

ĐẶC ĐIỂM TRÌNH TỰ ĐOẠN GEN *ndhF* CỦA LOÀI CÁP ĐẮK NÔNG (*Capparis daknongensis* D.T. Sy, G.C. Tucker, Cornejo & Joongku Lee)

Nguyễn Thị Thu Nga^{1*}, Trần Cẩm Tú¹, Sỹ Danh Thường¹

TÓM TẮT

Bài báo cung cấp một số thông tin về trình tự đoạn gen *ndhF* của loài *Capparis daknongensis* thu thập tại xã Đắk Nia, thị xã Gia Nghĩa, tỉnh Đắk Nông. Cáp Đắk Nông là một loài thực vật đặc hữu của Việt Nam, có khu phân bố hẹp, hiện mới ghi nhận ở tỉnh Đắk Nông và Đắk Lắk. Phân lập đoạn gen *ndhF* bằng kỹ thuật PCR đã thu được trình tự có chiều dài 1105 nucleotide. Nghiên cứu về trình tự đoạn gen *ndhF* của mẫu thí nghiệm chỉ ra rằng, loài Cáp Đắk Nông có quan hệ di truyền gần nhất với 2 loài *Capparis tomentosa* và *Capparis callophylla*. Các đặc điểm nghiên cứu trên là thông tin quan trọng giúp nhận diện và xây dựng mã vạch ADN barcoding cho loài thực vật đặc hữu này.

Từ khóa: *Capparaceae*, *Capparis*, *Capparis daknongensis*, *ndhF*, phân loại.

1. DẶT VẤN ĐỀ

Do có vị trí địa lý, địa hình và khí hậu thuận lợi nên hệ thực vật Việt Nam rất phong phú và đa dạng. Số lượng các loài thực vật bậc cao có mạch ở Việt Nam khoảng 12.000 loài, chiếm khoảng 5% tổng số loài thực vật bậc cao đã biết trên toàn thế giới và khoảng trên dưới 25% số loài thực vật bậc cao đã biết ở châu Á. Bên cạnh đó, hệ thực vật Việt Nam có mức độ đặc hữu cao, chiếm khoảng 3% số chi và 27,5% số loài [12].

Công nghệ mã vạch DNA là một công nghệ nhận dạng phân tử mới, sử dụng các đoạn DNA ngắn và chuẩn để nhận dạng loài [10]. Mã vạch DNA ban đầu được sử dụng để xác định vi sinh vật [1], nhưng giờ đây nó có thể xác định nhanh chóng và chính xác các đối tượng sinh vật ở cấp độ loài với lý do không giới hạn về giai đoạn phát triển, sự đa dạng hình thái bên trong, các yếu tố môi trường... [2]. Do đó, công nghệ mã vạch DNA đã nhanh chóng được ứng dụng trong xác định loài, hệ thống học, đa dạng sinh học, tiến hóa, bảo tồn loài, xác định mẫu khảo cổ và một số lĩnh vực có liên quan khác [7]. Gen cytochrome oxidase I (COI) của ty thể được đề xuất bởi Hebert và cộng sự (năm 2003) đã được sử dụng rộng rãi trong xác định loài động vật [8]. Tuy nhiên, do tỷ lệ đột biến của DNA ty thể thấp nên không thể sử dụng COI ở thực vật [10], [11].

Trong những thập kỷ qua, nhiều nhà nghiên cứu đã có những đóng góp to lớn trong việc tìm kiếm và ứng dụng mã vạch ở thực vật. Nhiều nỗ lực đã được thực hiện để tìm ra mã vạch cho các đơn vị phân loại thực vật khác nhau. Mặc dù nhiều nghiên cứu đã tìm kiếm một mã vạch thực vật phổ biến, đến nay không có locus nào ứng dụng được trên tất cả các loài [4], [5]. Tuy nhiên, Hiệp hội mã vạch sự sống (CBOL-The Consortium for the Barcode of Life) đã chứng minh rằng, việc sử dụng nhiều locus không đưa đến kết quả rõ ràng về khả năng phân biệt ở cấp độ loài [3]. Các nhà nghiên cứu gần đây đã đề xuất việc sử dụng trình tự toàn bộ hệ gen lục lạp trong việc xác định loài thực vật [10], [11], [14], [15]. Bộ gen lục lạp chứa tất cả các trình tự DNA trong một plastid, chứa nhiều thông tin di truyền để xác định loài hơn bất kỳ dấu hiệu locus đơn lẻ nào thường được sử dụng.

Đến ngày 27 tháng 10 năm 2019, bộ gen lục lạp của 3452 loài thực vật đã được công bố trên NCBI. Đây là một hướng phát triển quan trọng của mã vạch DNA nhằm sử dụng bộ gen lục lạp để xác định và phân biệt các loài thực vật [15]. Nhiều nghiên cứu đã sử dụng hệ gen lục lạp để nhận diện loài [6], [9], [11], [14]. Zhang và cộng sự (2013) đã phát hiện ra gen *ndhF* của lục lạp có thể xác định chính xác 100% các loài thuộc chi Cà (*Solanum*) [16].

Cáp Đắk Nông là một loài thực vật đặc hữu thuộc chi *Capparis*, họ Mắm mần (Capparaceae). Loài có khu phân bố hẹp, hiện mới ghi nhận ở tỉnh Đắk Nông và Đắk Lắk. Từ trước đến nay, chưa có một công trình nào nghiên cứu về loài Cáp Đắk Nông ở trên thế giới và ở Việt Nam. Trong nghiên cứu này,

¹Khoa Sinh học, Trường Đại học Sư phạm - Đại học Thái Nguyên. Email: ngantt.bio@tnue.edu.vn

bước đầu sử dụng vùng DNA barcode *ndhF* để đánh giá mối quan hệ di truyền giữa loài Cáp Đắc Nông và một số loài thuộc chi Cáp đã được định danh. Từ đó làm cơ sở cho việc phân tích di truyền và nhận diện loài.

2. NGUYÊN VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Nguyên vật liệu

Mẫu lá của loài Cáp Đắc Nông (*Capparis daknongensis* D.T. Sy, G.C. Tucker, Cornejo & Joongku Lee) được thu thập từ xã Đắc Nĩa, thị xã Gia Nghĩa, tỉnh Đắc Nông được sử dụng làm vật liệu nghiên cứu. Ký hiệu mẫu là VK3675. Số lượng mẫu lá được thu thập là 01 mẫu cùng với mẫu tiêu bản của loài.

Bảng 1. Thông tin về cặp mồi sử dụng trong nghiên cứu

Tên mồi	Trình tự mồi	Nhiệt độ gắn mồi (Tm)	Kích thước dự kiến
<i>ndhF</i> F	TTCCACTTCCAGTTCCTATGTTAATAGG	54°C	Khoảng 1,1 kb
<i>ndhF</i> R	GAAATAAAGCACTTCGATAAGACCC		

2.2. Thiết bị sử dụng trong nghiên cứu

Một số thiết bị chính được sử dụng trong nghiên cứu này bao gồm: cân điện tử Satorius (Thụy Sỹ), bể ổn nhiệt, máy đo quang phổ, máy đo pH, máy li tâm, máy PCR, máy xác định trình tự gen.

2.3. Phương pháp nghiên cứu

- Tách chiết DNA tổng số

Mẫu được tách chiết DNA tổng số bằng quy trình mini-CTAB và kit DNeasy® Plant Mini Kit của hãng Qiagen. Quá trình tách chiết DNA được tiến hành với riêng từng mẫu.

- Kiểm tra sản phẩm DNA sau tách chiết

DNA tổng số của mẫu VK3675 sau khi tách chiết được điện di trên gel agarose 1%, trong đệm TBE 1X, ở hiệu điện thế 90V với marker 1kb.

- Phương pháp nhân gen bằng kỹ thuật PCR

Thành phần phản ứng PCR bao gồm: Master mix (2X) - 7,5 µl, mồi xuôi (10pmol/µl) - 0,5 µl, mồi ngược (10 pmol/µl) - 0,5µl, DNA khuôn (10ng/µl)- 0,5 µl, H₂O - 6 µl. Tổng thể tích phản ứng là 15µl.

Chu trình nhiệt cho gen *ndhF*: 94°C/4 phút; lặp lại 35 chu kì với (94°C/30 giây, 54°C/40 giây, 72°C/40 giây); 72°C/10 phút và giữ ở 4°C.

Trình tự nucleotide của đoạn gen *ndhF* được gửi đi xác định trình tự với cặp mồi đặc hiệu. Trình tự gen được phân tích, so sánh và xây dựng cây phát

Đặc điểm sinh học điển hình của loài: Cây bụi trườn; cành có gai. Lá hình bầu dục, gân bên 6-7 cặp. Cụm hoa chùy ở nách lá hoặc ở đỉnh. Đài 4, gồm 2 vòng. Tròng 4, có màu trắng. Nhị 13-18. Cuống bầu dài 3,5-4 cm. Bầu hình bầu dục. Quả hình bầu dục, chín có màu vàng. Mùa hoa và quả từ tháng 3-7 hằng năm. Loài mọc rải rác ven rừng hoặc ven đường nơi có nhiều ánh sáng.

Các hóa chất sử dụng trong nghiên cứu được mua từ các hãng uy tín như Qiagen, Fermentas, Sigma...

Cặp mồi nhân đoạn gen *ndhF* được tổng hợp theo Kress *et al.* (2005).

sinh chủng loại bằng các chương trình Bioedit và MegaX.

3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả tách chiết và tinh sạch DNA tổng số

Việc lựa chọn một phương pháp tách chiết DNA phù hợp với đối tượng nghiên cứu là rất quan trọng. Hiện nay, phương pháp tách chiết DNA sử dụng CTAB là phương pháp khá phổ biến để tách chiết DNA từ các mẫu có nguồn gốc thực vật. Phương pháp sử dụng lần đầu tiên được Murray và Thompson mô tả vào năm 1980, tới nay đã được sử dụng rất phổ biến có hiệu quả với các mẫu khó tách chiết như thực vật giàu polysaccharides hay các sản phẩm có nguồn gốc từ thực vật.

Nhóm nghiên cứu đã tách chiết thành công DNA của mẫu lá loài *Capparis daknongensis*. Kết quả thí nghiệm được thể hiện trên hình 1.



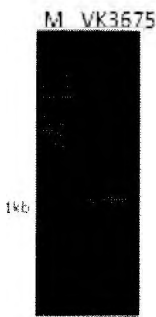
Hình 1. Kết quả điện di DNA tổng số của mẫu VK3675

Chất lượng DNA thu được sau tách chiết và tinh sạch ảnh hưởng rất lớn đến kết quả quá trình nghiên cứu. Do vậy sau khi tách chiết DNA, đã kiểm tra chất lượng DNA thu được bằng phương pháp điện di. Kết quả sau khi điện di trên gel agarose 0,8% (hình 1) cho thấy, DNA thu được sau khi tách có chất lượng tốt, DNA không bị đứt gãy, băng vạch sáng rõ. Như vậy các mẫu DNA thu được đảm bảo độ tinh sạch cho các nghiên cứu tiếp theo.

3.2. Sử dụng kỹ thuật PCR khuếch đại gen *ndhF*

Đã khuếch đại thành công vùng gen nghiên cứu với cặp mồi đặc hiệu *ndhF*-F; *ndhF*-R, nhiệt độ bắt cặp mồi đặc hiệu ở 54°C. Hình ảnh điện di sản phẩm PCR được trình bày trên hình 2.

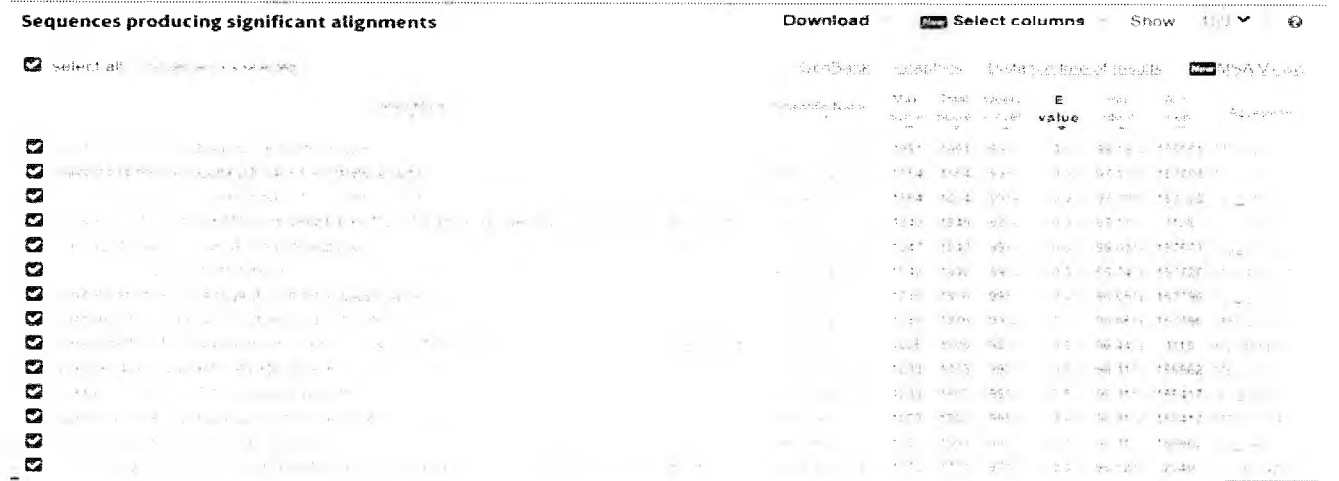
Kết quả khuếch đại đoạn gen *ndhF* cho thấy, trên hình ảnh điện di chỉ xuất hiện một băng sản phẩm với kích thước tính toán như dự đoán (khoảng 1,1kp).



Hình 2. Ảnh điện di sản phẩm PCR nhân đoạn gen *ndhF* của mẫu VK3675 trên gel agarose 1%, M: marker 1kp

3.3. Giải trình tự đoạn gen *ndhF* thu được từ phản ứng khuếch đại

Kết quả giải trình tự trực tiếp từ sản phẩm PCR và so sánh với một số trình tự công bố trên ngân hàng gen được trình bày trong hình 3 và hình 4.



Hình 3. Kết quả so sánh trình tự mẫu VK3675 với một số trình tự được công bố trên Genbank

Capparis versicolor chloroplast, complete genome					VK3675	481	TTACCAATCAATTAACCAAAAGAACTCTCTTTTTCGCAAGAACATATCAGTTAGG	548
Sequence D [MH142726.1] Length 155051 Number of Matches 1					Subject	111127	TTACCAATCAATTAACCAAAAGAACTCTCTTTTTCGCAAGAACATATCAGTTAGG	111178
Range is 110613 to 111717 GenBank Standards					VK3675	541	AAATATGTAGGAATAGAACTTTTCTTACTGTGTCTAAATTTTCACTTAATACAACT	608
Full 1993 Dist (1078)					Subject	111177	AAATATGTAGGAATAGAACTTTTCTTACTGTGTCTAAATTTTCACTTAATACAACT	111118
Pident 0.0					VK3675	601	TTCTCTTATCCCCAAGATCGGCAATACTATTCTATTTCCTATGCTGTATTGGTTTC	669
GapPen 1096/1105(99%)					Subject	111117	TTCTCTTATCCCCAAGATCGGCAATACTATTCTATTTCCTATGCTGTATTGGTTTC	111958
Sd1 0/1105(0%)					VK3675	661	TTTACTTTGTTTATTGGAGCTATAGGAATTCCTTTCAATCAAGATCAAGGAAGTATAC	729
Plus-Minus					Subject	111857	TTTACTTTGTTTATTGGAGCTATAGGAATTCCTTTCAATCAAGATCAAGGAAGTATAC	110998
VK3675 1	GGCTCTTATCGAGCCGCTTTATTTCTATTGATTATGATGCTTTATTCGAAAGCTTTATTC	99	VK3675	721	TTTGATATATTATCGAGATTTTTCACCCCATCTATAAATCTTTTGATATAAAATTCAAAT	790		
Subject 111717	GGCTCTTATCGAGCCGCTTTATTTCTATTGATTATGATGCTTTATTCGAAAGCTTTATTC	111008	Subject	110997	TTTGATATATTATCGAGATTTTTCACCCCATCTATAAATCTTTTGATATAAAATTCAAAT	110936		
VK3675 #1	TTTTTATGATCGGATCCATTATTCATTCAATGAAAGCTATACTTGGATATTCCTCCGAT	139	VK3675	781	AAATTTGTGGATGGTATGCAATTTTTCAGCAATGCAACTTTTTCGGTCAGTATAGCTTT	849		
Subject 111958	TTTTTATGATCGGATCCATTATTCATTCAATGAAAGCTATACTTGGATATTCCTCCGAT	111998	Subject	110957	AAATTTGTGGATGGTATGCAATTTTTCAGCAATGCAACTTTTTCGGTCAGTATAGCTTT	110876		
VK3675 121	AAAAGTCAGAAATATGATTTTATGCGTCTTTTGCAGAAACATGTGTGCGATTACAGAACT	189	VK3675	841	GGAAATATTATAGCATACCTTTTATATAAGCCTTTTATCTCTTTATTAAATTTTA	909		
Subject 111997	AAAAGTCAGAAATATGATTTTATGCGTCTTTTGCAGAAACATGTGTGCGATTACAGAACT	111936	Subject	110877	TTTGGAAATATTATAGCATACCTTTTATATAAGCCTTTTATCTCTTTATTAAATTTTA	110816		
VK3675 181	GGCTTTTATGAGGACATTTCTCTTTTGTGTATTTCCCTCCCTTCTCTTTTCTGCTTT	249	VK3675	901	AACCTTACTTAATTCATTTCAAGAAATGGGGTTTGAAGAGATCTCTGGGGAAGAACTAAT	969		
Subject 111527	GGCTTTTATGAGGACATTTCTCTTTTGTGTATTTCCCTCCCTTCTCTTTTCTGCTTT	111476	Subject	110817	AACCTTACTTAATTCATTTCAAGAAATGGGGTTTGAAGAGATCTCTGGGGAAGAACTAAT	110756		
VK3675 241	AAAGATGAAATTTTATGATAGTTTCTGTTTTCCTCAATTTTTCGAAATGCTAGCTTAT	309						
Subject 111477	AAAGATGAAATTTTATGATAGTTTCTGTTTTCCTCAATTTTTCGAAATGCTAGCTTAT	111416						
VK3675 361	TCAACAGCTGCAATTAACGCTATTTATATGTTTGAATTTTATGCTTATTCGAGGAT	369						
Subject 111417	TCAACAGCTGCAATTAACGCTATTTATATGTTTGAATTTTATGCTTATTCGAGGAT	111356						
VK3675 361	CTTTTAAATCATGATTTTCAAAATATACAGTGG	429						
Subject 111357	CTTTTAAATCATGATTTTCAAAATATACAGTGG	111296						
VK3675 421	TCTCTATGGGTAAGGAGAGG	489						
Subject 111297	TCTCTATGGGTAAGGAGAGG	111236						

VK3675 951 AATTGATATATAAATGGTCATATAATCGTGGTACATAGATCTTTTATAGAACATCT 1020
 Seq 110757 AATTGATATATAAATGGTCATATAATCGTGGTACATAGATCTTTTATAGAACATCT 110698
 VK3675 1021 TTACCTGAAAGCTATAGAGGATTACAAAGCAATCTCA GATAGCAATATT 1080
 Seq 110697 TTACCTGAAAGCTATAGAGGATTAGCAAGCAATCTCTTTTATAGAACATCT 110688
 VK3675 1061 GATGGATACCAATGAGTACGTA 1135
 Seq 110697 GATGGATACCAATGAGTACGTA 113613

Hình 4. Kết quả giải trình tự gen *ndhF* mẫu VK3675 và so sánh với hệ gen lục lạp của trình tự mang mã số MH142726.1 (loài *Capparis versicolor*) trên Ngân hàng gen

Để xác định đoạn trình tự sản phẩm PCR có phải đoạn gen *ndhF* hay không, đã sử dụng phần mềm Blast để so sánh đoạn trình tự thu được với các trình tự đã được công bố trên Genbank. Kết quả phân tích blast cho thấy, trình tự nucleotide thu được chính là trình tự của gen *ndhF*. Từ kết quả thu được so sánh trình tự mẫu VK3675 với hệ gen lục lạp của trình tự mang mã số MH142726.1 (loài *Capparis versicolor*) trên ngân hàng gen. Hình 4 chỉ ra sự tương đồng lên

đến 99% của mẫu nghiên cứu với trình tự gen *ndhF* trong hệ gen lục lạp của loài *Capparis versicolor*. Kết quả giải trình tự cho thấy, gen *ndhF* phân lập được từ mẫu VK3675 có chiều dài 1105 nucleotide. Kết quả so sánh trên hình 4 cho thấy, sự đa hình trong trình tự nucleotid là khá cao, tại đây xảy ra các biến đổi như thay thế một vài nucleotide. Các nucleotide thay đổi nằm ở các vị trí: 47 (C-T), 336 (A-G), 380 (A-T), 800 (C-A), 873 (G-T), 933 (G-T), 945 (G-C), 1103 (A-G).

3.4. Phân tích sự đa hình di truyền trong trình tự gen *ndhF* của một số loài thuộc chi Cáp

Đã tiến hành so sánh trình tự DNA vùng gen *ndhF* của mẫu nghiên cứu VK3675 cùng với 9 trình tự DNA vùng gen *ndhF* của các loài thuộc chi Cáp đã được công bố trên Ngân hàng gen. Thông tin về các trình tự so sánh được mô tả trong bảng 2 (mã số gen, tên loài, năm công bố, kích thước gen).

Bảng 2. Thông tin các gen *ndhF* sử dụng trong so sánh với mẫu thí nghiệm (VK3675)

STT	Mã số gen	Tên loài	Năm công bố	Kích thước (bp)
1	Mẫu thí nghiệm (VK3675) - <i>Capparis daknongensis</i>			1105
2	KU739555.1	<i>Capparis ovata</i>	2016	1128
3	EU373685.1	<i>Capparis lucida</i>	2016	992
4	AY122364.1	<i>Capparis callophylla</i>	2016	967
5	EU373698.1	<i>Capparis tomentosa</i>	2016	994
6	EU373699.1	<i>Capparis zeylanica</i>	2016	992
7	EU373694.1	<i>Capparis spinosa</i>	2016	992
8	EU002208.1	<i>Capparis flexuosa</i> (chloroplast)	2009	2058
9	EU373690.1	<i>Capparis sandwichiana</i>	2016	992
10	EU373682.1	<i>Capparis cynophallophora</i>	2016	992

```

      5          15          25          35          45          55
C.callophy  ATTAATTCATT CAATGGAAGC TATAGTTGGA TATTCTCCCG ATAAAAGCCA GAATATGATT
C.cynophal  ATTAATTCATT CAATGGAAGC TATAGTTGGA TATTCTCCCG ATAAAAGCCA GAATATGATT
C.dakronge  ATTAATTCATT CAATGGAAGC TATAGTTGGA TATTCTCCCG ATAAAAGCCA GAATATGATT
C.flexuosa  ATTAATTCATT CAATGGAAGC TATAGTTGGA TATTCTCCCG ATAAAAGCCA GAATATGATT
C.lucida    ATTAATTCATT CAATGGAAGC TATAGTTGGA TATTCTCCCG ATAAAAGCCA GAATATGATT
C.ovata     ATTAATTCATT CAATGGAAGC TATAGTTGGA TATTCTCCCG ATAAAAGTCA GAATATGATT
C.sandwich  ATTAATTCATT CAATGGAAGC TATAGTTGGA TATTCTCCCG ATAAAAGTCA GAATATGATT
C.spirosea  ATTAATTCATT CAATGGAAGC TATAGTTGGA TATTCTCCCG ATAAAAGTCA GAATATGATT
C.tomentos  ATTAATTCATT CAATGGAAGC TATAGTTGGA TATTCTCCCG ATAAAAGCCA GAATATGATT
C.zeylanic  ATTAATTCATT CAATGGAAGC TATAGTTGGA TATTCTCCCG ATAAAAGTCA GAATATGATT

      65          75          85          95          105         115
C.callophy  TTTATGGGTG GTTGGACAAA ACATGTGCCG ATTACAAAAA CTGCCCTTTT TTTAGGGACA
C.cynophal  TTTATGGGTG GTTGGACAAA ACATGTGCCG ATTACAAAAA CTGCCCTTTT TTTAGGGACA
C.dakronge  TTTATGGGTG GTTGGACAAA ACATGTGCCG ATTACAAAAA CTGCCCTTTT TTTAGGGACA
C.flexuosa  TTTATGGGTG GTTGGACAAA ACATGTGCCG ATTACAAAAA CTGCCCTTTT TTTAGGGACA
C.lucida    TTTATGGGTG GTTGGACAAA ACATGTGCCG ATTACAAAAA CTGCCCTTTT TTTAGGGACA
C.ovata     TTTATGGGTG GTTGGACAAA ACATGTGCCG ATTACAAAAA CTGCCCTTTT TTTAGGGACA
C.sandwich  TTTATGGGTG GTTGGACAAA ACATGTGCCG ATTACAAAAA CTGCCCTTTT TTTAGGGACA
C.spirosea  TTTATGGGTG GTTGGACAAA ACATGTGCCG ATTACAAAAA CTGCCCTTTT TTTAGGGACA
C.tomentos  TTTATGGGTG GTTGGACAAA ACATGTGCCG ATTACAAAAA CTGCCCTTTT TTTAGGGACA
C.zeylanic  TTTATGGGTG GTTGGACAAA ACATGTGCCG ATTACAAAAA CTGCCCTTTT TTTAGGGACA

     125         135         145         155         165         175
C.callophy  CTTTCTCTTT GTGGATTCC CCCCCTTGCT TGTTTTTGTT CTAAAGATGA AATTCTTAAT
C.cynophal  CTTTCTCTTT GTGGATTCC CCCCCTTGCT TGTTTTTGTT CTAAAGATGA AATTCTTAAT
C.dakronge  CTTTCTCTTT GTGGATTCC CCCCCTTGCT TGTTTTTGTT CTAAAGATGA AATTCTTAAT
C.flexuosa  CTTTCTCTTT GTGGATTCC CCCCCTTGCT TGTTTTTGTT CTAAAGATGA AATTCTTAAT
C.lucida    CTTTCTCTTT GTGGATTCC CCCCCTTGCT TGTTTTTGTT CTAAAGATGA AATTCTTAAT
C.ovata     CTTTCTCTTT GTGGATTCC CCCCCTTGCT TGTTTTTGTT CTAAAGATGA AATTCTTAAT
C.sandwich  CTTTCTCTTT GTAGTATTCC CCCCCTTGCT TGTTTTTGTT CTAAAGATGA AATTCTTAAT
C.spirosea  CTTTCTCTTT GTGGATTCC CCCCCTTGCT TGTTTTTGTT CTAAAGATGA AATTCTTAAT
C.tomentos  CTTTCTCTTT GTGGATTCC CCCCCTTGCT TGTTTTTGTT CTAAAGATGA AATTCTTAAT
C.zeylanic  CTTTCTCTTT GTGGATTCC CCCCCTTGCT TGTTTTTGTT CTAAAGATGA AATTCTTAAT
    
```

C.callophy	185	195	205	215	225	235
C.cynophal	GATAGTTTCT	TGTTTTCTCC	AAATTTTSCA	ATATATAGCTT	GTTCAACAGC	GGGATTTAA
C.daknonge	GATAGTTTCT	TGTTTTCTCC	AAATTTTSCA	ATATATAGCTT	GTTCAACAGC	GGGATTTAA
C.flexuosa	GATAGTTTCT	TGTTTTCTCC	AAATTTTSCA	ATATATAGCTT	GTTCAACAGC	GGGATTTAA
C.lucida	GATAGTTTCT	TGTTTTCTCC	AAATTTTSCA	ATATATAGCTT	GTTCAACAGC	GGGATTTAA
C.ovata	GATAGTTTCT	TGTTTTCTCC	AAATTTTSCA	ATATATAGCTT	GTTCAACAGC	GGGATTTAA
C.sandwich	GATAGTTTCT	TGTTTTCTCC	AAATTTTSCA	ATATATAGCTT	GTTCAACAGC	GGGATTTAA
C.spinosa	GATAGTTTCT	TGTTTTCTCC	AAATTTTSCA	ATATATAGCTT	GTTCAACAGC	GGGATTTAA
C.tomentos	GATAGTTTCT	TGTTTTCTCC	AAATTTTSCA	ATATATAGCTT	GTTCAACAGC	GGGATTTAA
C.zeylaric	GATAGTTTCT	TGTTTTCTCC	AAATTTTSCA	ATATATAGCTT	GTTCAACAGC	GGGATTTAA
C.callophy	245	255	265	275	285	295
C.cynophal	GCATTTTATA	TGTTTTCTG	TTATTTTACTT	ACTTTGTGAAG	GACATTTTAAA	CATTTCATTTT
C.daknonge	GCATTTTATA	TGTTTTCTG	TTATTTTACTT	ACTTTGTGAAG	GACATTTTAAA	CATTTCATTTT
C.flexuosa	GCATTTTATA	TGTTTTCTG	TTATTTTACTT	ACTTTGTGAAG	GACATTTTAAA	CATTTCATTTT
C.lucida	GCATTTTATA	TGTTTTCTG	TTATTTTACTT	ACTTTGTGAAG	GACATTTTAAA	CATTTCATTTT
C.ovata	GCATTTTATA	TGTTTTCTG	TTATTTTACTT	ACTTTGTGAAG	GACATTTTAAA	CATTTCATTTT
C.sandwich	GCATTTTATA	TGTTTTCTG	TTATTTTACTT	ACTTTGTGAAG	GACATTTTAAA	CATTTCATTTT
C.spinosa	GCATTTTATA	TGTTTTCTG	TTATTTTACTT	ACTTTGTGAAG	GACATTTTAAA	CATTTCATTTT
C.tomentos	GCATTTTATA	TGTTTTCTG	TTATTTTACTT	ACTTTGTGAAG	GACATTTTAAA	CATTTCATTTT
C.zeylaric	GCATTTTATA	TGTTTTCTG	TTATTTTACTT	ACTTTGTGAAG	GACATTTTAAA	CATTTCATTTT
C.callophy	305	315	325	335	345	355
C.cynophal	CAAAATTTACA	GTGGAAAAAAA	AAGTAATTCG	TTCTATTCCCA	TCTCTCTATG	GGGTAAAGAA
C.daknonge	CAAAATTTACA	GTGGAAAAAAA	AAGTAATTCG	TTCTATTCCCA	TCTCTCTATG	GGGTAAAGAA
C.flexuosa	CAAAATTTACA	GTGGAAAAAAA	AAGTAATTCG	TTCTATTCCCA	TCTCTCTATG	GGGTAAAGAA
C.lucida	CAAAATTTACA	GTGGAAAAAAA	AAGTAATTCG	TTCTATTCCCA	TCTCTCTATG	GGGTAAAGAA
C.ovata	CAAAATTTACA	GTGGAAAAAAA	AAGTAATTCG	TTCTATTCCCA	TCTCTCTATG	GGGTAAAGAA
C.sandwich	CAAAATTTACA	GTGGAAAAAAA	AAGTAATTCG	TTCTATTCCCA	TCTCTCTATG	GGGTAAAGAA
C.spinosa	CAAAATTTACA	GTGGAAAAAAA	AAGTAATTCG	TTCTATTCCCA	TCTCTCTATG	GGGTAAAGAA
C.tomentos	CAAAATTTACA	GTGGAAAAAAA	AAGTAATTCG	TTCTATTCCCA	TCTCTCTATG	GGGTAAAGAA
C.zeylaric	CAAAATTTACA	GTGGAAAAAAA	AAGTAATTCG	TTCTATTCCCA	TCTCTCTATG	GGGTAAAGAA
C.callophy	365	375	385	395	405	415
C.cynophal	GAAGAAAAAAA	AAATTTAACAG	AAATTTTGTG	TTAGTACCCAT	TATTTAACCAA	GAATTAATAAC
C.daknonge	GAAGAAAAAAA	AAATTTAACAG	AAATTTTGTG	TTAGTACCCAT	TATTTAACCAA	GAATTAATAAC
C.flexuosa	GAAGAAAAAAA	AAATTTAACAG	AAATTTTGTG	TTAGTACCCAT	TATTTAACCAA	GAATTAATAAC
C.lucida	GAAGAAAAAAA	AAATTTAACAG	AAATTTTGTG	TTAGTACCCAT	TATTTAACCAA	GAATTAATAAC
C.ovata	GAAGAAAAAAA	AAATTTAACAG	AAATTTTGTG	TTAGTACCCAT	TATTTAACCAA	GAATTAATAAC
C.sandwich	GAAGAAAAAAA	AAATTTAACAG	AAATTTTGTG	TTAGTACCCAT	TATTTAACCAA	GAATTAATAAC
C.spinosa	GAAGAAAAAAA	AAATTTAACAG	AAATTTTGTG	TTAGTACCCAT	TATTTAACCAA	GAATTAATAAC
C.tomentos	GAAGAAAAAAA	AAATTTAACAG	AAATTTTGTG	TTAGTACCCAT	TATTTAACCAA	GAATTAATAAC
C.zeylaric	GAAGAAAAAAA	AAATTTAACAG	AAATTTTGTG	TTAGTACCCAT	TATTTAACCAA	GAATTAATAAC
C.callophy	425	435	445	455	465	475
C.cynophal	AAAAAGAACTT	CTTTTGTG	CAAGAAAGCA	TATCAAGTTA	GTATTAATGT	AAAGAAATAGA
C.daknonge	AAAAAGAACTT	CTTTTGTG	CAAGAAAGCA	TATCAAGTTA	GTATTAATGT	AAAGAAATAGA
C.flexuosa	AAAAAGAACTT	CTTTTGTG	CAAGAAAGCA	TATCAAGTTA	GTATTAATGT	AAAGAAATAGA
C.lucida	AAAAAGAACTT	CTTTTGTG	CAAGAAAGCA	TATCAAGTTA	GTATTAATGT	AAAGAAATAGA
C.ovata	AAAAAGAACTT	CTTTTGTG	CAAGAAAGCA	TATCAAGTTA	GTATTAATGT	AAAGAAATAGA
C.sandwich	AAAAAGAACTT	CTTTTGTG	CAAGAAAGCA	TATCAAGTTA	GTATTAATGT	AAAGAAATAGA
C.spinosa	AAAAAGAACTT	CTTTTGTG	CAAGAAAGCA	TATCAAGTTA	GTATTAATGT	AAAGAAATAGA
C.tomentos	AAAAAGAACTT	CTTTTGTG	CAAGAAAGCA	TATCAAGTTA	GTATTAATGT	AAAGAAATAGA
C.zeylaric	AAAAAGAACTT	CTTTTGTG	CAAGAAAGCA	TATCAAGTTA	GTATTAATGT	AAAGAAATAGA
C.callophy	485	495	505	515	525	535
C.cynophal	ACTTTTCTTA	CTGTTTGC	TTTTCACCTT	AATTTTTTAA	CAACAACTTT	CTCTTATCCC
C.daknonge	ACTTTTCTTA	CTGTTTGC	TTTTCACCTT	AATTTTTTAA	CAACAACTTT	CTCTTATCCC
C.flexuosa	ACTTTTCTTA	CTGTTTGC	TTTTCACCTT	AATTTTTTAA	CAACAACTTT	CTCTTATCCC
C.lucida	ACTTTTCTTA	CTGTTTGC	TTTTCACCTT	AATTTTTTAA	CAACAACTTT	CTCTTATCCC
C.ovata	ACTTTTCTTA	CTGTTTGC	TTTTCACCTT	AATTTTTTAA	CAACAACTTT	CTCTTATCCC
C.sandwich	ACTTTTCTTA	CTGTTTGC	TTTTCACCTT	AATTTTTTAA	CAACAACTTT	CTCTTATCCC
C.spinosa	ACTTTTCTTA	CTGTTTGC	TTTTCACCTT	AATTTTTTAA	CAACAACTTT	CTCTTATCCC
C.tomentos	ACTTTTCTTA	CTGTTTGC	TTTTCACCTT	AATTTTTTAA	CAACAACTTT	CTCTTATCCC
C.zeylaric	ACTTTTCTTA	CTGTTTGC	TTTTCACCTT	AATTTTTTAA	CAACAACTTT	CTCTTATCCC
C.callophy	545	555	565	575	585	595
C.cynophal	CAAGAAATCGG	ACAATACAT	TTTATTTTCC	ATGCTTGTAT	TGGTTTTTAT	TACTTTTGT
C.daknonge	CAAGAAATCGG	ACAATACAT	TTTATTTTCC	ATGCTTGTAT	TGGTTTTTAT	TACTTTTGT
C.flexuosa	CAAGAAATCGG	ACAATACAT	TTTATTTTCC	ATGCTTGTAT	TGGTTTTTAT	TACTTTTGT
C.lucida	CAAGAAATCGG	ACAATACAT	TTTATTTTCC	ATGCTTGTAT	TGGTTTTTAT	TACTTTTGT
C.ovata	CAAGAAATCGG	ACAATACAT	TTTATTTTCC	ATGCTTGTAT	TGGTTTTTAT	TACTTTTGT
C.sandwich	CAAGAAATCGG	ACAATACAT	TTTATTTTCC	ATGCTTGTAT	TGGTTTTTAT	TACTTTTGT
C.spinosa	CAAGAAATCGG	ACAATACAT	TTTATTTTCC	ATGCTTGTAT	TGGTTTTTAT	TACTTTTGT
C.tomentos	CAAGAAATCGG	ACAATACAT	TTTATTTTCC	ATGCTTGTAT	TGGTTTTTAT	TACTTTTGT
C.zeylaric	CAAGAAATCGG	ACAATACAT	TTTATTTTCC	ATGCTTGTAT	TGGTTTTTAT	TACTTTTGT
C.callophy	605	615	625	635	645	655
C.cynophal	ATTGGAGCTA	TAGGAAATTC	TTTCAATCAA	GATCAAGGAG	GAATATACCT	TGATATATTA
C.daknonge	ATTGGAGCTA	TAGGAAATTC	TTTCAATCAA	GATCAAGGAG	GAATATACCT	TGATATATTA
C.flexuosa	ATTGGAGCTA	TAGGAAATTC	TTTCAATCAA	GATCAAGGAG	GAATATACCT	TGATATATTA
C.lucida	ATTGGAGCTA	TAGGAAATTC	TTTCAATCAA	GATCAAGGAG	GAATATACCT	TGATATATTA
C.ovata	ATTGGAGCTA	TAGGAAATTC	TTTCAATCAA	GATCAAGGAG	GAATATACCT	TGATATATTA
C.sandwich	ATTGGAGCTA	TAGGAAATTC	TTTCAATCAA	GATCAAGGAG	GAATATACCT	TGATATATTA
C.spinosa	ATTGGAGCTA	TAGGAAATTC	TTTCAATCAA	GATCAAGGAG	GAATATACCT	TGATATATTA
C.tomentos	ATTGGAGCTA	TAGGAAATTC	TTTCAATCAA	GATCAAGGAG	GAATATACCT	TGATATATTA
C.zeylaric	ATTGGAGCTA	TAGGAAATTC	TTTCAATCAA	GATCAAGGAG	GAATATACCT	TGATATATTA
C.callophy	665	675	685	695	705	715
C.cynophal	TGAGAAATTTT	TGACCCCATTC	TATTAATCTT	TGCTATAAAA	ATTCAAAATTA	TTTTGTGGAT
C.daknonge	TGAGAAATTTT	TGACCCCATTC	TATTAATCTT	TGCTATAAAA	ATTCAAAATTA	TTTTGTGGAT
C.flexuosa	TGAGAAATTTT	TGACCCCATTC	TATTAATCTT	TGCTATAAAA	ATTCAAAATTA	TTTTGTGGAT
C.lucida	TGAGAAATTTT	TGACCCCATTC	TATTAATCTT	TGCTATAAAA	ATTCAAAATTA	TTTTGTGGAT
C.ovata	TGAGAAATTTT	TGACCCCATTC	TATTAATCTT	TGCTATAAAA	ATTCAAAATTA	TTTTGTGGAT
C.sandwich	TGAGAAATTTT	TGACCCCATTC	TATTAATCTT	TGCTATAAAA	ATTCAAAATTA	TTTTGTGGAT
C.spinosa	TGAGAAATTTT	TGACCCCATTC	TATTAATCTT	TGCTATAAAA	ATTCAAAATTA	TTTTGTGGAT
C.tomentos	TGAGAAATTTT	TGACCCCATTC	TATTAATCTT	TGCTATAAAA	ATTCAAAATTA	TTTTGTGGAT
C.zeylaric	TGAGAAATTTT	TGACCCCATTC	TATTAATCTT	TGCTATAAAA	ATTCAAAATTA	TTTTGTGGAT

	725	735	745	755	765	775
C.callophy	TGGTATCAAT	TTTTGAGAAA	TGCAACTTTT	T-----CGG	TCAGTATAGC	TTTTTTTGGG
C.cynophal	TGGTATCAAT	TTTTGAGAAA	TGCAACTTTT	T-----CAG	TCAGTATAGC	TTTTTTTGGG
C.daknonge	TGGTATCAAT	TTTTGAGAAA	TGCAACTTTT	T-----CGG	TCAGTATAGC	TTTTTTTGGG
C.flexuosa	TGGTATCAAT	TTTTGAGAAA	TGCAACTTTT	TATTTTTCAG	TCAGTATAGC	TTTTTTTGGG
C.lucida	TGGTATCAAT	TTTTGAGAAA	TGCAACTTTT	T-----CGG	TCAGTATAGC	TTTTTTTGGG
C.ovata	TGGTATCAAT	TTTTGAGAAA	TGCAACTTTT	T-----CAG	TCAGTATAGC	TTTTTTTGGG
C.sandwich	TGGTATCAAT	TTTTGAGAAA	TGCAACTTTT	T-----CAG	TCAGTATAGC	TTTTTTTGGG
C.spinosa	TGGTATCAAT	TTTTGAGAAA	TGCAACTTTT	T-----CAG	TCAGTATAGC	TTTTTTTGGG
C.tomentos	TGGTATCAAT	TTTTGAGAAA	TGCAACTTTT	T-----CGG	TCAGTATAGC	TTTTTTTGGG
C.zeylanic	TGGTATCAAT	TTTTGAGAAA	TGCAACTTTT	T-----CAG	TCAGTATAGC	TTTTCTTGGG
	785	795	805	815	825	835
C.callophy	ATATTTATAG	CATACTCTTT	ATATAAGCCT	TTTTATTTCAT	CTTTATTAAA	TTTAAACTTA
C.cynophal	ATATTTATAG	CATACTCTTT	ATATAAGCCT	TTTTATTTCAT	CTTTATTAAA	TTTAAACTTA
C.daknonge	ATATTTATAG	CATACTCTTT	ATATAAGCCT	TTTTATTTCAT	CTTTATTAAA	TTTAAACTTA
C.flexuosa	ATATTTATAG	CATACTCTTT	ATATAAGCCT	TTTTATTTCAT	CTTTATTAAA	TTTAAACTTA
C.lucida	ATATTTATAG	CATACTCTTT	ATATAAGCCT	TTTTATTTCAT	CTTTATTAAA	TTTAAACTTA
C.ovata	ATATTTATAG	CATACTCTTT	ATATAAGCCT	TTTTATTTCAT	CTTTATTAAA	TTTAAACTTA
C.sandwich	ATATTTATAG	CATACTCTTT	ATATAAGCCT	TTTTATTTCAT	CTTTATTAAA	TTTAAACTTA
C.spinosa	ATATTTATAG	CATACTCTTT	ATATAAGCCT	TTTTATTTCAT	CTTTATTAAA	TTTAAACTTA
C.tomentos	ATATTTATAG	CATACTCTTT	ATATAAGCCT	TTTTATTTCAT	CTTTATTAAA	TTTAAACTTA
C.zeylanic	ATATTTATAG	CATACTCTTT	ATATAAGCCT	TTTTATTTCAT	CTTTATTAAA	TTTAAACTTA
	845	855	865	875	885	895
C.callophy	CTTAATT---	-----CATT	TCAAAAATGG	GGTTT---AAA	GAATTCGTG	GGAAAAACTA
C.cynophal	CTTAATT---	-----CATT	TCAAAAATGG	GGTTT---AAA	GAATTCGTG	GGAAAAACTA
C.daknonge	CTTAATT---	-----CATT	TCAAAAATGG	GGTTT---AAA	GAATTCGTG	GGAAAAACTA
C.flexuosa	CTTAATT---	-----CATT	TCAAAAATGG	GGTTT---AAA	GAATTCGTG	GGAAAAACTA
C.lucida	CTTAATT---	-----CATT	TCAAAAATGG	GGTTT---AAA	GAATTCGTG	GGAAAAACTA
C.ovata	CTTAATT---	-----CATT	TCAAAAATGG	GGTTT---AAA	GAATTCGTG	GGAAAAACTA
C.sandwich	CTTAATT---	-----CATT	TCAAAAATGG	GGTTT---AAA	GAATTCGTG	GGAAAAACTA
C.spinosa	CTTAATT---	-----CATT	TCAAAAATGG	GGTTT---AAA	GAATTCGTG	GGAAAAACTA
C.tomentos	CTTAATTTTAC	TTAATTCATT	TCAAAAATGG	GGTTT---AAA	GAATTCGTG	GGAAAAACTA
C.zeylanic	CTTAATT---	-----CATT	TCAAAAATGG	GGTTT---AAA	GAATTCGTG	GGAAAAACTA
	905	915	925	935	945	955
C.callophy	ATAAATTTGA	TATATAATTG	GTCAATATAAT	CGTGGTTACA	TAGATGTTTT	TTATAGAACA
C.cynophal	ATAAATTTGA	TATATAATTG	GTCAATATAAT	CGTGGTTACA	TAGATGTTTT	TTATAGAACA
C.daknonge	ATAAATTTGA	TATATAATTG	GTCAATATAAT	CGTGGTTACA	TAGATGTTTT	TTATAGAACA
C.flexuosa	ATAAATTTGA	TATATAATTG	GTCAATATAAT	CGTGGTTACA	TAGATGTTTT	TTATAGAACA
C.lucida	ATAAATTTGA	TATATAATTG	GTCAATATAAT	CGTGGTTACA	TAGATGTTTT	TTATAGAACA
C.ovata	ATAAATTTGA	TATATAATTG	GTCAATATAAT	CGTGGTTACA	TAGATGTTTT	TTATAGAACA
C.sandwich	ATAAATTTGA	TATATAATTG	GTCAATATAAT	CGTGGTTACA	TAGATGTTTT	TTATAGAACA
C.spinosa	ATAAATTTGA	TATATAATTG	GTCAATATAAT	CGTGGTTACA	TAGATGTTTT	TTATAGAACA
C.tomentos	ATAAATTTGA	TATATAATTG	GTCAATATAAT	CGTGGTTACA	TAGATGTTTT	TTATAGAACA
C.zeylanic	ATAAATTTGGG	TATATAATTG	GTCAATATAAT	CGTGGTTACA	TAGATGTTTT	TTATAGAACA
	965	975	985	995	1005	1015
C.callophy	TCTTTAACTG	AAAGATAAG	AAGATTAGCA	AAACAAACTC	ATTTTTTTTGA	TAG-----
C.cynophal	TCTTTAACTG	AAAGATAAG	AAGATTAGCA	AAACAAACTC	ATTTTTTTTGA	TAGACAAATA
C.daknonge	TCTTTAACTG	AAAGATAAG	AAGATTAGCA	AAACAAACTC	ATTTTTTTTGA	T-----
C.flexuosa	TCTTTAACTG	AAAGATAAG	AAGATTAGCA	AAACAAACTC	ATTTTTTTTGA	TAG-----
C.lucida	TCTTTAACTG	AAAGATAAG	AAGATTAGCA	AAACAAACTC	ATTTTTTTTGA	TAG-----
C.ovata	TCTTTAACTG	AAAGATAAG	AAGATTAGCA	AAACAAACTC	ATTTTTTTTGA	TAGACGAATA
C.sandwich	TCTTTAACTG	AAAGATAAG	AAGATTAGCA	AAACAAACTC	ATTTTTTTTGA	TAG-----
C.spinosa	TCTTTAACTG	AAAGATAAG	AAGATTAGCA	AAACAAACTC	ATTTTTTTTGA	TAG-----
C.tomentos	TCTTTAACTG	AAAGATAAG	AAGATTAGCA	AAACAAACTC	ATTTTTTTTGA	TAG-----
C.zeylanic	TCTTTAACTG	AAAGATAAG	AAGATTAGCA	AAACAAACTC	ATTTTTTTTGA	TAG-----

Hình 5. Sự đa dạng trong trình tự gen *ndhF* của loài *Capparis daknongensis* với 9 trình tự trên ngân hàng gen (phân tích bằng phần mềm BioEdit)

So sánh trình tự DNA gen *ndhF* của mẫu nghiên cứu (*Capparis daknongensis*) cùng với 9 trình tự DNA vùng gen *ndhF* của các loài thuộc chi Cáp đã được công bố trên GenBank ở bảng 2 nhận thấy, chiều dài vùng gen *ndhF* giữa các loài dao động từ 992 đến 1128 bp.

Đã tiến hành phân tích sự đa dạng di truyền trong trình tự gen *ndhF* của loài *Capparis daknongensis* với 9 trình tự trên Ngân hàng gen bằng phần mềm BioEdit. Kết quả phân tích được thể hiện trên hình 5.

Tiến hành phân tích và so sánh sự đa dạng di truyền trong trình tự nucleotide của gen *ndhF* từ vị trí nu thứ nhất đến vị trí nu 990 (do kích thước của các trình tự có độ dài ngắn khác nhau). Kết quả phân tích được thể hiện trong bảng 2.

Như vậy sự đa dạng về nucleotide trong đoạn trình tự so sánh có thể quan sát thấy ở 8 vị trí. Sự thay đổi này có thể liên quan đến những biến đổi trong quá trình tiến hoá của loài dưới ảnh hưởng của môi trường sống.

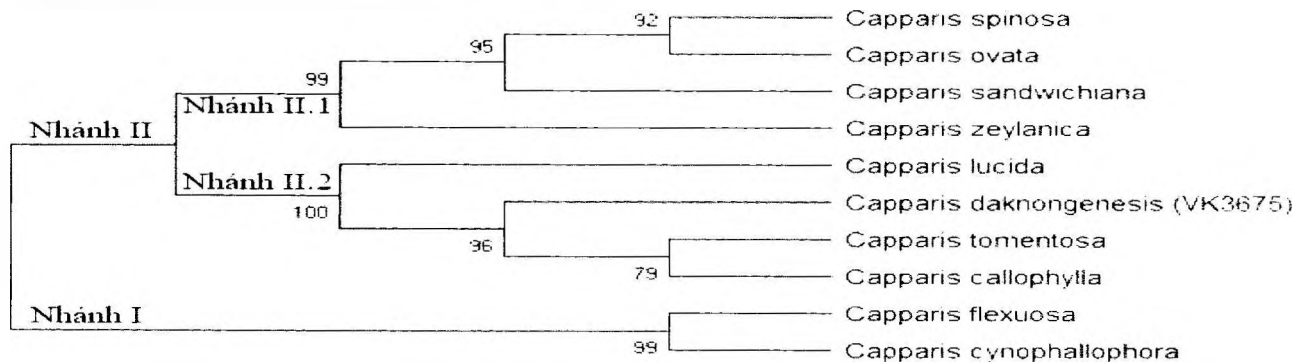
Bảng 3. Sự đa dạng di truyền trong trình tự nucleotide của gen *ndhF* khi so sánh mẫu nghiên cứu (loài *Capparis daknongensis*) với 9 trình tự trên ngân hàng gen

STT	Vị trí nucleotide	Nucleotide trên trình tự loài <i>Capparis daknongensis</i>	Nucleotide thay đổi trên một số trình tự so sánh
1	240	C	T
2	258	A	G
3	327	C	T
4	462	A	T,G
5	728	C	A
6	876	G	T
7	946	A	G
8	974	G	A

Dựa trên sự đa dạng trong trình tự nucleotide gen *ndhF* của 10 trình tự phân tích, cây phát sinh chủng loại được xây dựng với mẫu nghiên cứu và 9 trình tự

trên Genbank nhằm xác định mối quan hệ về mặt di truyền (hình 6). Hình ảnh trên sơ đồ phân loại cho thấy, cây phát sinh được chia làm 2 nhánh chính: Nhánh I gồm 2 loài *Capparis flexuosa* và *Capparis cynophallophora*, 8 trình tự còn lại là các loài thuộc nhánh II (trong đó có mẫu nghiên cứu VK3675 – loài *Capparis daknongensis*).

Cây chủng loại phát sinh cho thấy loài *Capparis daknongensis* nằm cùng nhánh phụ II.2 gần hơn với 2 loài *Capparis tomentosa* và *Capparis callophylla*, và nằm xa hơn một chút với nhánh mang loài *Capparis lucida*, điều này cũng được thể hiện rõ trong bảng hệ số sai khác di truyền giữa các loài so sánh (bảng 3). Với kết quả so sánh về đặc điểm trình tự nucleotide gen *ndhF* và dựng cây phân loại có thể khẳng định, trong phạm vi nghiên cứu, loài *Capparis daknongensis* có mối quan hệ họ hàng về mặt di truyền gần với 2 loài *Capparis tomentosa* và *Capparis callophylla*.



Hình 6. Sơ đồ phân loại hình cây được xây dựng dựa trên trình tự gen *ndhF* của mẫu VK3675 - *Capparis daknongensis* bằng phần mềm Mega X

Bảng 3. Hệ số sai khác di truyền giữa các trình tự so sánh

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1. <i>Capparis zeylanica</i>		0.0156	0.0154	0.0002	0.0023	0.0157	0.0121	0.0057	0.0060	0.0001
2. <i>Capparis tomentosa</i>	0.0190		0.0157	0.0030	0.0053	0.0000	0.0077	0.0072	0.0034	0.0032
3. <i>Capparis spinosa</i>	0.0150	0.0135		0.0002	0.0052	0.0057	0.0039	0.0030	0.0025	0.0036
4. <i>Capparis sandwichiana</i>	0.0163	0.0121	0.0001		0.0020	0.0030	0.0039	0.0051	0.0061	0.0070
5. <i>Capparis ovata</i>	0.0150	0.0135	0.0001	0.0002		0.0057	0.0039	0.0030	0.0025	0.0036
6. <i>Capparis lucida</i>	0.0167	0.0144	0.0001	0.0027	0.0027		0.0057	0.0030	0.0025	0.0036
7. <i>Capparis flexuosa</i>	0.0457	0.0457	0.0462	0.0475	0.0459	0.0440		0.0074	0.0146	0.0077
8. <i>Capparis daknongensis</i> (VK3675)	0.0186	0.0018	0.0031	0.0003	0.0021	0.0142	0.0443		0.0159	0.0033
9. <i>Capparis cynophallophora</i>	0.0116	0.0121	0.0124	0.0149	0.0020	0.0037	0.0035	0.0037		0.0054
10. <i>Capparis callophylla</i>	0.0075	0.0075	0.0075	0.0064	0.0064	0.0142	0.0141	0.0142	0.0141	

4. KẾT LUẬN

Đã khuếch đại thành công vùng gen *ndhF* của mẫu VK3675 (*Capparis daknongensis*) thu thập tại xã Đắk Nia, thị xã Gia Nghĩa, tỉnh Đắk Nông. Kết quả giải trình tự cho thấy, vùng gen *ndhF* của mẫu nghiên cứu có kích thước 1105 nucleotide. Sự phân tích và so sánh trình tự gen đã chỉ ra sự đa dạng di truyền trong quá trình tiến hoá của vùng gen *ndhF*. Thông tin về vùng gen *ndhF* của loài *Capparis daknongensis* được sử dụng làm mã vạch DNA barcoding giúp nhận dạng loài. Bên cạnh đó còn là cơ sở khoa học cho công tác thu thập, bảo tồn nguồn gen và nhân giống loài thực vật đặc hữu này ở Việt Nam.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được tài trợ bởi Quỹ Phát triển Khoa học và Công nghệ Quốc gia (NAFOSTED) trong đề tài mã số 106.03-2019.10.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Abel S., Wiesch P. A., Chang H. H., Davis B. M., Lipsitch M., Waldor M. K. (2015), "Sequence tag-based analysis of microbial population dynamics", *Nature Methods*, (12), pp.223-226.
2. Bhargava M., Sharma A. (2013), "DNA barcoding in plants: evolution and applications of in silico approaches and resources", *Molecular Phylogenetics and Evolution*, (67), pp.631-641.
3. CBOL Plant Working Group¹, Hollingsworth P.M., Laura L. F., John L. S., Mehrdad H., Sujeevan R., Michelle B., Mark W. (2009), "A DNA barcode for land plants", *PNAS*, 106(31), pp.12794-12797.
4. Chen S.L., Yao H., Han J.P., Liu C., Song J.Y., Shi L.C et al (2010), "Validation of the ITS2 region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species", *PloS One*, Article e8613.
5. Cuenoud P.S.V., Chatrou L.W. (2002), "Molecular phylogenetics of Caryophyllales based on nuclear 18S rDNA and plastid *rbcL*, *atpB*, and *ndhF* DNA sequences", *American Journal of Botany*, (89), pp.132-144.
6. David L. E., John S., Alissa R., Lee A. W., Kress W. J. (2008), "DNA barcoding in land plants: developing standards to quantify and maximize success", *Taxon*, 57(4), pp.1304-1316.

7. Hebert P. D. N., Cywinska A., Ball S.L., Waard J. R. (2003), "Biological identifications through DNA barcodes", *Proceedings of the Royal Society Biological Sciences*, (270), pp. 313-321.
8. Hilu K. W., L. H., (1997), "The *ndhF* gene: sequence variation and application in plant systematics", *American Journal of Botany*, (84), pp. 830-839.
9. Hollingsworth P.M., Little D.P. (2011), "Choosing and using a Plant DNA Barcode", *PloS One*, 6(5), e19254.
10. Li M., Cao H., But P. P. H., Shaw P. C. (2011), "Identification of herbal medicinal materials using DNA barcodes", *Journal of Systematics and Evolution*, 49(3), pp.271-283.
11. Sucher N. J., Carles M.C (2008), "Genome-based approaches to the authentication of medicinal plants", *Planta Medica*, 74(6), pp.603-623.
12. Lê Đình Mối, Trần Minh Hợi, Dương Đức Huyền, Trần Huy Thái, Ninh Khắc Bản (2005), *Tài nguyên thực vật Việt Nam* (Những cây chứa các hợp chất có hoạt tính sinh học), tập 1, Nhà xuất bản Nông nghiệp, Hà Nội.
13. Trần Minh Hợi (chủ biên), Lê Đình Mối, Trần Huy Thái, Ninh Khắc Bản (2013), *Tài nguyên thực vật Việt Nam* (Giáo trình giảng dạy dùng cho học viên cao học và nghiên cứu sinh), Nhà xuất bản Khoa học Tự nhiên và Công nghệ, Hà Nội.
14. Yang D. Y., Cai S. Q., Komatsu K. (2004), "Molecular analysis of Rheum species used as Rhei Rhizoma based on the chloroplast *ndhF* gene sequence and ITS application for identification", *Biological and Pharmaceutical Bulletin*, 27(3), pp.375383.
15. Yang Y., Dang Y. Y., Li Q., Lu J. J., Li X. W., Wang Y. T. (2014), "Complete chloroplast genome sequence of poisonous and medicinal plant *Datura stramonium*: organizations and implications for genetic engineering", *PLoS One*, 9(11), Article e110656.
16. Zhang W., Fan X. H., Zhu S. F. (2013), "Species-specific identification from incomplete sampling: Applying DNA barcodes to monitoring invasive *Solanum* plants", *PLoS ONE*, 8(2), e55927.
17. Web: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/browse#!/organelles/>.

CHARACTERISTICS OF NDHF GENE SEQUENCE OF *Capparis daknongensis* D.T. Sy, G.C.

Tucker, Cornejo & Joongku Lee

Nguyen Thi Thu Nga^{1*}, Tran Cam Tu¹, Sy Danh Thuong¹

¹*University of Education - Thai Nguyen University*

This paper provides some information on the *ndhF* gene sequences of *Capparis daknongensis* collected in Dak Nia commune, Gia Nghia town, Dak Nong province. *Capparis daknongensis* is a plant endemic to Vietnam, with a narrow distribution, only recently recorded in Dak Nong and Dak Lak provinces. Isolation of the *ndhF* gene fragment by PCR technique obtained a sequence with a length of 1105 nucleotides. The study on the *ndhF* gene sequence of the experimental sample showed that the *Capparis daknongensis* has the closest genetic relationship to the *Capparis tomentosa* and *Capparis callophylla*. The above research characteristics are important information to help identify and build DNA barcoding for this endemic species.

Keywords: *Capparaceae*, *Capparis*, *Capparis daknongensis*, *ndhF*, identification.

Người phản biện: PGS.TS. Khuất Hữu Trung

Ngày nhận bài: 13/6/2021

Ngày thông qua phản biện: 8/7/2021

Ngày duyệt đăng: 8/7/2021