

**Nguyễn Thị Lan, Nguyễn Đức Chuyên, Nguyễn Văn Đại, Tạ Văn Căn, Nguyễn Văn Quang**, 2012. Kết quả khảo nghiệm, đánh giá khả năng sản xuất của một số giống cỏ nhập nội tại Sông Công - Thái Nguyên. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ chăn nuôi*, số 38, tháng 10/2012, Viện Chăn nuôi.

**Nguyễn Văn Quang, Bùi Việt Phong, Bùi Thị Hồng, Ngô Đức Minh và Nguyễn Duy Phương**, 2010. Nghiên cứu tuyển chọn giống cây thức ăn gia súc phù hợp, phục vụ chăn nuôi trâu bò tại huyện Than

Uyên và Sin Hồ, tỉnh Lai Châu. Báo cáo khoa học, Viện chăn nuôi.

**Nguyễn Quang Tin và Lưu Ngọc Quyến**, 2014. Nghiên cứu trồng cây thức ăn gia súc trên đất lúa 1 vụ năng suất thấp bấp bênh vùng miền núi phía Bắc. Báo cáo kết quả nghiên cứu đề tài, Viện Khoa học kỹ thuật nông lâm nghiệp miền núi phía Bắc.

**Trạm khí tượng thủy văn Hoàng Su Phì**, 2018. Báo cáo số liệu khí tượng năm 2017 và 4 tháng đầu 2018.

## Growing ability, biomass and quality of some grasses for cattle production at Hoang Su Phi, Ha Giang

Dao Ba Yen, Le Van Bay, Nguyen Thi Thu Cuc  
Nguyen Xuan Truong, Nguyen Xuan Cu

### Abstract

The purposes of the project “Study of cultivation techniques to improve fresh and safe feed sources for cattle at household scale in the Northwest region of Vietnam” are to identify and select appropriate grass varieties which are highly adaptable to natural conditions of Ha Giang province and the North West region of Vietnam. Nine different grass varieties were evaluated for growth capacity, yield, and nutrient values in Hoang Su Phi district, Ha Giang province between March 2017 and May 2018. These varieties were divided into two groups, the vertical shaped types (VA 06; Florida elephant; Pakchong, and voi xanh) and the shrub types (*Panicum maximum* TD58; *Brachiaria Brizantha*, *B. Mulato II*, and *Panicum maximum Mombasa*). The results showed that voi xanh, VA 06, and Mombasa had the best growth capacity which can develop and recover quickly. The fresh biomass yield of voi xanh, VA 06, and Mombasa was 250.5 tons/ha, 223.3 tons/ha, and 155.7 tons/ha, respectively. The analysed result demonstrated that Pakchong could be used as the high-nutrient value added for the food supplement and this grass had high proportion of consumable parts (leaf/branch, 70.8%) and 14.39% crude protein. In conclusion, voi xanh, VA 06, Mombasa, and Pakchong II were highly potential as feed sources for cattle production as well as highly adaptable with the conditions of Ha Giang and other northern mountainous regions.

**Keywords:** Cattle, feed, forage grass varieties, yield

Ngày nhận bài: 18/9/2018

Ngày phản biện: 26/9/2018

Người phản biện: TS. Nguyễn Văn Thắng

Ngày duyệt đăng: 15/10/2018

## NGHIÊN CỨU ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA ĐOẠN GEN *matK* Ở MỘT SỐ NGUỒN GEN CHUỐI VIỆT NAM

Nguyễn Thị Ngọc Lan<sup>1</sup>, Nguyễn Thị Lan Hoa<sup>2</sup>,  
Hà Minh Loan<sup>2</sup>, Nguyễn Thị Thanh Thủy<sup>3</sup>, Lê Tuấn Nghĩa<sup>2</sup>

### TÓM TẮT

Kết quả nghiên cứu đa dạng trình tự đoạn gen *matK* gồm 787 nucleotid của tập đoàn 12 nguồn gen chuối Việt Nam đã xác định được đột biến đồng hoán (C>T) tại vị trí 501 của gen ở cả 2 giống chuối Tiêu Hồng (B2) và Trăm Nải (B4), đột biến này có ý nghĩa trong nhận dạng các nguồn gen chuối Trăm Nải và chuối Tiêu Hồng của nước ta. Hai trình tự này đã được đăng ký NCBI với số đăng ký lần lượt là KR073220 và KR073221. Phân tích cây phả hệ bằng phương pháp Neighbor Joining dựa trên trình tự của đoạn gen *matK* 787 nucleotid đã nhóm được trình tự của các chi *Musa*, *Ensete*, *Musella* trong họ Musaceae của Bộ Zingiberales, tách biệt rõ ràng được hai giống chuối Tiêu Hồng và Trăm Nải của Việt Nam.

**Từ khóa:** Chuối, giải trình tự, ADN mã vạch, *matK*

<sup>1</sup> Viện Di truyền Nông nghiệp; <sup>2</sup> Trung tâm Tài nguyên thực vật; <sup>3</sup> Bộ Nông nghiệp và PTNT

## I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Chuối là một loại cây ăn quả nhiệt đới quan trọng có giá trị kinh tế ở nhiều nước trên thế giới. Nước ta là một trong những nơi xuất xứ đa dạng của nguồn gen chuối. Theo dữ liệu Promusa, hiện nay, ở Việt Nam có 6 phân nhóm chuối sau: Nhóm có hệ gen AA (chuối Ngự Tiến, chuối Tiên); nhóm có hệ gen AAA (chuối Và Hương, chuối Tiêu Hồng); nhóm có hệ gen AAB (chuối Goong, chuối Trăm Nải); nhóm có hệ gen ABB (chuối Tây, chuối Ngổp Cau); nhóm có hệ gen ABBB (chuối Gáo) và nhóm có hệ gen BBB (chuối Ngự, chuối Sáp) (Valmayor R.V. *et al.*, 2002; Ploetz T.C. *et al.*, 2007).

Mặc dù kết hợp nhiều hệ thống, tuy nhiên việc phân loại và nhận dạng các giống chuối dựa trên kiểu hình vẫn phức tạp và còn tồn tại các dạng chuối khó phân loại được. Đây là một trở ngại trong công tác phân loại, quản lý và chọn tạo nguồn gen chuối nước ta. Cho đến nay, những tiến bộ mới trong nghiên cứu sinh học phân tử và phương pháp phân tích hệ gen sinh vật đã mở ra hướng tiếp cận mới có vai trò

đầy hứa hẹn cải thiện hiệu quả được cách nhận dạng giống chuối. DNA barcode hay mã vạch ADN là một công cụ mới hỗ trợ có hiệu quả cho việc nhận dạng, định danh mẫu. Đối với thực vật, một số gen/đoạn trình tự thuộc hệ gen nhân (*ITS*, *rDNA*) và hệ gen ti thể (*matK*, *rbcL*...) đã được sử dụng phổ biến làm phương pháp nhận dạng. Trình tự gen *matK* có tỷ lệ tiến hóa cao nhất trong các gen nên cũng có khả năng phân biệt loài cao (Vijayan K. *et al.*, 2010).

Chính vì vậy, việc lựa chọn đoạn gen *matK* để tiến hành khuếch đại và xác định trình tự nucleotit là cần thiết để từ đó làm cơ sở nhằm phục vụ cho việc nhận dạng các giống chuối, góp phần nâng cao hiệu quả quản lý, bảo tồn và chọn tạo các nguồn gen quý.

## II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1. Vật liệu nghiên cứu

- Nguồn gen: 12 giống chuối được lưu giữ tại Viện Khoa học Kỹ thuật Nông Lâm nghiệp miền núi phía Bắc.

**Bảng 1.** Danh sách 12 giống chuối sử dụng trong nghiên cứu

TT	ID <sup>1</sup>	ID <sup>2</sup>	ID <sup>3</sup>	Tên giống	Tên tiếng Anh	Nhóm
1	1122	GBVNML1.30	B1	Chuối Goong	Latundan	AAB
2		GBVNML1.10	B2	Chuối Tiêu Hồng		AAA
3	1047	GBVNML1.11	B3	Chuối Tiêu Xanh	Tudok	AAA
4	1158	GBVNML1.32	B4	Chuối Trăm Nải	Ternate	AAB
5	926	GBVNML1.3	B5	Chuối Ngự Tiến	Bata-bata	AA
6	1206	GBVNML1.28	B6	Chuối Voi	Duhoy	AAB
7		GBVNML1.43	B7	Chuối Lá Vàng tiên		-
8		GBVNML1.26	B8	Chuối Tiêu Bến Tre		-
9		GBVNML1.65	B9	Chuối Hột		-
10		GBVNML1.58	B10	Chuối Tây Thanh Hóa		ABB
11	1260	GBVNML1.59	B11	Chuối Gáo	Tiparot	ABBB
12	1074	GBVNML1.14	B12	Chuối Tiêu Vừa	Bangan	AAA

Ghi chú: ID<sup>1</sup>: số đăng ký tại Promusa; ID<sup>2</sup>: số đăng ký cơ quan mạng lưới, ngân hàng gen cây trồng Quốc gia (GBVNML); ID<sup>3</sup>: ký hiệu giống

- Bộ mỗi khuếch đại các vùng gen *matK*:

**Bảng 2.** Danh sách mỗi khuếch đại vùng gen *matK*

Gen	Mũi	Trình tự 5'-3'	Tham khảo
<i>matK</i>	Kim3F	CGTACAGTACTTTTGTGTTTACGAG	Ki-Joong Kim per.comm (W.John Kress <i>et al.</i> , 2012)
	Kim1R	TAGAATTCCCCGTTTCGCTCGCCGTAC	

### 2.2. Phương pháp nghiên cứu

ADN tổng số được tách chiết và tinh sạch theo phương pháp dùng công nghệ màng lọc silica và

bảng cột lọc của QUIAGEN Dnaeasy Plan Kit.

Phản ứng PCR khuếch đại gen và *matK* được thực hiện với thành phần: 14,34 µH<sub>2</sub>O deion;

2 µl10x PCR buffer; 0,16 µl dNTP mix; 0,2 µl mỗi Kim1R/Kim3F; 0,1 µl Taq polymerase (Fusion taq) và 0,1 µl ADN tổng số; thể tích phản ứng PCR là 20 µl; ở điều kiện nhiệt: biến tính ở 94°C trong 4 phút, 1 chu trình; 94°C trong 40 giây, 52°C trong 35 giây, 72°C trong 1 phút, 35 chu trình; 72°C trong 10 giây, bảo quản tại 16°C. Sản phẩm PCR được điện di trên gel agarose 1,5% trong đệm TBE, nhuộm bằng EtBr. Kiểm tra sản phẩm PCR bằng máy đo quang phổ nanodrop 2000. Những mẫu có nồng độ sản phẩm khoảng 100 ng/µl được dùng để giải trình tự.

Chu trình và phản ứng cho giải trình tự: Mẫu được khuếch đại với từng mẻ, mỗi mẫu lặp lại 5 lần với thành phần như sau: 5,5 µl water nuclease-free, 1 µl BigDye, 2 µl X5 buffer, 0,5 µl mỗi xuôi hoặc ngược và 1 µl PCR template; tổng thể tích 20 µl; ở điều kiện 96°C trong 1 phút, 1 chu trình; 96°C trong 10 giây, 50°C trong 5 giây, 60°C trong 4 phút, 25 chu trình; 72°C trong 2 phút; bảo quản tại 4°C. Sản phẩm được đưa vào hệ thống giải trình tự bằng máy ABI3700 của 1<sup>st</sup> base Seq. company (Singapore).

Trình tự của các mẫu thu được có QV>20 sẽ được xử lý, hiệu chỉnh bằng phần mềm BioEdit 4.9, sắp xếp thẳng hàng trình tự bằng công cụ ClustalW và so sánh trên ngân hàng gen bằng công cụ NCBI/BLAST được tích hợp trong phần mềm phân tích Genious 7.11, Mega 7.0.26.

### 2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được tiến hành năm từ 2014 đến năm 2016 tại Trung tâm Tài nguyên Thực vật (An Khánh - Hoài Đức - Hà Nội).

## III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Kết quả tách chiết mẫu lá của giống chuối cho thấy ADN có nồng độ từ 200 - 500 ng/µl, đạt độ tinh sạch (chỉ số A260/280: 1,89; chỉ số 230/260: 2,04) và

không còn ARN lẫn tạp, đủ tiêu chuẩn để thực hiện các bước khuếch đại để giải trình tự tiếp theo.



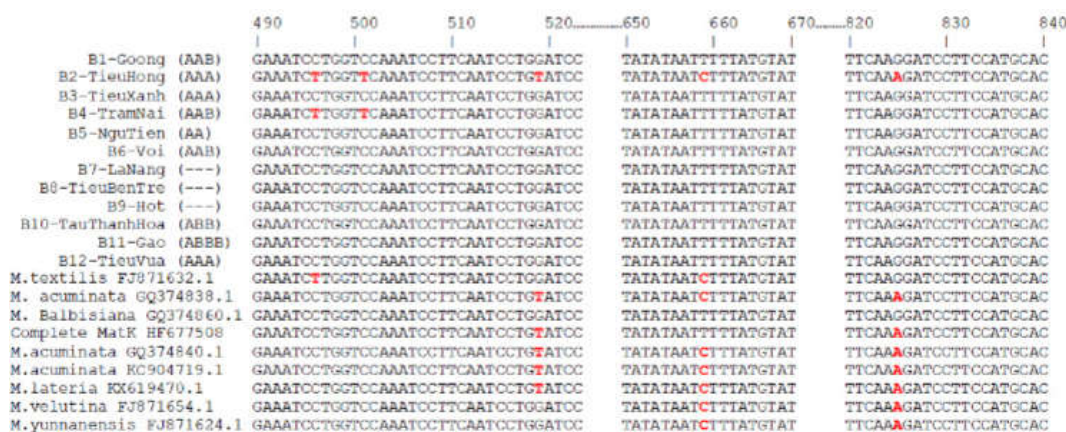
**Hình 1.** Khuếch đại vùng gen *matK* bằng cặp mồi Kim3F/1R

Kết quả giải trình tự đoạn gen *matK* từ 12 giống chuối được so sánh với trình tự của toàn bộ hệ gen lục lạp (BLAST với dữ liệu trình tự NCBI). Kết quả BLAST hit cho thấy trình tự 787bp nucleotide của các chuỗi nằm trong vùng cấu trúc gen của gen *matK*. Vì vậy, các trình tự này đã được phân tích để tìm khung đọc ORF để dịch mã cho các axit amin tương ứng.

Kết quả phân tích so sánh các trình tự đoạn gen *matK* thu được từ 12 giống chuối Việt Nam có 5 kiểu bộ nhiễm sắc thể lưỡng bội và đa bội khác nhau (AA, AAA, AAB, ABB, ABBB) cho thấy: các trình tự của đoạn gen *matK* gần như hoàn toàn tương đồng. Tuy nhiên, có sự khác biệt của 2 giống chuối Tiêu Hồng (AAA) và Trăm Nải (AAB) với cả tập đoàn chuỗi nghiên cứu như sau:

- Cả 2 nguồn gen đều có 2 đột biến (C>T) tại vị trí 496 và 501 (vị trí của gen *matK*, tham chiếu từ trình tự có số đăng ký NCBI HF677508.1).

- Ngoài ra, nguồn gen chuối Tiêu Hồng (B2) có sự khác biệt so với tất cả 11 giống còn lại trong tập đoàn nghiên cứu ở vị trí SNP 519 (G>T), 659 (T>C) và 825 (G>A) Các vị trí này có thể giúp nhận biết giống chuối Tiêu Hồng (B2) với các nguồn gen chuối khác trong tập đoàn nghiên cứu này (Hình 2).



**Hình 2.** So sánh trình tự gen *matK* của các giống chuối nghiên cứu

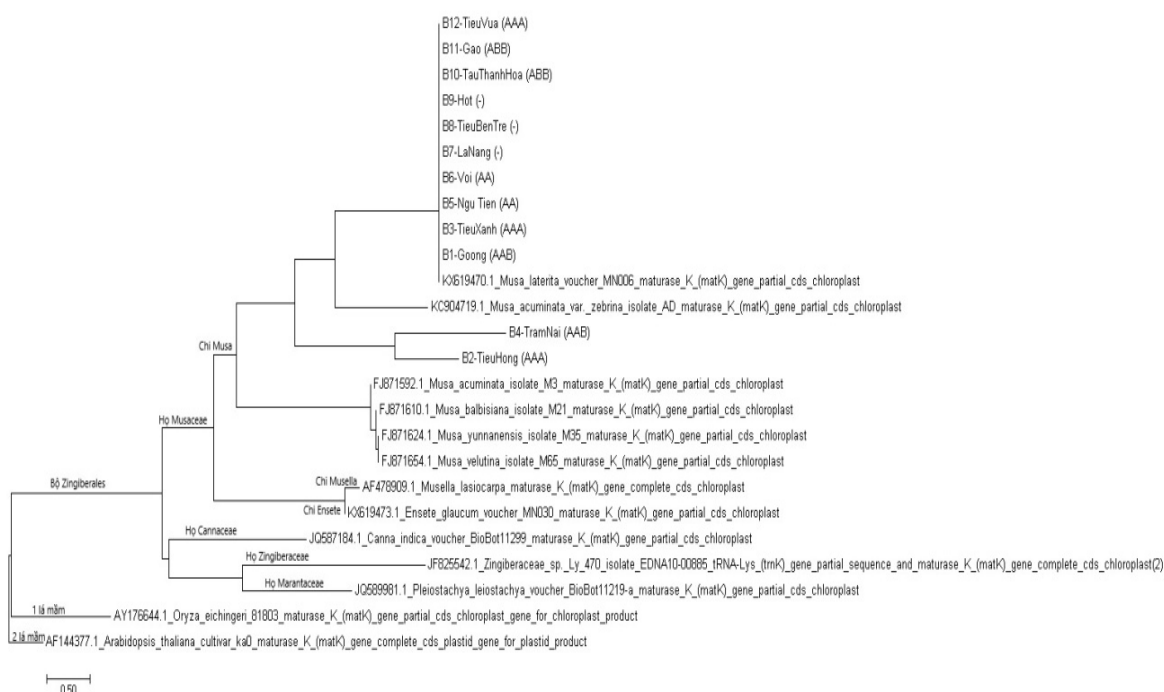
Tiến hành BLAST các trình tự này với ngân hàng dữ liệu trình tự của NCBI và CBOLD, kết quả thu được như sau:

- Mức độ tương đồng của trình tự đoạn gen *matK* giữa các loài chuối trong chi *Musa* biến thiên từ 97% lên đến 100%.

- Đột biến đồng hoán (C>T) tại vị trí 501 của đoạn trình tự ở cả 2 giống chuối Tiêu Hồng (B2) và Trăm Nải (B4) khác biệt hoàn toàn với toàn bộ các đoạn trình tự trên ngân hàng gen, chỉ xuất hiện trên 2 giống chuối của Việt Nam. Tuy nhiên, phân tích cho thấy các đột biến này không đại diện cho các dạng phân nhóm có dạng nhiễm sắc thể cùng loại AAA và AAB nhưng có thể là các đột biến tự nhiên xuất hiện do vùng xuất xứ địa lý của mẫu vật. Vì vậy, các đột biến này có ý nghĩa trong việc nhận dạng các

nguồn gen chuối Trăm Nải và chuối Tiêu Hồng của nước ta. Hai trình tự này đã được đăng ký NCBI với số đăng ký lần lượt là KR073220 và KR073221.

Các trình tự của đoạn gen *matK* gồm 787 nucleotid và một số trình tự tham chiếu từ NCBI tương ứng đại diện cho 5 nhóm *Musa* được sử dụng để phân tích tương quan di truyền giữa các nguồn gen trong tập đoàn nghiên cứu, bằng phương pháp lập sơ đồ hình cây NJ (Saitou N and Nei M., 1987), với outgroup là trình tự của loài *Arabidopsis thaliana* đại diện nhóm cây 2 lá mầm. Các trình tự tham chiếu được chọn với tiêu chí là các trình tự có tương đồng từ gần nhất đến xa nhất trong danh sách BLAST-hit bao gồm các trình tự *M. acuminata*, *M. balbisiana*, *M. laterita*, *M. velutina* và *M. yunnanensis*.



Hình 4. Cây phân loại dựa trên đoạn gen *matK* của các giống chuối nghiên cứu

Kết quả cho thấy cây phả hệ đã phân nhóm các trình tự thành 2 nhóm chính: cây 1 lá mầm và 2 lá mầm. Trong nhóm 1 lá mầm, trình tự cây lúa *Oryza sativa* được nhóm riêng tách biệt với các nhóm trình tự thuộc Bộ Zingiberales. Trong Bộ Zingiberales, các trình tự gen trong họ Musaceae được phân biệt rõ ràng với các họ Cannaceae, họ Marantaceae và họ Zingiberaceae. Trong nhóm trình tự họ Musaceae, trình tự các giống chuối nghiên cứu nhóm với các trình tự thuộc chi *Musa* thành 1 nhóm lớn, tách biệt

với 2 trình tự thuộc chi *Ensete* và *Musella*. Kết quả phân nhóm dựa vào đoạn 787 nucleotid này phù hợp với phân loại từ Bộ, Họ, Chi theo khóa phân loại thông thường tham khảo từ NCBI. Kết quả này cho thấy đoạn gen *matK* có ý nghĩa trong phân loại đến mức nhận dạng Chi.

Các trình tự chuối nghiên cứu đều nằm trong nhóm chi *Musa*. Hai trình tự chuối Trăm Nải và Tiêu Hồng đứng tách biệt với các trình tự của chuối Việt Nam và các nguồn gen đại diện khác (Hình 4).

## IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

### 4.1. Kết luận

Kết quả nghiên cứu đa dạng trình tự đoạn gen *matK* gồm 787 nucleotid của tập đoàn 12 nguồn gen chuối nghiên cứu đã xác định được đột biến đồng hoán (C>T) tại vị trí 501 của đoạn trình tự ở cả 2 giống chuối Tiêu Hồng (B2) và Trăm Nải (B4). Các đột biến này khác biệt với toàn bộ các đoạn trình tự trên ngân hàng gen và được đăng ký trên NCBI với số đăng ký lần lượt là KR073220 và KR073221.

Phân tích cây phả hệ cho thấy, trình tự của đoạn gen *matK* đã nhóm được các chi *Musa*, *Ensete*, *Musella* trong cùng Bộ Gừng và tách biệt được Bộ Gừng với các bộ một và hai lá mầm khác. Thông tin cả đoạn với 787 nucleotit (từ 448 đến 1234 bp) đã không phân biệt chính xác các loài chuối nghiên cứu và tham chiếu. Tuy nhiên đoạn gen *matK* đã tách biệt được giống chuối Tiêu Hồng và Trăm Nải của Việt Nam.

### 4.2. Đề nghị

Kết quả giải trình tự các giống chuối này có thể được sử dụng trong nhận dạng nguồn gen và các chương trình chọn tạo giống chuối trong tương lai.

Công trình là kết quả của đề tài Xây dựng mã vạch ADN (DNA barcode) cho các giống cây trồng đặc hữu có giá trị kinh tế của Việt Nam thuộc chương trình Công nghệ Sinh học Nông nghiệp và Thủy sản.

### TÀI LIỆU THAM KHẢO

- CBOL Plant Working Group**, 2009. A DNA barcode for land plants, *Proc Natl Acad Sci USA*, 106: 12794-12797.
- John Kress W. and David L. Erickson**, 2012. DNA Barcodes: Methods and Protocols. *Methods in Molecular Biology*, vol.858, doi: 10.1007/978-1-61779-591-6\_11.
- Ploetz R.C, Kepler A.K, Daniells J.W, Nelson S.C**, 2007. Species profiles for Pacific Island agroforestry *Permanent Agriculture Resource, USA*, 27.
- Saitou N, Nei M**, 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, volume 4, issue 4, 406-425.
- Valmayor R.V, Espino R.R.C, Pascua O.C**, 2002. The Wild and Cultivated Bananas of the Philippine. *Parrfi, Philippines*, 971-92540-1-7, 242.
- Vijayan K., and Tsou C.H**, 2010, DNA barcoding in plants: taxonomy in a new perspective. *Current science*, vol.99, 1530-1540.

## Genetic diversity of *matK* gene in Vietnam bananas germplasm

Nguyen Thi Ngoc Lan, Nguyen Thi Lan Hoa, Ha Minh Loan, Nguyen Thi Thanh Thuy, La Tuan Nghia

### Abstract

The survey result of genetic diversity in *matK* gene segment of 787 nucleotide among 12 Vietnam's banana germplasms identified transition mutation (C> T) at 501 downstream position of the sequences in both Tieu Hong (B2) and Tram Nai (B4) cultivars which might be the molecular identification to distinguish Vietnam bananas germplasm from others. These *matK* nucleotide sequences from Tieu Hong and Tram Nai germplasms have been registered with NCBI codes as KR073220 and KR073221, respectively. The phylogenetic tree analysis by Neighbour Joining method based on 787 nucleotides of *matK* gene showed that all surveying sequences were exactly divided in 2 main groups: dicot (reference sequence is *Arabidopsis thaliana*) and monocot (reference sequence is *Oryza sativa* and *Zingiberales*). In monocot group, this analysis successfully grouped the *Musa*, *Ensete* and *Mesilla* genus sequences in the Zingiberales order group. The 787 nucleotides (from 448 to 1234bp downstream) analysis discriminated clearly two banana germplasms of Vietnam (Tieu Hong and Tram Nai).

**Keywords:** Banana, *Musa*, sequencing, DNA barcode, *matK*

Ngày nhận bài: 21/9/2018

Ngày phản biện: 25/9/2018

Người phản biện: TS. Phùng Thị Thu Hà

Ngày duyệt đăng: 15/10/2018

## KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU ỨNG DỤNG KỸ THUẬT ĐỐN CẢI TẠO TRÊN GIỐNG HỒNG KHÔNG HẠT HÀ GIANG

Hà Tiết Cung<sup>1</sup>, Hà Quang Thường<sup>1</sup>, Vũ Ngọc Tú<sup>1</sup>,  
Hán Thị Hồng Ngân<sup>1</sup>, Hán Thị Hồng Xuân<sup>1</sup>, Đỗ Thế Việt<sup>1</sup>

### TÓM TẮT

Tỉnh Hà Giang nổi tiếng với giống hồng không hạt, hương vị thơm ngon rất được thị trường ưa chuộng. Những năm gần đây, hồng không hạt Hà Giang được quan tâm phát triển gắn với du lịch sinh thái trong đó mở rộng diện tích và cải thiện năng suất, chất lượng các vườn hồng cũ là hai hướng ưu tiên. Kết quả nghiên cứu ứng dụng kỹ thuật đốn cải tạo trên cây hồng không hạt Hà Giang cho thấy: Đốn cải tạo giúp hạ thấp tán, cây sinh trưởng khỏe, hạn chế rụng quả, giảm số lượng và mức độ sâu bệnh hại. Năm thứ 2 sau đốn, năng suất tăng 17,8 - 18,2%, hiệu quả kinh tế tăng 2,6 - 2,8 triệu đồng/ha/năm so với đối chứng. Ở những năm tiếp theo, khi cây tạo được bộ khung tán mới ổn định, chi phí đầu vào giảm, dự kiến hiệu quả kinh tế sẽ tăng vọt so với hai năm đầu và so với các vườn cùng độ tuổi không tiến hành biện pháp đốn.

**Từ khóa:** Cây hồng không hạt, đốn cải tạo, Hà Giang

### I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Cây hồng (*Diospyros kaki* L.) là cây ăn quả á nhiệt đới có giá trị dinh dưỡng và giá trị kinh tế cao, được trồng nhiều ở khu vực châu Á. Ở Việt Nam, có rất nhiều giống hồng đặc sản, mang tính bản địa trong đó có giống hồng không hạt Hà Giang.

Hồng Hà Giang có tính rải vụ cao, cho thu hoạch rải rác từ tháng 8 đến tháng 11, vỏ quả cứng, thịt quả chắc để bảo quản và vận chuyển đi xa, có tiềm năng tiêu thụ và hiệu quả kinh tế cao. Theo số liệu điều tra năm 2016, tổng diện tích hồng không hạt tại huyện Yên Minh là 84,01 ha, năng suất bình quân 10,2 tấn/ha. Trong đó diện tích tại xã Na Khê chiếm gần 50%. Tại huyện Quản Bạ, tổng diện tích trồng hồng: 92,8 ha, năng suất bình quân 10,4 tấn/ha, tập trung tại các xã Nghĩa Thuận, Quản Bạ, thị trấn Tam Sơn. Những năm gần đây, quả hồng được coi là một trong những sản vật mang tính bản địa gắn với phát triển du lịch địa phương, tỉnh đang có chủ trương mở rộng vùng canh tác theo hướng sản xuất hàng hóa nhằm đáp ứng nhu cầu tiêu thụ, cải thiện đời sống người dân. Với một cây trồng lâu năm, sinh trưởng tương đối chậm như cây hồng, song song với quá trình phát triển mở rộng diện tích, cần thiết phải tiến hành cải tạo các vườn cây già cỗi, cây quá cao, nhiều sâu bệnh... bằng kỹ thuật đốn tỉa phù hợp để vừa nâng cao năng suất, chất lượng sản phẩm, vừa giúp cho việc chăm sóc, quản lý vườn dễ dàng hơn.

### II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

#### 2.1. Vật liệu nghiên cứu

Giống hồng không hạt Hà Giang, các vườn có cây cao  $\geq 6$  m, già cỗi, sâu bệnh.

#### 2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Phương pháp đốn: Sau khi thu hoạch quả, dùng cưa cắt ngăn cành khung cấp 2,3 vươn thẳng để hạ độ cao, tỉa bỏ cành sinh trưởng yếu, sâu bệnh. Cắt phẳng đầu cành, dùng nilon bảo vệ vết cắt. Tiến hành nuôi tán.

- Chỉ tiêu theo dõi: Chiều cao cây (cm), đường kính tán (cm), chu vi gốc (cm), đường kính cành lộc (cm), chiều dài cành lộc (cm), số lá/cành lộc, số quả/cây, tỷ lệ rụng quả (%), tỷ lệ quả cho thu hoạch (%), kích thước quả (cm), khối lượng quả (g), năng suất (kg/cây), thành phần và mức độ sâu bệnh hại.

- Phương pháp xử lý số liệu: Sử dụng phần mềm Excel, IRRISTART 5.0.

#### 2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện từ tháng 01/2015 đến tháng 12/2016 tại xã Na Khê, huyện Yên Minh, tỉnh Hà Giang và xã Nghĩa Thuận, huyện Quản Bạ, tỉnh Hà Giang.

### III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

#### 3.1. Khả năng sinh trưởng của cây hồng không hạt Hà Giang sau đốn cải tạo

Sự sinh trưởng tự nhiên của cây ăn quả thường không đáp ứng yêu cầu về cấu trúc tối ưu và thuận lợi cho việc chăm sóc tán cây. Trong kỹ thuật làm vườn, cắt tỉa là khâu kỹ thuật then chốt, yêu cầu có kinh nghiệm và tay nghề (Phạm Văn Côn, 2004). Đốn cải tạo là một trong những hình thức của cắt tỉa khi tán cây quá cao, cây già cỗi.

<sup>1</sup> Viện Khoa học Kỹ thuật Nông Lâm nghiệp miền núi phía Bắc