Hoàng Dũng và *ctv.*, 2012; Liu *et al.*, 2014). Các băng sản phẩm rõ, đúng kích thước nên có thể sử dụng giải trình tự.

3a.2. Phân tích trình tự sau khi hiệu chỉnh

Sản phẩm đoạn ITS sau khi khuếch đại bằng PCR được tinh sạch bằng Qiagen Kit. Chất lượng băng sau khi cắt được kiểm tra trên gel agarose 0,8% sau đó được gửi đi giải trình tự. Kết quả đọc trình tự của 23 mẫu giống lan Hoàng Thảo rõ ràng ở hai trình

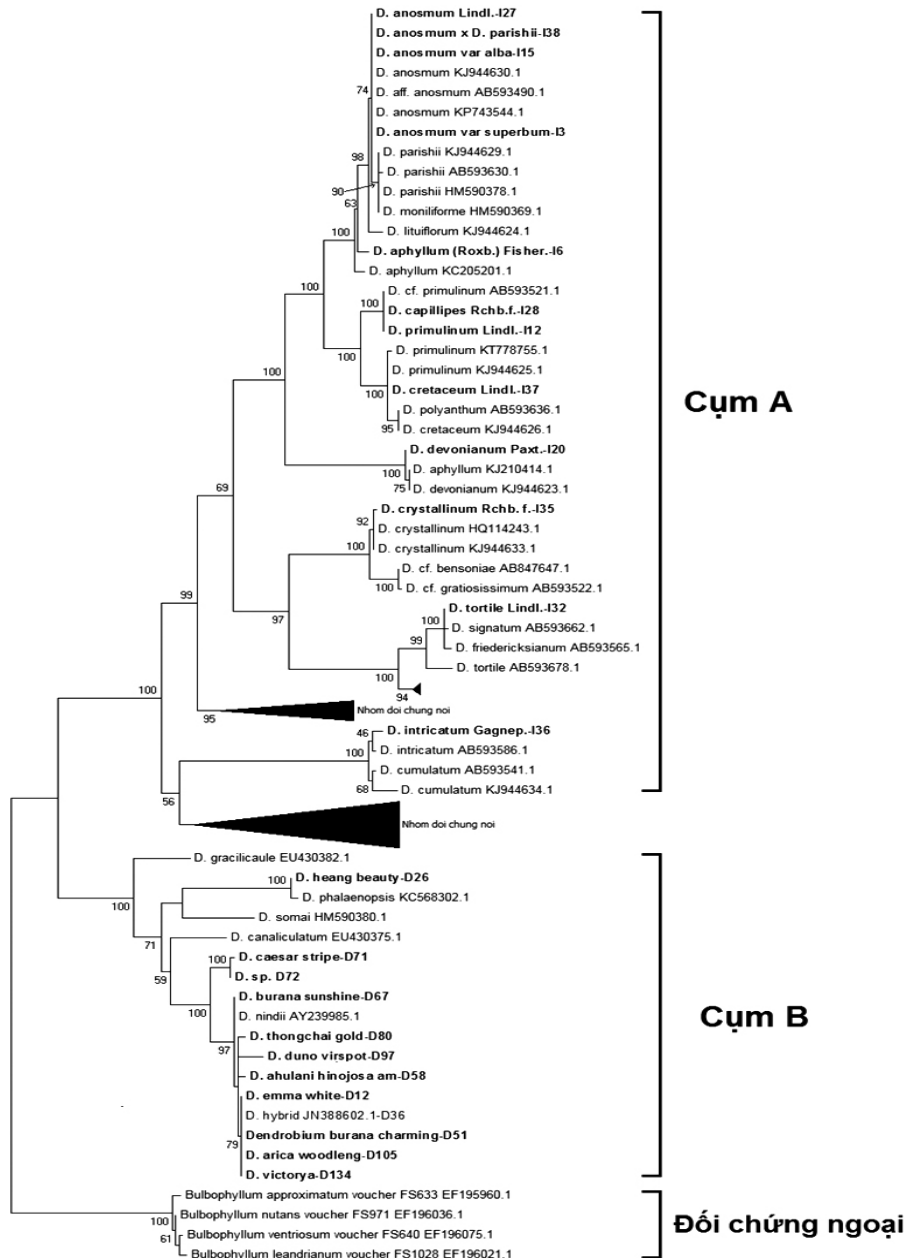
tự xuôi và trình tự ngược. Sau khi có trình tự, kết quả của mỗi mẫu trình tự được đem so sánh với các trình tự của hoa lan Hoàng Thảo trên thế giới dựa trên ngân hàng gen BLAST. Trình tự vùng ITS của 23 mẫu nghiên cứu sau hiệu chỉnh dài khoảng 659 - 706 nucleotide, tương ứng với một số nghiên cứu cho rằng kích thước vùng ITS của *Dendrobium* khoảng 636 - 653 nucleotide (Chiang *et al.*, 2012). Kết quả BLAST các trình tự DNA của vùng ITS trên Genbank cho thấy mức độ bao phủ là 87 - 100% và mức độ tương đồng 96 - 100%. Kết quả cho thấy tất cả trình tự vùng ITS thu được đều tương thích với trình tự thuộc nhóm *Dendrobium* trên Genbank, chứng tỏ việc thu thập, khuếch đại và giải trình tự

vùng ITS của các mẫu thu thập đạt độ tin cậy, mẫu không lẫn tạp nhiễm.

3a.3. Xây dựng cây phát sinh chủng loài dựa trên trình tự DNA vùng ITS

Cây phát sinh loài được xây dựng dựa trên 106 trình tự DNA vùng ITS bao gồm của 23 mẫu lan nghiên cứu và sử dụng một số trình tự trên Genbank có mức độ tương đồng từ 97% đến 100% với trình tự nghiên cứu. Các trình tự thuộc chi *Bulbophyllum* được dùng để làm đối chứng ngoại.

Sau quá trình hiệu chỉnh, vùng ITS sử dụng trong phân tích chứa 569 bp. Mô hình tiến hóa tối ưu Kimura 2 được lựa chọn với hệ số $G = 0,77$ và $-\ln = 5457,4910$. Cây phát sinh loài được xây dựng dựa trên thuật toán thuật toán Maximum Likelihood với 1000 lần lặp lại bằng phần mềm MEGA 7.0. Cây phát sinh loài dựa trên trình tự DNA của vùng ITS thể hiện vị trí mối quan hệ của các mẫu lan phân tích, trong đó các mẫu nghiên cứu được in đậm (Hình 2).



Hình 2. Cây phát sinh loài của các mẫu lan *Dendrobium* rừng Việt Nam và lan *Dendrobium* nhập nội từ Thái Lan dựa trên trình tự vùng ITS của 23 mẫu nghiên cứu và 83 trình tự tham khảo với thuật toán Maximum Likelihood (mô hình tiến hóa tối ưu K2+G, $-\ln = 5438.972$)

Kết quả phân tích cây phát sinh chủng loài cho thấy hai nhóm lan *Dendrobium* rừng (cụm A) và nhóm lan *Dendrobium* nhập nội (cụm B) nằm trong bộ sưu tập của TT CNSH TP. HCM tách bạch hẳn ra, điều này cho thấy nếu sử dụng nguồn lan *Dendrobium* rừng làm nguồn vật liệu bố mẹ cho lai tạo giống sẽ tạo được các giống lai mới so với các giống nhập nội từ Thái Lan.

B. Thảo luận

Công trình nghiên cứu này lần đầu tiên công bố trình tự ITS của các mẫu *Dendrobium* nhập nội có nguồn gốc từ Thái Lan. Điều đáng ghi nhận là các trình tự ITS của lan *Dendrobium* nhập nội từ Thái Lan đều không có hoặc rất ít trình tự tương đồng trên ngân hàng Genbank. Đây là dữ liệu phân tử quan trọng để xây dựng hệ thống mã vạch DNA về sau. Nhóm *Dendrobium* nhập nội có quan hệ gần với *D. canaliculatum* (EU430375.1), *D. phalaenopsis* (KC568302.1) và một mẫu lan lai (JN388602). Điều này gợi ý, các giống *Dendrobium* nhập nội này là những loài lai có nền di truyền hay nguồn gốc bố mẹ là các loài lan *D. canaliculatum* và *D. phalaenopsis*.

Ngược với nhóm lan nhập nội, nhóm lan *Dendrobium* rừng trong nghiên cứu này luôn tìm thấy các trình tự tương đồng trên ngân hàng Genbank với chỉ số đồng dạng 99 - 100%. Các mẫu *Dendrobium* rừng nghiên cứu luôn tạo thành cụm với các mẫu *Dendrobium* có cùng tên phân loại trên ngân hàng Genbank. Các mẫu *Dendrobium* này đều được nhận diện bằng hình thái trước đó và khi so sánh với các trình tự trên Genbank cũng cho thấy có sự tương đồng. Từ kết quả phân tích mối liên hệ di truyền dựa trên trình tự vùng ITS, một số mẫu nghiên cứu có thể tái xác nhận tên khoa học. Cụ thể mẫu I36 có tên khoa học là *D. intricatum* Gagnep, mẫu I35 là *D. crystallium* Rchb. f., mẫu I3 là *D. anosmum*.

Tuy thế, ở những mẫu nghiên cứu thuộc nhóm lan *Dendrobium* cánh rời, thân thòng thì do hình thái ngoài khá tương cận, nên việc không tương thích giữa kết quả nhận diện bằng hình thái và nhận diện phân tử đã xảy ra, như mẫu *D. capillipes* Rchb.f (I28), *D. primulinum* (I12) và *D. cretaceum* Lindl. (I37) cho kết quả không thật sự rõ ràng. Tình trạng tương tự cũng xảy ra với mẫu *D. devonianum* Paxt. (I20) và mẫu *D. tortile* Lindl. (I32) do hình thái tương cận với *D. aphyllum* và *D. signatum* hoặc *D. friederickianum*. Do vậy cần có sự phân tích sâu hơn để xác nhận tên khoa học chính xác. Ví dụ như phân tích thêm các marker phân tử khác như vùng không mã hóa trnH-trnK hoặc trnH-psbA để nhận diện loài phân tử tối ưu.

IV. KẾT LUẬN

Phân tích trình tự vùng ITS của 23 mẫu lan *Dendrobium* giúp nhận diện phân tử và cho thấy mối liên hệ di truyền của các giống lan rừng và lan thương mại nhập nội, từ đó làm cơ sở cho các nghiên cứu về đa dạng sinh học và di truyền của các giống lan *Dendrobium*. Kết quả cho thấy 12 mẫu *Dendrobium* rừng thu thập ở khu vực phía Nam và 11 mẫu *Dendrobium* nhập nội từ Thái Lan tách bạch thành 2 nhóm rõ rệt. Một số mẫu lan rừng Việt Nam có tên khoa học nhận diện bằng hình thái tương thích khi nhận diện bằng trình tự vùng ITS. Tuy nhiên đối với một số chưa thể phân biệt rõ cần có sự nghiên cứu thêm các vùng DNA barcode khác nhằm tăng khả năng nhận diện loài.

LỜI CẢM ƠN

Nhóm tác giả chân thành cảm ơn Trung tâm Công nghệ sinh học TP. HCM, Trường Đại học Sư phạm TP. HCM và trường Đại học Nguyễn Tất Thành đã hỗ trợ kinh phí và tạo điều kiện cơ sở vật chất để hoàn thành nghiên cứu này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Trần Hoàng Dũng, Trần Lệ Trúc Hà, Vũ Thị Huyền Trang, Đỗ Thành Trí, Trần Duy Dương**, 2012. Ứng dụng công nghệ ADN để phân loại và nhận diện lan Hoàng Thảo trầm rừng (*Dendrobium parishii*) và Phi điệp (*Dendrobium anosmum*) tại Việt Nam, *Tạp chí Nông nghiệp & Phát triển nông thôn*, số 18, tr.3-9.
- Trần Duy Dương**, 2015. *Nghiên cứu đa dạng di truyền và xác định chỉ thị nhận dạng một số nguồn gen hoa lan Hoàng Thảo (Dendrobium) bản địa của Việt Nam*. Luận án Tiến sĩ nông nghiệp.
- Trần Hợp**, 1998. *Phong lan Việt Nam*. Nhà xuất bản nông nghiệp. Hà Nội.
- Dương Đức Huyền**, 2007. *Thực vật chí Việt Nam-Flora of VietNam* (9). Nhà xuất bản Khoa học và kỹ thuật. Hà Nội.
- Averyanow L.V.**, 2004. *Dendrobium tuananhii* Aver. Orchid. *American Orchid Society*, pp. 134-136.
- Chiang C.H., Tsong A. Y., Shu F.L., Chao L.K., and Wen H.P.**, 2012. Molecular authentication of *Dendrobium* species by multiplex polymerase chain reaction and amplification refractory mutation system analysis. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 137(6): 438-444.
- Feng S., Zhao H., Lu J., Liu J., Shen B., and Wang H.**, 2013. Preliminary genetic linkage maps of Chinese herb *Dendrobium nobile* and *D. moniliforme*. *J. Genet.*, 92(2): 205-212.

- Kumar S., Stecher G., Tamura K.**, 2016. MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Mol Biol Evol.*; 33(7): 1870-18744. doi: 10.1093/molbev/msw054.
- Leitch I. J., Kahandawala I., Suda J., Hanson L., Ingrouille M.J., Chase, M.W., and Fay M.F.**, 2009. Genome size diversity in orchids: consequences and evolution. *Annals of Botany*, (104): 469-481.
- Liu Y.T., Chen R.K., Lin S. J., L, Chen Y.C., Chin S.W., Chen F.C., and Lee C.Y.**, 2014. Analysis of sequence diversity through internal transcribed spacers and simple sequence repeats to identify *Dendrobium* species. *Genetics and Molecular Research* 13 (2): 2709-2717.
- Qian L., Ding G., Zhou Q., Feng Z., Din. X., Gu S., WangY., Li X., and Chu B**, 2008. Molecular authentication of *Dendrobium loddigesii* Rolfe by amplification refractory mutation system (ARMS). *Planta Med* 74(4): 470-473.
- Shangguo F., Hongyan Z., Jiangjie L., Junjun L., Shen B. and Huizhong W.**, 2013. Preliminary genetic linkage maps of Chinese herb *Dendrobium nobile* and *D. moniliforme*. *Journal of Genetics*, 92(2): 110-115.
- Singh H.K., Parveen L., Raghuvanshi S., and Babbar S.B.**, 2012. The loci recommended as universal barcodes for plants on the basis of floristic studies may not work with congeneric species as exemplified by DNA barcoding of *Dendrobium* species. *BMC Res Notes* (5): 42-48.
- Swati Das (Sur)., Surya S. D., and Parthadeb G.**, 2014. Analysis of genetic diversity in some black gram cultivars using ISSR. *European Journal of Experimental Biology* 4(2), pp. 30-34.
- Xu, H., Zhengtao, W., Xiaoyu, D., Kaiya, Z., and Loushan**, 2005. Differentiation of *Dendrobium* species used as “Huangcao Shihu” by rDNA ITS sequence analysis. *Planta Med*, 72 (1): 89-92.
- Yao H., Song J.Y., Ma X.Y., Liu C., Li Y., Xu H.X., Han J.P., Duan L.S., Chen S.L.**, 2009. Identification of *Dendrobium* species by a candidate DNA barcode sequence: the chloroplast *psbA-trnH* intergenic region. *Planta Med.*, 75(6): 667-669.

Analysis of phylogenetic relationship of *Dendrobium* based ITS sequences

Nguyen Nhu Hoa, Tran Hoang Dung,
Duong Hoa Xo, Huynh Huu Duc

Abstract

Analysis of DNA sequence data is the basis for identifying and preserving *Dendrobium* species and selecting potential hybrid combinations to create new valuable orchids. In this study, 23 *Dendrobium* orchids were analyzed based on DNA sequences of the nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region. The ITS region consisted of a part of the 18S region, the entire ITS1, 5.8S, ITS2 and part of the 28S region, and the length of 659 to 706 nucleotides. Based on phylogenetic tree, 12 samples of *Dendrobium* collected in the south and 11 samples of *Dendrobium* introduced from Thailand were separated into two groups. Some Vietnamese *Dendrobium* have been identified by the morphology that coincides with the ITS region identification. However, in some regions ITS sequence samples did not show a clear consensus between the identification and morphology marker.

Keywords: *Dendrobium*, DNA barcode, ITS region, phylogenetic tree

Ngày nhận bài: 12/10/2017

Ngày phản biện: 19/10/2017

Người phản biện: PGS. TS. Lê Quang Luân

Ngày duyệt đăng: 10/11/2017

SO SÁNH ĐẶC ĐIỂM THỰC VẬT HỌC CỦA LAN ĐÀI CHÂU CÔNG NGHIỆP VÀ LAN ĐÀI CHÂU RỪNG

Banchar Keomek¹, Đặng Văn Đông^{1,2},
Phùng Thị Thu Hà¹, Nguyễn Xuân Cảnh³

TÓM TẮT

Lan Đài châu là một trong những loài lan quý của Việt Nam. Hiện nay, cả lan Đài châu rừng và lan Đài châu công nghiệp đều được ưa chuộng, nhưng vẫn chưa có nhiều nghiên cứu để phân biệt hai loại lan này. Trong nghiên cứu này, phân tích đặc điểm hình thái, vi phẫu của lan Đài châu công nghiệp 1, 2, 3 năm tuổi và lan Đài châu rừng nhằm chỉ ra sự khác biệt giữa các nhóm lan. Kết quả cho thấy lan rừng có các chỉ tiêu sinh trưởng lớn hơn lan công nghiệp

¹ Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam; ² Viện Nghiên cứu Rau quả

³ Khoa Công nghệ sinh học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam