

- (Hubner) *hại cà chua và biện pháp quản lý tổng hợp ở ngoại thành Hà Nội và phụ cận*, Luận án tiến sỹ nông nghiệp, VAAS, Hà Nội.
- Gerling Dan, and T. Mayer (Eds.) (1995). *Bemisia: Taxonomy, Biology, Damage, Control and Management Intercept*, Andover, UK, pp. 125-131.
  - Đặng Thị Phương Lan (2012), *Nghiên cứu ứng dụng thuốc bảo vệ thực vật có nguồn gốc sinh học trong sản xuất rau an toàn; ảnh hưởng của chúng đến thiên địch sâu hại và chất lượng sản phẩm vùng Hà Nội và phụ cận*. Luận án tiến sỹ nông nghiệp, Viện KHNN Việt Nam, Hà Nội.
  - Phạm Văn Lâm (2009), *Các biện pháp phòng chống dịch hại cây trồng nông nghiệp*. NXB Nông nghiệp, Hà Nội.
  - Lê Thị Liễu, Trần Đình Chiến (2005), *Nghiên cứu đặc điểm sinh vật học và biện pháp hóa học phòng trừ bộ phận Bemisia tabaci Genn. (Homoptera: Aleyrodidae) hại cà chua vùng Gia Lâm, Hà Nội. Tạp chí Bảo vệ thực vật*, 3: 3-9.

Ngày nhận bài: 25/5/2014

Người phản biện: PGS. TS. Nguyễn Văn Viêt,  
ngày 28/5/2014

Ngày duyệt đăng: 18/6/2014

## **NGHIÊN CỨU ĐA DẠNG DI TRUYỀN VÀ NHẬN DẠNG MỘT SỐ DÒNG KEO LÁ LIỀM ĐƯỢC THỦ THẬP Ở CÁC VÙNG TRUNG BỘ VÀ NAM TRUNG BỘ BẰNG CHỈ THỊ RAPD**

Đặng Thị Thanh Hà, Khuất Hữu Trung,  
Nguyễn Thúy Điệp, Đặng Thái Dương

### **SUMMARY**

#### **Analyzing genetic diversity and identification of elite *Acacia orassicarpa* lines selected in areas at Central and Southern central by RAPD markers**

The samples of *Acacia orassicarpa* in our research are very diverse, the analyzed result about genetic diversity of 53 lines by 14 primers RAPD obtained a total 3094 DNA bands that belong to 92 different patterns. In which, 54 bands are polymorphic bands (58.7%) and 38 monomorphic bands (41.3%). The obtained bands sized from 250bp to 2200bp. At genetic similarity coefficient of 80%, total 53 studied samples is divided into 8 different genetic groups. The results defined 9 specified bands by 5 primers that can be used as marker to identify exactly the *Acacia orassicarpa* lines with high resist ability: primer OPN5 identified 2 samples: A.Cr.S.6 and A.Cr.S.51; similarly, the primers showed strange bands, primer OPN14 identified 2 samples A.Cr.N.147 and A.cr.N.86; primer OPN16 identified A.cr.S.38 and A.cr.N.87; primer OPN20 identified A.cr.N.81 and A.cr.N.84; primer S256 identified A.cr.N.34. These results are very useful for classification, exact identification of some genetic resources served for breeding and hybridization.

**Keywords:** *Acacia orassicarpa*, genetic diversity, marker, RAPD

### **I. ĐẶT VẤN ĐỀ**

Đầu những năm 1980, bốn loài keo vùng thấp là Keo lá tràm, Keo tai tượng (*A. mangium*), Keo lá liềm (*A. crassicarpa*), và Keo nâu (*A. alauocarpa*) đã được nhập

trồng thử tại Ba Vì (Hà Nội), Hóa Thượng (Thái Nguyên) và Trảng Bom (Đồng Nai). Đánh giá sơ bộ năm 1991 cho thấy trong 4 loài keo được trồng thử năm 1982 tại Ba Vì và năm 1984 tại Hóa Thượng thì hai loài keo

có sinh trưởng nhanh là Keo tai tượng, Keo lá liềm. Bên cạnh đó, với khả năng cải tạo đất cao, cây keo đã nhanh chóng trở thành cây trồng rừng chủ lực cho ngành lâm nghiệp, đặc biệt là cho trồng rừng sản xuất nguyên liệu giấy, dăm. Trong đó, Keo lá liềm (*Acacia orassicarpa* A. Cunn.Ex.benth) được xem là một trong các loài có triển vọng nhất cho trồng rừng đa mục đích: Phòng hộ, cải tạo đất, cung cấp nguyên liệu (Lê Đình Khả, Nguyễn Hoàng Nghĩa, 1990). Tuy nhiên, diện tích rừng keo những năm gần đây đã giảm do nhiều nguyên nhân khác nhau cùng với sự suy giảm về diện tích cũng có thể làm giảm đa dạng di truyền. Vì vậy, để bảo tồn và trồng mới lại các rừng keo nguyên liệu thì việc đánh giá mức độ đa dạng di truyền, chọn lọc các dòng keo trội phục vụ công tác lai tạo để cải thiện giống là hết sức cần thiết.

Trên thế giới, đã có nhiều công trình nghiên cứu chọn tạo giống keo trội (có khả năng sinh trưởng, phát triển, chịu hạn, chịu nóng...) và đánh giá mối quan hệ di truyền bằng chỉ thị phân tử RAPD. Nanda và cộng sự (2004) đã dùng 40 môi RAPD để nghiên cứu mối quan hệ di truyền của 6 loài keo và ghi nhận có sự biến động cao (70%) về mặt di truyền giữa các loài. Widyatomoko và Shiraisi (2001) đã chọn được 8 chỉ thị trong số 24 chỉ thị RAPD sử dụng để phân biệt *Acacia auriculiformis* và *A. mangium*. Ở Việt Nam, gần đây, Nguyễn Trần Nguyên và cộng sự (2004) đã sử dụng chỉ thị RAPD để đánh giá khả năng chịu mặn của 3 xuất xứ Keo lá tràm (*A. auriculiformis*) và 3 xuất xứ Keo tai tượng (*A. mangium*). Tác giả Vương Đình Tuấn và cs (2011), nghiên cứu đa dạng di truyền giữa 100 cá thể vô tính Keo lá tràm trồng ở Đông Nam Bộ với 12 môi RAPD. Tuy nhiên, các công trình nghiên cứu còn rất hạn chế. Vì vậy, chúng tôi thực hiện nghiên cứu này nhằm xác định các marker nhận dạng các dòng Keo lá liềm trội ở các vùng Trung bộ và Nam Trung bộ

góp phần cho quá trình chọn tạo giống Keo lá liềm có khả năng chống chịu với các điều kiện bất lợi của môi trường.

## II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 1. Vật liệu nghiên cứu

Tổng số 53 mẫu Keo lá liềm sử dụng trong nghiên cứu là các dòng keo được thu thập ở các vùng Trung bộ và Nam Trung bộ (bảng 1).

Trình tự 14 môi RAPD dùng trong nghiên cứu do hãng Bioneer cung cấp được sử dụng để phân tích và chọn lọc dựa vào các thông tin về trình tự đã được công bố (bảng 2).

### 2. Phương pháp nghiên cứu

*Tách chiết ADN tổng số:* Mẫu lá của từng dòng Keo lá liềm được thu thập riêng rẽ và tách chiết ADN tổng số theo phương pháp CTAB của Obara và Kako (1998) có cải tiến.

*Thành phần phản ứng PCR:* Tổng thể tích của phản ứng PCR là 15µl bao gồm: 1,5 µl Đệm PCR 10X; 0,5 µl dNTPs 10mM; 0,2 µl Taq DNA polymerase 5U/µl; 1,5 µl Primer RAPD (10pmol/µl); 1µl ADN (10 ng/µl); 10,3 µl nước khử ion.

*Chu trình nhiệt phản ứng PCR:* 94°C (5 phút), 35 chu kỳ [94°C (1 phút); 32°C (1 phút 10s), 72°C (1 phút 20s)] và kết thúc ở 72°C (5 phút).

*Kiểm tra sản phẩm PCR:* Sản phẩm PCR được kiểm tra trên gel Agarose 1% và phát hiện dưới tia UV bằng phương pháp nhuộm ethidium bromide.

#### *Phân tích và xử lý số liệu:*

Các số liệu thu thập được xử lý theo phương pháp thống kê sinh học trên Excel version 5.0. Các băng ADN được ghi nhận dựa trên sự có mặt hay vắng mặt của

chúng ở các mẫu nghiên cứu theo thang ADN chuẩn (ADN marker), xuất hiện băng là “1”, không xuất hiện băng là “0”. Các số liệu này được đưa vào xử lý theo chương trình NTSYSpc 2.1 của F. J Rohlf (2003) để tính ma trận tương đồng giữa các cặp mẫu.

Việc tính toán ma trận tương đồng được dựa theo công thức:

$$J_{ij} = \frac{2n_{ij}}{n_i + n_j}$$

Trong đó:  $n_{ij}$  là số băng ADN có ở cả hai mẫu  $i$  và  $j$ .

$n_i$  và  $n_j$  là tổng số băng RAPD của từng cá thể  $i$  và  $j$  tương ứng.

$J_{ij}$  là hệ số tương đồng giữa hai mẫu  $i$  và  $j$ .

Bảng 1. Danh sách 53 mẫu Keo lá liềm nghiên cứu

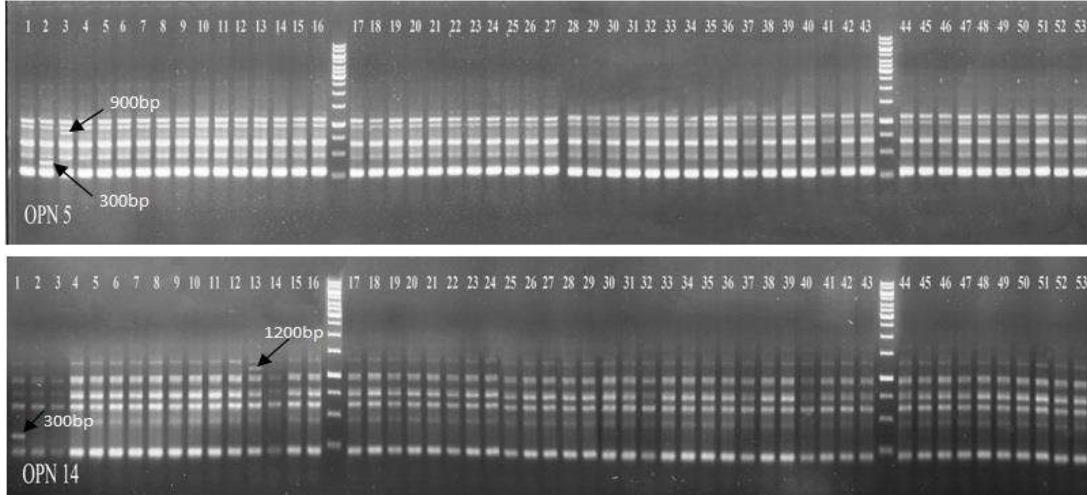
TT	Ký hiệu	Địa điểm thu mẫu
1	A.Cr.N.147	Thừa Thiên Huế
2	A.cr.S.6	Quảng Nam
3	A.cr.S.51	Quảng Nam
4	A.cr.N.34	Thừa Thiên Huế
5	A.cr.S.38	Quảng Nam
6	ĐC01	Thừa Thiên Huế
7	A.cr.N.81	Thừa Thiên Huế
8	A.cr.N.87	Thừa Thiên Huế
9	A.cr.N.85	Thừa Thiên Huế
10	A.cr.N.83	Thừa Thiên Huế
11	A.cr.N.84	Thừa Thiên Huế
12	A.Cr.N.162	Hà Tĩnh
13	A.cr.N.86	Thừa Thiên Huế
14	A.cr.N.82	Thừa Thiên Huế
15	A.cr.N.88	Thừa Thiên Huế
16	ĐC02	Thừa Thiên Huế
17	ĐC03	Quảng Nam

TT	Ký hiệu	Địa điểm thu mẫu
18	A.Cr.N.166	Hà Tĩnh
19	A.Cr.N.151	Quảng Bình
20	A.cr.N.153	Quảng Bình
21	A.cr.N.30	Thừa Thiên Huế
22	A.Cr.N.8	Thừa Thiên Huế
23	A.cr.N.19	Thừa Thiên Huế
24	A.cr.N.10	Thừa Thiên Huế
25	A.cr.N.16	Thừa Thiên Huế
26	A.Cr.S.43	Quảng Nam
27	A.cr.N.51	Thừa Thiên Huế
28	A.Cr.N.6	Thừa Thiên Huế
29	A.Cr.S.45	Quảng Nam
30	A.Cr.N.146	Thừa Thiên Huế
31	A.Cr.S.55	Quảng Nam
32	A.Cr.N.156	Quảng Bình
33	A.Cr.S.42	Quảng Nam
34	A.Cr.N.5	Thừa Thiên Huế
35	A.cr.N.90	Thừa Thiên Huế
36	A.Cr.N.7	Thừa Thiên Huế
37	A.cr.N.139	Thừa Thiên Huế
38	A.cr.N.141	Thừa Thiên Huế
39	A.Cr.N.9	Thừa Thiên Huế
40	A.cr.S.2	Quảng Nam
41	A.cr.S.12	Quảng Nam
42	A.cr.S.17	Quảng Nam
43	A.cr.S.19	Quảng Nam
44	A.cr.S.41	Quảng Nam
45	A.cr.S.9	Quảng Nam
46	A.cr.S.61	Quảng Nam
47	A.cr.S.64	Ninh Thuận
48	A.cr.S.73	Ninh Thuận
49	A.cr.S.80	Ninh Thuận
50	A.cr.N.60	Thừa Thiên Huế
51	A.cr.N.67	Thừa Thiên Huế
52	A.cr.S.94	Bình Thuận
53	A.cr.S.100	Bình Thuận

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

1. Phân tích đa hình di truyền các mẫu Keo lá liềm bằng chỉ thị RAPD

Kết quả điện di sản phẩm PCR của 53 mẫu Keo lá liềm với 14 môi RAPD được thể hiện ở hình 1, bảng 2 và bảng 3.



Hình 1: Ảnh điện di sản phẩm PCR của 53 mẫu Keo lá liềm nghiên cứu thể hiện trên môi OPN5 và môi OPN14 với ADN genome (Marker 1kb)

Các phân đoạn ADN được nhân bản ở 53 mẫu giống Keo lá liềm nghiên cứu gồm có hai loại: Loại đơn hình (monomorphic) có mặt ở tất cả các mẫu; loại đa hình (polymorphic) không có mặt ở mẫu này nhưng lại có mặt ở mẫu khác.

Bảng 2. Sản phẩm của 14 môi RAPD sau khi chạy PCR phân tích 53 mẫu Keo lá liềm

TT	Tên môi	Kích thước băng (bp)	Tổng số loại băng	Số băng đa hình	Tỷ lệ băng đa hình (%)	Tổng số băng
1	OPN5	250-1100	7	2	28,6	267
2	OPN14	250-1300	8	2	25,0	320
3	OPN16	250-1300	8	2	25,0	320
4	OPO20	300-1300	7	2	28,6	267
5	S256	300-2200	9	4	44,4	275
6	OPN4	250-1100	6	3	50,0	231
7	OPN9	400-1300	5	4	80,0	175
8	OPN20	250-1500	7	6	85,7	235
9	OPN17	300-1900	7	7	100	139
10	OPN7	300-1700	6	6	100	143
11	OPN11	250-1800	5	2	40,0	197
12	OPN18	250-1300	5	4	80,0	197
13	OPN10	250-1200	5	3	60,0	162
14	OPN12	250-1200	7	7	100	166
Tổng			92	54	58,7	3094

Kết quả thu được ở bảng 2 thấy: Phân tích trên 14 môi RAPD thu được tổng số 3094 băng AND, số băng nhân lên trung bình 221 băng/môi. Tổng số loại băng khác nhau thu được là 92 loại, trong đó, có 54 băng đa hình (chiếm 58,7%) và 38 băng đơn hình xuất hiện ở tất cả các mẫu nghiên cứu (chiếm 41,3%). Tỷ lệ băng đa hình cao chứng tỏ các mẫu Keo lá liềm trong nghiên cứu được thu thập ở các vùng khác nhau có sự khác nhau về mặt di

truyền. Tổng số băng được nhân lên ở mỗi môi rất khác nhau, cao nhất là hai môi OPN14 và OPN16 với 302 băng và thấp nhất là môi OPN7 với 143 băng. Kích thước mỗi đoạn AND được nhân cũng rất khác nhau, dao động từ 250bp đến 2200bp. Số loại băng thu được cao nhất ở môi S256 với 9 loại, môi OPN12 và OPN17 cho số băng đa hình cao nhất với 7 băng (bảng 2).

Bảng 3. Kích thước các băng cá biệt xuất hiện ở các môi RAPD

TT	Tên môi	Số băng cá biệt	Kích thước băng (bp)	Mẫu Keo lá liềm được nhận biết
1	OPN5	2	300	A.cr.S.6
			900	A.cr.S.51
2	OPN14	2	300	A.Cr.N.147
			1200	A.cr.N.86
3	OPN16	2	600	A.cr.S.38
			900	A.cr.N.87
4	OPN20	2	400	A.cr.N.81
			800	A.cr.N.84
5	S256	1	2200	A.cr.N.34

Trong 14 môi RAPD đưa vào phân tích, có 5 môi cho băng cá biệt (băng chỉ xuất hiện duy nhất ở một mẫu) với tổng số 9 băng: Môi OPN5 thu được 2 băng tại vị trí 300bp và 900bp, 2 băng này xuất hiện tương ứng ở 2 mẫu A.cr.S.6 và A.cr.S.51. Như vậy, có thể dùng môi OPN5 để nhận biết 2 mẫu A.cr.S.6 và A.cr.S.51 có khả năng chống chịu cao trong tổng số 53 dòng Keo lá liềm. Tương tự, với các môi có xuất hiện băng cá biệt, môi OPN14 nhận biết được 2 mẫu A.Cr.N.147 và A.cr.N.86; môi OPN16 nhận biết 2 mẫu A.cr.S.38 và

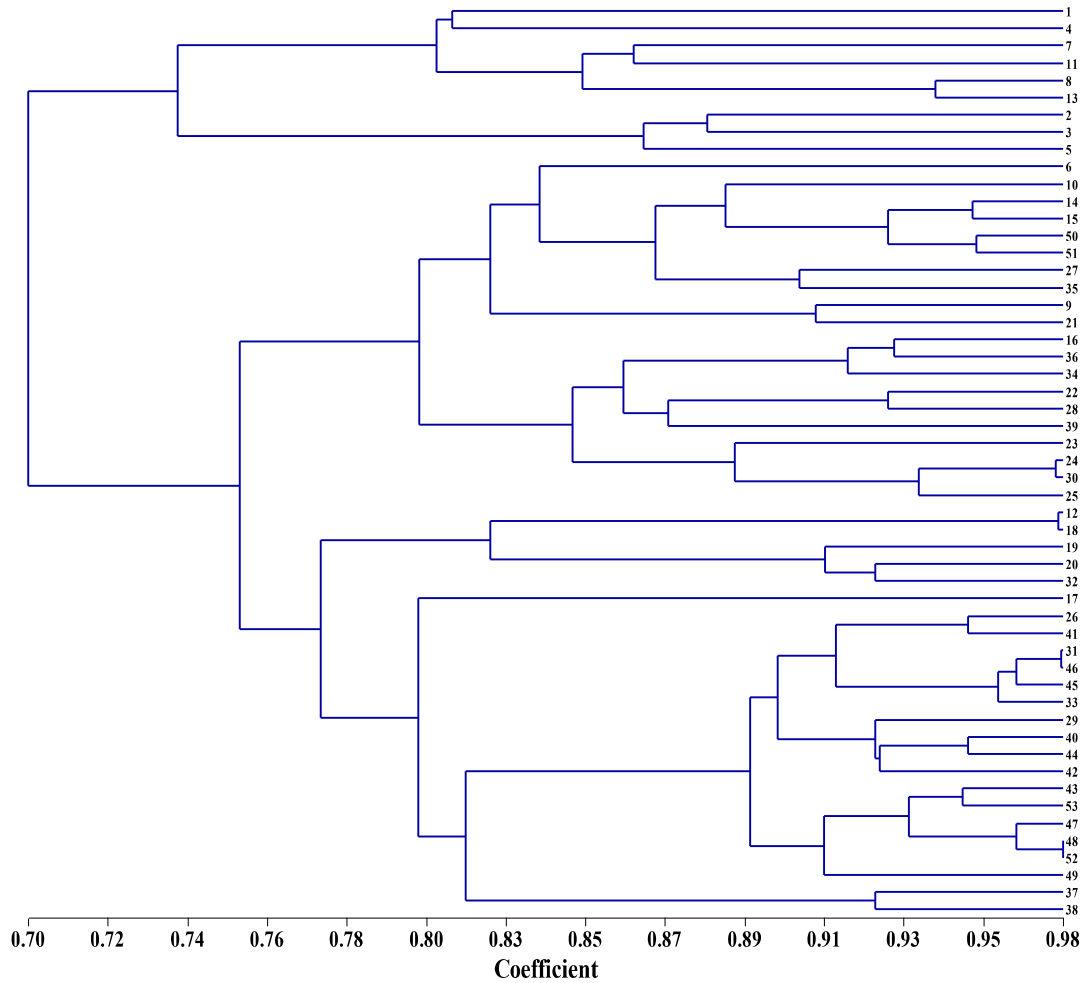
A.cr.N.87; môi OPN20 nhận biết được 2 mẫu A.cr.N.81 và A.cr.N.84; môi S256 nhận biết được mẫu A.cr.N.34 (bảng 3). Các dòng keo này đều có khả năng chống chịu cao và được quan sát là tăng trưởng tốt, có thể được chọn làm vật liệu lai tạo để tạo được quần thể con lai có khả năng chống chịu tốt.

**2. Phân tích mối quan hệ di truyền của 53 mẫu giống Keo lá liềm**

Số liệu thu được từ tiêu bản điện di PCR của 14 môi RAPD với tổng số 53 mẫu

Keo lá liềm nghiên cứu được thống kê và phân tích bằng phần mềm NTSYSpc 2.1, từ đó thiết lập được bảng hệ số tương đồng di truyền và xây dựng sơ đồ phát sinh chủng

loại (hình 2). Ở mức tương đồng di truyền 80%, tổng số 53 mẫu giống Keo lá liềm nghiên cứu được chia thành 8 nhóm cách biệt di truyền:



Hình 2: Sơ đồ hình cây về mối quan hệ di truyền giữa các dòng Keo lá liềm nghiên cứu

\* **Nhóm I:** gồm 2 dòng: A.Cr.N.147 và A.cr.N.34 đều có nguồn gốc từ Thừa Thiên Huế và có hệ số tương đồng di truyền với nhau là 0,81;

\* **Nhóm II:** gồm 4 dòng: A.cr.N.81, A.cr.N.84, A.cr.N.87 và A.cr.N.86 có nguồn gốc từ Thừa Thiên Huế và có hệ số tương đồng dao động từ 0,81 (A.cr.N.81 và

A.cr.N.87) đến 0,94 (A.cr.N.84 và A.cr.N.86);

\* **Nhóm III:** gồm 3 dòng: A.cr.S.6, A.cr.S.51 và A.cr.S.38 có nguồn gốc từ Quảng Nam và có hệ số tương đồng dao động từ 0,86 (A.cr.S.6 và A.cr.S.38) đến 0,88 (A.cr.S.6 và A.cr.S.51);

\* **Nhóm IV:** gồm 10 dòng: ĐC01, A.cr.N.83, A.cr.N.82, A.cr.N.88, A.cr.N.60, A.cr.N.67, A.cr.N.51, A.cr.N.90, A.cr.N.85, A.cr.N.30 có nguồn gốc từ Thừa Thiên Huế và có hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,76 (ĐC01 và A.cr.N.51) đến 0,95 (A.cr.N.82 và A.cr.N.88); (A.cr.N.60 và A.cr.N.67);

\* **Nhóm V:** gồm 10 dòng: ĐC02, A.Cr.N.7, A.Cr.N.5, A.Cr.N.8, A.Cr.N.6, A.Cr.N.9, A.cr.N.19, A.cr.N.10, A.Cr.N.146, A.cr.N.16 có nguồn gốc từ Thừa Thiên Huế với hệ số tương đồng dao động từ 0,75 (A.cr.N.16 và A.Cr.N.9) đến 0,97 (A.cr.N.10 và A.Cr.N.146);

\* **Nhóm VI:** gồm 5 dòng: A.Cr.N.162, A.Cr.N.166, A.Cr.N.151, A.cr.N.153, A.Cr.N.156 có hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,81 (A.Cr.N.162 và A.Cr.N.151); (A.Cr.N.162 và A.cr.N.153); (A.Cr.N.166 và A.Cr.N.156) đến 0,97 (A.Cr.N.162 và A.Cr.N.166);

\* **Nhóm VII:** gồm duy nhất dòng ĐC03, có nguồn gốc từ Quảng Nam;

\* **Nhóm VIII:** gồm 18 dòng A.Cr.S.43, A.cr.S.12, A.Cr.S.55, A.cr.S.61, A.cr.S.9, A.Cr.S.42, A.Cr.S.45, A.cr.S.2, A.cr.S.41, A.cr.S.17, A.cr.S.19, A.cr.S.100, A.cr.S.64, A.cr.S.73, A.cr.S.94, A.cr.S.80, A.cr.N.139, A.cr.N.141. Tổng số 18 dòng thuộc nhóm này được chia thành 3 phân nhóm phụ:

- *Phân nhóm 8.1:* gồm 10 dòng: A.Cr.S.43, A.cr.S.12, A.Cr.S.55, A.cr.S.61, A.cr.S.9, A.Cr.S.42, A.Cr.S.45, A.cr.S.2, A.cr.S.41, A.cr.S.17. Các dòng này đều có nguồn gốc từ Quảng Nam và có hệ số tương đồng dao động từ 0,86 (A.Cr.S.45 và A.cr.S.12); (A.Cr.S.45 và A.Cr.S.55); (A.Cr.S.45 và A.cr.S.9) đến 0,98

(A.Cr.S.55 và A.cr.S.61); (A.cr.S.9 và A.cr.S.61);

- *Phân nhóm 8.2:* gồm 6 dòng: A.cr.S.19, A.cr.S.100, A.cr.S.64, A.cr.S.73, A.cr.S.94, A.cr.S.80 có hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,88 (A.cr.S.80 và A.cr.S.94) đến 0,98 (A.cr.S.64 và A.cr.S.73); (A.cr.S.73 và A.cr.S.94);

- *Phân nhóm 8.3:* gồm 2 dòng: A.cr.N.139 và A.cr.N.141, có nguồn gốc từ Thừa Thiên Huế. Hệ số tương đồng di truyền với nhau 0,93.

Khi so sánh mối quan hệ di truyền trên với kết quả phân tích đa dạng di truyền của 53 dòng keo sử dụng chỉ thị SSR (Đặng Thị Thanh Hà và cs, 2014) cho thấy tất cả các dòng keo nghiên cứu đều phân nhóm theo vùng miền. Chẳng hạn như các dòng keo có nguồn gốc từ Quảng Nam đều được phân vào 4 nhóm chính, đó là: nhóm III, VII, VIII (chỉ thị RAPD) và nhóm 5, 6, 7, 8 (chỉ thị SSR). Tuy nhiên với chỉ thị SSR thì các dòng keo có nguồn gốc từ tỉnh Thừa Thiên Huế được phân vào 1 nhóm chính (nhóm 1), chỉ riêng giống A.Cr.N.9 phân vào nhóm 2. Còn khi sử dụng chỉ thị RAPD thì các dòng keo có nguồn gốc từ tỉnh Thừa Thiên Huế được chia vào 4 nhóm chính (nhóm I, II, IV và V).

So sánh kết quả phân tích mối quan hệ di truyền của các dòng keo nghiên cứu sử dụng chỉ thị RAPD với chỉ thị SSR cho thấy, số liệu thu được từ chỉ thị RAPD cũng đáng tin cậy như khi sử dụng chỉ thị SSR. Mặt khác, với chỉ thị RAPD kết quả còn có thể nhận dạng chính xác một số dòng Keo lá liềm của Việt Nam.

#### IV. KẾT LUẬN

Kết quả phân tích đa dạng di truyền 53 dòng keo với 14 mỗi RAPD thu được tổng số 3094 băng ADN thuộc 92 loại băng khác nhau, trong đó có 54 băng đa hình (chiếm 58,7%) và 38 băng đơn hình (chiếm 41,3%). Các băng thu được có kích thước rất khác nhau dao động từ 250bp đến 2200bp. Ở mức tương đồng di truyền 80%, tổng số 53 mẫu nghiên cứu được chia thành 8 nhóm cách biệt di truyền.

Kết quả nghiên cứu cũng đã xác định được 9 băng cá biệt xuất hiện ở 5 mỗi, có thể sử dụng làm marker nhận dạng chính xác các dòng Keo lá liềm có khả năng chống chịu cao: mỗi OPN5 nhận biết 2 mẫu A.cr.S.6 và A.cr.S.51; tương tự, với các mỗi có xuất hiện băng cá biệt, mỗi OPN14 nhận biết được 2 mẫu A.Cr.N.147 và A.cr.N.86; mỗi OPN16 nhận biết 2 mẫu A.cr.S.38 và A.cr.N.87; mỗi OPN20 nhận biết được 2 mẫu A.cr.N.81 và A.cr.N.84; mỗi S256 nhận biết được mẫu A.cr.N.34. Kết quả thu được rất hữu ích phục vụ công tác phân loại, nhận dạng chính xác một số nguồn gen phục vụ công tác chọn lọc và lai tạo giống.

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Đặng Thái Dương (2006), *Kết quả thí nghiệm trồng rừng keo (Acacia) trên vùng đất cát huyện Lệ Thủy tỉnh Quảng Bình*. Báo NN & PTNT số tháng 10/2006.
2. Kha L.D., Hai N.D., Vinh H.Q. (1998), *Clonal tests and propagation options for natural hybrids between Acacia mangium and Acacia auriculiformis*, in: J.W. Turnbull, H.R. Crompton, K. Inyopusarerk (Eds.), *Recent developments in Acacia planting, Proceedings of an International Workshop held in Hanoi, Vietnam 17-30 October 1997*, ACIAR Proceedings No. 82, 1998, pp. 203-210.
3. Kha L.D. (2000), *The role of Acacia hybrids in the reforestation program in Vietnam*, NFT News 3 (2000) 1-2.
4. Nanda R.M., Nayak S & Rout G.R. (2004), *Studies on genetic relatedness of Acacia tree species using RAPD markers*. *Biologia Bratislava*. 59: 115-120.
5. Nguyen Tran Nguyen; Maghaieb R.E.A.; Saneoka H & Fujita K (2004), *RAPD markers associated with salt tolerance in Acacia auriculiformis and A. mangium*. *Plant Science*. 167: 797-805.
6. Obara O.P. and Kako S. (1998), *Genetic diversity and identification of cymbidium cultivars as measured by random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers*. *Euphytica*, 99: 95-1001.

Ngày nhận bài: 2/6/2014

Người phản biện: PGS.TS. Đặng Trọng Lương,  
ngày 5/6/2014

Ngày duyệt đăng: 18/6/2014