

PHÂN TÍCH ĐA DẠNG DI TRUYỀN CÂY MỠ (*Manglietia conifera* Dandy) DỰ TUYỂN Ở CÁC QUẦN THỂ RỪNG TRỒNG VÙNG MIỀN BẮC VÀ MIỀN TRUNG VIỆT NAM BẰNG CHỈ THỊ PHÂN TỬ ISSR VÀ SCoT

Phí Hồng Hải, Lê Ngọc Triệu, Trần Văn Tiến và La Ánh Dương

TÓM TẮT

Hai chỉ thị phân tử SCoT và ISSR được sử dụng đánh giá đa dạng di truyền cho 61 cây mỡ tuyển chọn thuộc 7 quần thể rừng trồng ở miền Bắc và miền Trung Việt Nam. Kết quả cho thấy, ở tổng thể quần thể rừng trồng đều cao ở các chỉ số đa dạng ($PPB = 95,89\%$, $H_e = 0,3480$, $I = 0,5154$), nhưng thấp ở các quần thể, trong đó thấp nhất là ở quần thể Phú Thọ (PT) ($PPB = 45,21\%$, $H_e = 0,1913$, $I = 0,2761$) và cao nhất là ở quần thể Thanh Hóa (TH) ($PPB = 79,45\%$, $H_e = 0,3337$, $I = 0,4811$). Biệt hoá di truyền giữa các quần thể tuyển chọn là $G_{ST} = 0,2653$ và dòng gene di cư là $Nm = 1,3844$. Quan hệ phát sinh của 7 quần thể rừng trồng dựa trên cơ sở phối hợp dữ liệu phân tích của 2 chỉ thị phân tử (ISSR và SCoT) hình thành 3 nhóm khác nhau đó là: nhóm Bắc Kạn (BK) - Nghệ An (NA), nhóm Thanh Hóa (TH)- Phú Thọ (PT) và nhóm Hoà Bình (HB)- Yên Bái (YB)- Tuyên Quang (TQ). Sự xác lập nhóm này thể hiện được mối quan hệ về nguồn gốc cũng như tương đồng về đặc điểm di truyền.

Từ khoá: *Chỉ thị phân tử ISSR và SCoT, đa dạng di truyền, Manglietia conifera.*

Người phản biện: PGS.TS. Bùi Văn Thắng

Ngày nhận bài: 01/3/2019

Ngày thông qua phản biện: 02/4/2019

Ngày duyệt đăng: 09/4/2019