VNU Journal of Science: Natural Sciences and Technology, Vol. 42, No. 2 (2026) 84-95

VNU Journal of Science: Natural Sciences and Technology

Journal homepage: https://js.vnu.edu.vn/NST

Original Article

Morphological and Molecular Data of a *Padina* (Dictyotaceae) Seaweed Sample Collected from Ly Son Island, Quang Ngai Province

Vu Dinh Phong[1,2], Nguyen Thi Bich Ngoc[3], Huynh Thi Thu Hue[2,3], Le Tat Thanh[2,4,*]

[1]*Hoa Binh University, 8 Bui Xuan Phai, Tu Liem, Hanoi, Vietnam*
[2]*Graduate University of Science and Technology, Vietnam Academy of Science and Technology, 18 Hoang Quoc Viet, Nghia Do, Hanoi, Vietnam*
[3]*Institute of Biology, Vietnam Academy of Science and Technology, 18 Hoang Quoc Viet, Nghia Do, Hanoi, Vietnam*
[4]*Department of Planning and Finance, Vietnam Academy of Science and Technology, 18 Hoang Quoc Viet, Nghia Do, Hanoi, Vietnam*

Received 14th May 2025
Revised 18th March 2026; Accepted 20th March 2026

Abstract: The genus *Padina* (Dictyotales, Phaeophyceae) belongs to the group of brown algae (Phaeophyceae) and is widely distributed across marine regions worldwide, particularly abundant in tropical and subtropical areas of the Western Pacific. *Padina* species are notable sources of bioactive compounds. According to algal taxonomic databases, 95 species have been reported within this genus, of which 59 are currently taxonomically accepted. Species of the genus *Padina* have long been utilized as food due to their nutritional content, including proteins, carbohydrates, lipids, vitamins, carotenoids, and minerals. In addition, several *Padina* species are used in pharmaceutical applications, health supplements, and cosmetic products. They also play a vital ecological role in marine ecosystems. However, *Padina* species exhibit highly similar morphological characteristics, making taxonomic identification based solely on morphology challenging. While morphological methods remain widely used in seaweed taxonomy, they have inherent limitations. In Vietnam, in-depth taxonomic studies employing genetic data or integrative approaches combining molecular and morphological analyses for this genus remain scarce. To address this knowledge gap, this study collected a *Padina* sample (code: LS1) from Ly Son Island, Quang Ngai Province, and applied an integrative taxonomic approach combining morphological examination with chloroplast *rbcL* gene sequencing to identify the species and elucidate its phylogenetic relationships within the genus *Padina*. Morphological analysis of sample LS1 indicated strong similarity to *Padina tetrastromatica* based on existing identification keys for the genus. Molecular analysis of the *rbcL* region supported this identification, with LS1 clustering closely with *Padina tetrastromatica*, supported by high bootstrap values (MLBS = 95%, BPP = 97%). The interspecific genetic divergence among *Padina* species ranged from 0.2% to 7.4%, with an average of 4.5%. The results of both morphological and molecular phylogenetic

analyses confirmed that the sample collected from Ly Son Island belongs to *Padina tetrastromatica*. This concordance between traditional taxonomy and molecular biology underscores the reliability of the integrative approach. The findings not only enhance our understanding of *Padina* biodiversity in the region but also pave the way for further studies exploring the biological potential of this species.

Keywords: Padina tetrastromatica, DNA barcoding, *rbcL*, morphological analysis, *m*olecular data analysis.

* Corresponding author.
E-mail address: thanh.biotech@gmail.com

https://doi.org/10.25073/2588-1140/vnunst.5896

Dữ liệu hình thái và phân tử của mẫu rong biển chi *Padina*, họ dictyotaceae thu tại Đảo Lý Sơn, tỉnh Quảng Ngãi

Vũ Đình Phóng[1,2], Nguyễn Thị Bích Ngọc[3],
Huỳnh Thị Thu Huệ[2,3], Lê Tất Thành[2,4,*]

[1]*Trường Đại học Hòa Bình, số 8 Bùi Xuân Phái, Từ Liêm, Hà Nội, Việt Nam*
[2]*Học viện Khoa học và Công nghệ, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam, 18 Hoàng Quốc Việt, Nghĩa Đô, Hà Nội, Việt Nam*
[3]*Viện Sinh học, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam, 18 Hoàng Quốc Việt, Nghĩa Đô, Hà Nội, Việt Nam*
[4]*Ban Kế hoạch - Tài chính, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam, 18 Hoàng Quốc Việt, Nghĩa Đô, Hà Nội, Việt Nam*

Nhận ngày 14 tháng 5 năm 2025
Chỉnh sửa ngày 18 tháng 3 năm 2026; Chấp nhận đăng ngày 20 tháng 3 năm 2026

Tóm tắt: Chi *Padina* (Dictyotales, Phaeophyceae) thuộc nhóm rong nâu, có phạm vi phân bố rộng khắp các vùng biển trên thế giới, đặc biệt phổ biến tại các khu vực nhiệt đới và cận nhiệt đới thuộc Tây Thái Bình Dương, và là nguồn cung cấp các hợp chất có hoạt tính sinh học đáng chú ý. Trong cơ sở dữ liệu rong biển, có 95 loài thuộc chi này đã được báo cáo, trong đó 59 loài được công nhận về mặt phân loại. Các loài rong thuộc chi này từ lâu đã được sử dụng làm thực phẩm nhờ vào khả năng cung cấp các chất dinh dưỡng như: protein, glucid, lipid, vitamin, carotenoid và khoáng chất,... Ngoài ra, một số loài *Padina* còn được sử dụng trong sản xuất thuốc, thực phẩm bảo vệ sức khỏe và mỹ phẩm. Bên cạnh đó, chúng còn đóng vai trò quan trọng trong hệ sinh thái biển. Các loài chi *Padina* có hình thái khá giống nhau. Hầu hết các nghiên cứu phân loại trước đây về *Padina* đều sử dụng phương pháp hình thái, và đây vẫn là phương pháp được sử dụng phổ biến trong phân loại rong biển, mặc dù phương pháp này tồn tại những hạn chế nhất định. Tại Việt Nam, các nghiên cứu phân loại chuyên sâu dựa trên dữ liệu di truyền hoặc di truyền kết hợp với hình thái của nhóm này hiện nay vẫn rất ít các công bố. Để khắc phục khoảng trống này, nghiên cứu đã tiến hành thu thập mẫu rong thuộc chi *Padina* tại khu vực đảo Lý Sơn, tỉnh Quảng Ngãi (mẫu LS1) và áp dụng phương pháp tích hợp giữa phân tích hình thái và giải trình tự gen lục lạp (*rbcL*) nhằm định danh loài, đồng thời xác định mối quan hệ họ hàng của chúng với các loài trong chi *Padina*. Kết quả phân tích hình thái mẫu LS1 đã cho thấy sự tương đồng với loài *Padina tetrastromatica* dựa trên các khóa phân loại của chi này. Trên cơ sở phân tích dữ liệu vùng *rbcL*, mẫu LS1 có mối quan hệ chặt chẽ với loài *Padina tetrastromatica* với giá trị bootstrap (MLBS = 95%, BPP = 97%). Sự khác biệt di truyền giữa các loài trong chi *Padina* thay đổi từ 0,2% đến 7,4%, trung bình 4,5%. Kết quả phân tích hình thái và phát sinh loài dựa trên trình tự gen lục lạp (*rbcL*) cho thấy mẫu thu tại đảo Lý Sơn thuộc loài *Padina tetrastromatica*. Điều đó thể hiện sự nhất quán trong việc định danh mẫu rong trên bằng phương pháp hình thái và sinh học phân tử. Phát hiện này không chỉ góp phần củng cố hiểu biết về tính đa dạng sinh học của chi *Padina* tại khu vực mà còn mở ra hướng nghiên cứu mới, phục vụ khai thác tiềm năng sinh học của loài này trong tương lai.

Từ khóa: Padina tetrastromatica, mã vạch DNA, *rbcL*, phân tích hình thái, phân tích dữ liệu phân tử.

* Tác giả liên hệ.
Địa chỉ email: thanh.biotech@gmail.com

https://doi.org/10.25073/2588-1140/vnunst.5896

1. Mở đầu

Chi *Padina* Adanson, 1763 thuộc họ Dictyotaceae, bộ Dictyotales, lớp Phaeophyceae ngành Phaeophyta, lần đầu tiên được mô tả bởi Adanson vào năm 1763. Loài thuộc chi này phân bố rộng rãi ở nhiều vùng biển trên thế giới, từ khu vực nhiệt đới đến ôn đới, xuất hiện trong cả môi trường vùng triều và hạ triều [1].

Các nghiên cứu phân loại về chi *Padina* chủ yếu tập trung tại các quốc gia Đông Nam Á, Nhật Bản, Hawaii, Úc, Đài Loan và khu vực Địa Trung Hải [2]. Cho đến nay, ghi nhận 59 loài thuộc chi này [3]. Tại Việt Nam, 9 loài *Padina* đã được xác định, bao gồm: *P. tetrastromatica* Hauck; *P. australis* Hauck; *P. antillarum* (Kützing) Piccone; *P. boryana* Thivy; *Padina crassa* Yamada; *P. gymnospora* (Kützing) Sonder; *P. minor* Yamada; *P. arborescens* Holmes; *P. japonica* Yamada [4-6]. Bên cạnh vai trò sinh thái, *Padina* còn là một nguồn tài nguyên sinh học có giá trị nhờ chứa nhiều hợp chất có hoạt tính sinh học, khoáng chất và các nguyên tố dinh dưỡng đa lượng, vi lượng. Những đặc tính này làm cho *Padina* trở thành đối tượng tiềm năng trong nhiều lĩnh vực công nghiệp. Trong công nghệ sinh học, các hợp chất chiết xuất từ *Padina* đã cho thấy triển vọng trong dược phẩm, mỹ phẩm, sản phẩm nông nghiệp và tổng hợp hạt nano [7-12].

Về đặc điểm hình thái, các loài rong biển chi *Padina* thường có dạng hình quạt, với mép cuộn hoặc không bao quanh một mô phân sinh. Cấu trúc tản có thể bao gồm hai hoặc nhiều lớp tế bào. Giao tử của chi *Padina* chủ yếu là đơn tính khác gốc [13]. Đây là chi rong Nâu duy nhất có khả năng vôi hóa, ngoại trừ *Newhousia* [14]. Hiện nay, trong nghiên cứu về rong biển, việc phân loại dựa trên đặc điểm hình thái vẫn đóng vai trò quan trọng trong việc xác định loài và dưới loài [15]. Phương pháp phân loại này chủ yếu dựa vào sự khác biệt về hình thái bên ngoài và các đặc điểm bên trong. Tuy nhiên, việc phân loại hình thái cũng gặp phải một số thách thức, đặc biệt khi mẫu vật được thu thập đang trong giai đoạn phát triển, có hình thái tương đồng do thích nghi với điều kiện môi trường, hoặc khi các loài có đặc điểm gần nhau ở bậc phân loại thấp. Ngoài ra, trong nhiều trường hợp, mẫu vật có thể không đầy đủ đặc điểm hình thái cần thiết, bị tổn thương hoặc cắt nhỏ, gây khó khăn cho quá trình phân loại [16, 17].

Ứng dụng phương pháp sinh học phân tử trong định danh loài ngày càng được quan tâm và phát triển mạnh mẽ trên thế giới. Phương pháp này dựa trên việc phân tích thành phần và cấu trúc của các gen đặc trưng để xác định mối quan hệ tiến hóa giữa các taxon sinh vật. Trong đó, các kỹ thuật dựa trên phân tích DNA đã chứng minh hiệu quả vượt trội trong phân loại và giám định loài [18]. Một số vùng gen trong hệ gen ty thể (*cox1, cox2, cox3*), lục lạp (*psbA, rbcL*) thường được sử dụng làm chỉ thị di truyền giúp định danh, phân tích đa dạng di truyền, nghiên cứu tiến hóa và xây dựng cây phát sinh chủng loại nhiều loài rong biển [2, 6, 19-23]. Gần đây, việc phân loại hình thái kết hợp các chỉ thị DNA được chúng tôi áp dụng nghiên cứu trên loài rong *Padina australis* Hauck đã cho kết quả rất chính xác và hiệu quả [6].

Trong nghiên cứu này, chúng tôi phân tích hình thái kết hợp giải mã trình tự nucleotid vùng gen lục lạp (*rbcL*) nhằm định danh chính xác các mẫu *Padina* thu tại đảo Lý Sơn, tỉnh Quảng Ngãi, đồng thời xây dựng mối quan hệ di truyền giữa một số loài trong chi *Padina*.

2. Thực nghiệm

2.1. Vật liệu

Đối tượng nghiên cứu là mẫu rong trong chi *Padina* thu tại Hang Câu (tọa độ: 15°23'21"N 109°07'56"E), đảo Lý Sơn, tỉnh Quảng Ngãi ngày 24 tháng 7 năm 2023. Độ sâu khu vực thu mẫu từ 1 đến 3 m.

2.2. Phương pháp thu và bảo quản mẫu

Khảo sát thu mẫu rong biển trên vùng triều dựa vào tài liệu "Quy phạm tạm thời điều tra tổng hợp biển" (phần rong biển) của Uỷ ban Khoa học và Kỹ thuật Nhà nước ban hành năm 1981 [24]. Khảo sát vùng dưới triều dựa vào tài liệu hướng dẫn của English, Wilkinson & Baker

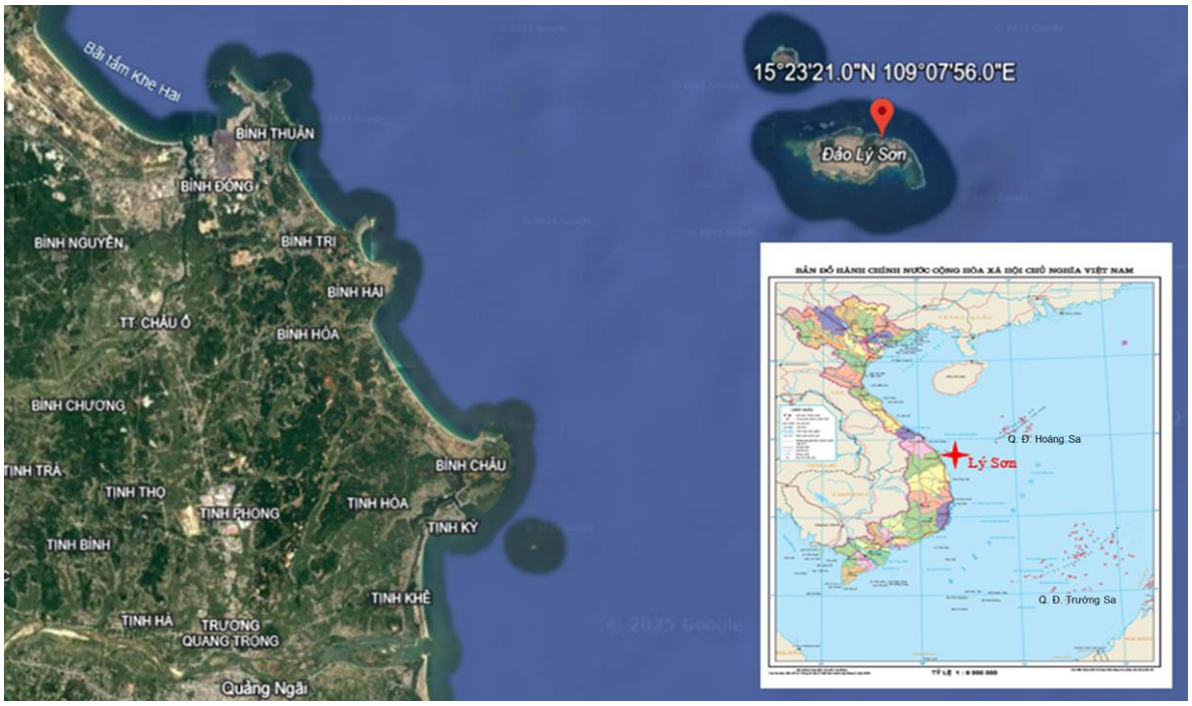
(1997) [25] bằng thiết bị lặn SCUBA, máy chụp ảnh dưới nước hiệu OLYMPUS TG 5.

Sau khi thu, mẫu được làm sạch và bảo quản ở nhiệt độ lạnh (bằng đá khô) cho tới khi mang về phòng thí nghiệm.

Xử lý trong phòng thí nghiệm

Mẫu nghiên cứu sinh học phân tử được rửa sạch bằng nước ngọt, làm khô, bảo quản trong túi zíp hoặc ống fancol 50 ml với silicagel. Mẫu nghiên cứu hình thái được rửa sạch bằng nước ngọt và ép thành tiêu bản khô.

Kí hiệu mẫu sử dụng trong nghiên cứu là LS1.



Hình 1. Vị trí và tọa độ nơi thu mẫu LS1.

2.3. Phương pháp hình thái

Định loại loài chủ yếu dựa trên các đặc điểm hình thái ngoài và cấu trúc giải phẫu bên trong của mẫu vật. Trước khi quan sát, mẫu được làm sạch bằng dung dịch Javen, sau đó xử lý nhanh bằng dung dịch axit HNO_3 1N trong khoảng 5-10 giây nhằm loại bỏ tạp chất. Tiếp theo, mẫu được nhuộm bằng thuốc nhuộm thích hợp để làm rõ các đặc điểm cấu trúc phục vụ cho quá trình quan sát và phân tích.

Quá trình định loại được thực hiện dựa trên các tài liệu chuyên khảo và khóa định loại của các tác giả Taylor [26], Pham [27], Tseng [28], Nguyen và cộng sự [29], Ni Ni Win và cộng sự [2], Đàm Đức Tiến và cộng sự [30], Đàm Đức Tiến [31] cùng một số tài liệu liên quan khác.

2.4. Phương pháp sinh học phân tử

2.4.1. Tách chiết DNA tổng số

DNA tổng số được tách chiết theo phương pháp của Gautham Subramaniam Ramakrishnan và cộng sự [32] có cải tiến phù hợp với điều kiện phòng thí nghiệm cơ sở. Kiểm tra độ sạch và hàm lượng DNA bằng đo quang phổ hấp thụ kết hợp với điện di trên gel agarose 1%. DNA tổng số được pha loãng dùng cho phản ứng PCR ở nồng độ 20 ng/µl.

2.4.2. Nhân bản gen đích bằng kỹ thuật PCR

Nhân bản vùng gen lục lạp (*rbcL*) bằng kỹ thuật PCR sử dụng các cặp mồi gen Pa *rbcL*:

Pa *rbcL*-F 5'-TGACATTTATCGAGCAAAAGCC-3' (Tm = 51,9 ºC).

Pa *rbcL*-R 5'-ACCCCTGACATACGCATCC-3' (Tm = 53,1 ℃) [6].

Tổng thể tích phản ứng PCR là 25 µl bao gồm 1U Tag Dream polymerase; 2,5 µl buffer Tag polymerase (10X); 2.5 mM dNTPs (10 mM); 20 ng DNA template; 10ppm mỗi mồi và nước tinh khiết không chứa Dnase đến 25 µl. Điều kiện chu kỳ nhiệt được thiết kế như sau: biến tính ở 94 °C trong 3 phút; tiếp sau đó là 30 chu kỳ (94 °C trong 1 phút; 58 °C trong 30 giây, 72 °C trong 45 giây) sau đó kéo dài 72 °C trong 5 phút và giữ ở 4 °C.

2.4.3. Giải trình tự và hiệu chỉnh trình tự

Sản phẩm PCR được điện di trên gel agarose 1,5% và được tinh sạch bằng bộ kit GeneJET Genomic DNA Purification (Thermo Fisher Scientific, Hoa Kỳ) và giải trình tự sử dụng bộ kit Big Dye Terminator (ABI, Foster City, Hoa Kỳ) trên hệ thống Applied Biosystems™ 3500. Trình tự DNA sau khi giải trình tự được hiệu chỉnh và loại bỏ các tín hiệu nhiễu với sự trợ giúp của phần mềm ChromasPro2.1.6 [33] được so sánh với các trình tự đã có trên GenBank (sử dụng công cụ BLAST trong NCBI - http:www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST). Các trình tự phân tích được sắp xếp thẳng hàng bằng phần mềm Bioedit v7.0.5.2 [34]. Các vùng không có khả năng sắp xếp bị loại bỏ trước khi phân tích.

2.4.4. Xây dựng cây phát sinh chủng loại

Cây phát sinh chủng loại được xây dựng dựa trên phương pháp xác suất tối đa ML (Maximum Likelihood) sử dụng phần mềm Treefinder v 2011 [35] và phương pháp Bayesian inference (BI) bằng phần mềm MrBayes v 3.2.1 [36]. Trước khi phân tích ML và BI, dữ liệu trình tự nucleotid sẽ được khảo sát phân bố nucleotid, kiểm tra các giả thuyết và xác định mô hình tiến hóa tối ưu sử dụng bởi Kakusan 4.0 [37] dựa trên thông tin Akaie được hiệu chỉnh (corrected AICc - Akaike Information Criterion). Mô hình tiến hóa tốt nhất được chọn cho ML là mô hình đảo chiều thời gian tổng thể (GTR) với giá trị tham số gamma (G: 0,85267 trong ML và 0,63 trong BI) trên vùng gen *rbcL*. Kiểm tra ước lượng tham số và điểm hội tụ bằng cách sử dụng phần mềm Tracer 1.5 [38]. Thực hiện với 1,000 lần lặp lại để xác định giá trị ủng hộ (bootstrap) trong cây ML (MLBS) và BI (BPP) với 1,000 lần lặp lại. Khoảng cách di truyền (*P*) giữa các loài trong chi được tính toán bằng Mega XI [39].

3. Kết quả và thảo luận

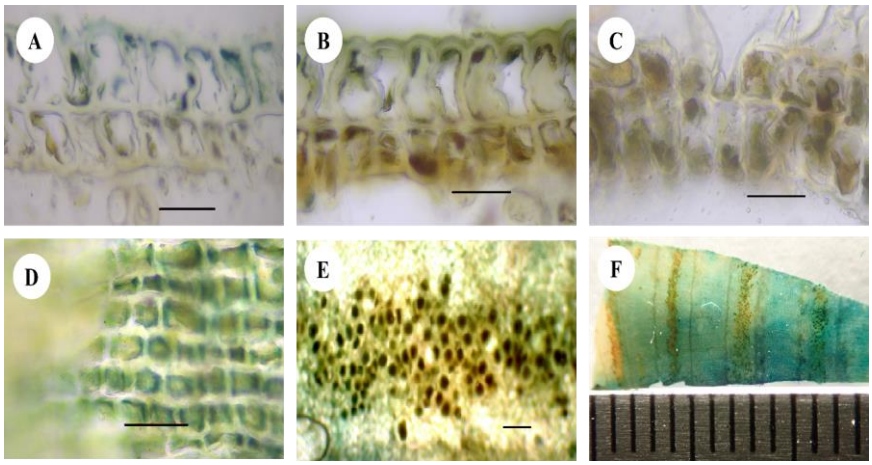
3.1. Đặc điểm hình thái

Tản hình phiến hoặc hình quạt, màu nâu vàng, vôi hóa nhẹ ở mặt dưới, cao đến 6 cm, rộng đến 10 cm, dày khoảng 85 - 130 µm, bám bằng bàn bám dạng đĩa tròn, từ đó mọc nhiều rễ giả mịn; cuống nhỏ hình nêm và rộng ra thành phiến hình quạt rộng, xẻ thành nhiều thùy, mép nhăn sóng, thường cuộn vào trong, mặt phiến có những lỗ tròn hoặc bầu dục (Hình 2).

Hình 2. Hình thái tản mẫu rong biển LS1.

Vòng lông đồng tâm xen kẽ nhau trên cả hai bề mặt của tản, cách đều nhau, tạo thành các vùng sinh sản và cách nhau 2-3 mm (Hình 3F), rất rõ khi rong còn non. Lát cắt ngang, phần ngọn và phần giữa có 2 lớp tế bào hình chữ nhật (Hình 3A, 3B), phần gốc có 3 lớp tế bào (Hình 3C). Quan sát được các hàng tế bào hình chữ nhật nhìn từ mặt (Hình 3D) và các túi bào tử (Hình 3E) xếp thành hàng.

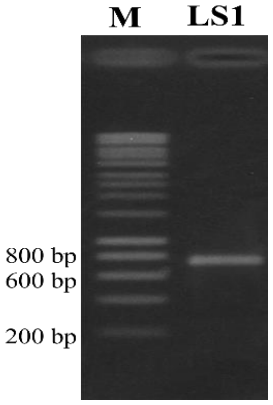
Dựa trên các đặc điểm hình thái ngoài và hình thái tế bào đã được mô tả của mẫu rong LS1 thu tại Lý Sơn, Quảng Ngãi cho thấy có sự tương đồng hình thái với loài *Padina tetrastromatica* dựa trên các khóa phân loại hình thái của chi *Padina*.



Hình 3. Hình thái tế bào mẫu rong biển LS1. (A) Mặt cắt ngang của các lớp tế bào rìa mép tản. (B) Mặt cắt ngang của các lớp tế bào ngang thân tản. (C) Mặt cắt ngang của các lớp tế bào bên cạnh rễ giả. (D) Các lớp tế bào nhìn từ mặt. Các thanh tỷ lệ 50 µm. (E) Cụm túi bào tử nhìn từ mặt. Thanh tỷ lệ 200 µm. (F) Vòng cơ quan sinh sản cánh nhau 3 mm.

3.2. Đặc điểm trình tự nucleotide vùng gen rbcL của mẫu LS1

Từ mẫu rong biển (LS1) thu thập được, chúng tôi đã tách chiết thành công DNA tổng số với độ tinh sạch cao (tỷ lệ A260/280 = 1,82) và nồng độ 768,2 ng/µl. Kết quả này phù hợp với các nghiên cứu trước đây, khẳng định rằng chất lượng và độ tinh sạch của DNA là yếu tố quan trọng quyết định hiệu suất của phản ứng PCR và độ chính xác của quá trình giải trình tự gen [15]. Đoạn gen *rbcL* đã được khuếch đại thành công bằng cặp mồi Pa *rbcL*-F/Pa *rbcL*-R và kiểm tra bằng điện di trên gel agarose 1,5% (Hình 4). Kết quả phân tích cho thấy một băng DNA sáng rõ, sắc nét với kích thước khoảng 700 bp, hoàn toàn đúng với kích thước dự kiến, cho thấy cặp mồi được sử dụng phù hợp và phản ứng PCR đã được tối ưu hóa. Điều này phù hợp với nghiên cứu của Freshwater và cộng sự [40], trong đó nhấn mạnh rằng *rbcL* là một trong những chỉ thị phân tử quan trọng trong nghiên cứu phân loại thực vật biển nhờ tính bảo thủ cao và khả năng khuếch đại hiệu quả [39]. Các sản phẩm PCR sau đó được tinh sạch nhằm loại bỏ tạp chất, đảm bảo chất lượng tối ưu trước khi tiến hành giải trình tự bằng phương pháp Sanger. Bước này giúp tăng độ chính xác của dữ liệu thu được, tạo nền tảng vững chắc cho các phân tích di truyền tiếp theo.



Hình 4. Ảnh điện di sản phẩm PCR nhân đoạn gen *rbcL* của mẫu LS1 (M: DNA ladder 1 Kb).

Sau khi loại bỏ các vị trí nucleotid đọc nhiễu ở hai đầu, trình tự gen *rbcL* thu được từ mẫu LS1 có kích thước 659 bp và được đăng ký trên ngân hàng gen thế giới (NCBI) với mã số PX308853. Trình tự này được kiểm tra

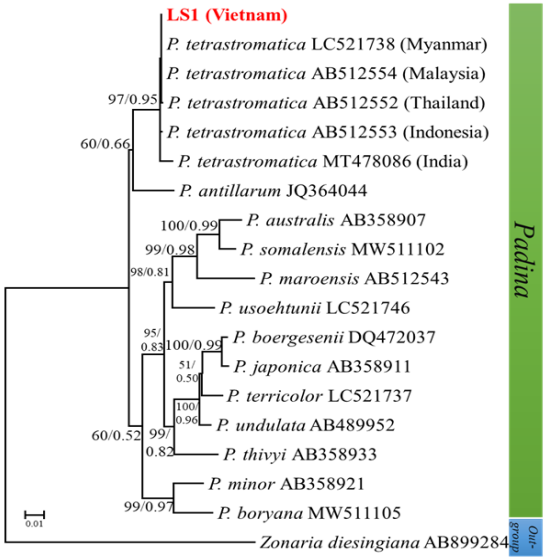
mức độ tương đồng với các trình tự có sẵn trên GenBank bằng công cụ BLAST. Kết quả cho thấy trình tự nucleotide của mẫu LS1 có độ tương đồng cao với các loài trong chi *Padina*. Gen *rbcL* là một chỉ thị phân tử quan trọng trong phân loại học nhờ tính bảo thủ cao nhưng vẫn đủ biến đổi để phân biệt giữa các loài gần gũi [40]. Phân tích BLAST không phát hiện bất kỳ sai khác nào giữa trình tự gen của mẫu LS1 và trình tự tham chiếu của loài *Padina tetrastromatica* trên GenBank (LC521738 và AB512554). Kết quả này cung cấp bằng chứng ban đầu cho thấy mẫu LS1 có thể thuộc loài *Padina tetrastromatica*, đồng thời khẳng định hiệu quả của phương pháp giải trình tự gen *rbcL* trong việc nhận diện loài. Chúng tôi tiếp tục sử dụng phương pháp dựng cây phát sinh chủng loại (phương pháp BI và ML) để làm rõ quan hệ phân loại của mẫu LS1.

Trình tự nucleotid vùng gen *rbcL* của mẫu LS1 được so sánh về khoảng cách di truyền với 14 loài khác trong cùng chi (dữ liệu từ GenBank). Sau khi loại bỏ các vị trí trống, kết quả phân tích cho thấy có 114/659 vị trí biến đổi (Variable) và 62/659 vị trí mang thông tin (Parsimony informative). Khoảng cách di truyền giữa các cặp loài trong chi *Padina* dao động từ 0,2% đến 7,4%, với giá trị trung bình là 4,5% (Bảng 1). Không có sự sai khác di truyền giữa mẫu LS1 (Việt Nam) với *P. tetrastromatica* LC521738 (Myanmar) và AB512554 (Malaysia). Ngoài ra, khoảng cách di truyền giữa LS1 với các loài *P. tetrastromatica* từ Thái Lan (AB512552), Indonesia (AB512553) và Ấn Độ (MT478086) lần lượt là 0,2%, 0,2% và 1,4%, tương ứng. Kết quả này cho thấy LS1 có quan hệ chặt chẽ với loài *P. tetrastromatica*, đồng thời cũng phản ánh mức độ biến đổi nhỏ của loài này tại các khu vực địa lý khác nhau. Khoảng cách di truyền giữa các loài trong chi *Padina* trong nghiên cứu này phù hợp với các công bố trước đó [2, 6, 19-23].

Bảng 1. Khoảng cách di truyền của mẫu *Padina* (LS1) với các loài trong chi *Padina* trên Genbank trên cơ sở phân tích trình tự nucleotide vùng gen *rbcL*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1. LS (Vietnam)	-																		
2. *P. tetrastromatica* LC521738 (Myanmar)	0,000	-																	
3. *P. tetrastromatica* AB512554 (Malaysia)	0,000	0,000	-																
4. *P. tetrastromatica* AB512552 (Thailand)	0,002	0,002	0,002	-															
5. *P. tetrastromatica* MT478086 (India)	0,014	0,014	0,014	0,015	-														
6. *P. tetrastromatica* AB512553 (Indonesia)	0,002	0,002	0,002	0,003	0,014	-													
7. *P. lata* LC521713	0,044	0,044	0,044	0,046	0,055	0,044	-												
8. *P. minor* AB358921	0,047	0,047	0,047	0,049	0,052	0,047	0,061	-											
9. *P. boryana* MW511105	0,050	0,050	0,050	0,052	0,053	0,050	0,056	0,027	-										
10. *P. maroensis* AB512543	0,056	0,056	0,056	0,058	0,067	0,056	0,062	0,074	0,070	-									
11. *P. australis* AB358907	0,050	0,050	0,050	0,052	0,058	0,050	0,070	0,068	0,065	0,036	-								
12. *P. somalensis* MW511102	0,050	0,050	0,050	0,052	0,058	0,050	0,067	0,066	0,067	0,034	0,013	-							
13. *P. boergesenii* DQ472037	0,052	0,052	0,052	0,053	0,061	0,052	0,052	0,059	0,059	0,052	0,055	0,055	-						
14. *P. thivyi* AB358933	0,044	0,044	0,044	0,046	0,055	0,044	0,056	0,059	0,061	0,056	0,050	0,053	0,044	-					
15. *P. usoehtunii* LC521746	0,056	0,056	0,056	0,058	0,067	0,056	0,064	0,064	0,062	0,055	0,049	0,050	0,049	0,050	-				
16. *P. terricolor* LC521737	0,050	0,050	0,050	0,052	0,061	0,050	0,056	0,070	0,067	0,052	0,052	0,056	0,024	0,044	0,049	-			
17. *P. undulata* AB489952	0,046	0,046	0,046	0,047	0,056	0,046	0,050	0,062	0,059	0,047	0,044	0,047	0,020	0,036	0,044	0,017	-		
18. *P. japonica* AB358911	0,050	0,050	0,050	0,052	0,059	0,050	0,053	0,061	0,058	0,050	0,053	0,053	0,005	0,042	0,047	0,023	0,021	-	
19. *P. antillarum* JQ364044	0,003	0,003	0,003	0,005	0,015	0,002	0,042	0,046	0,049	0,055	0,052	0,052	0,050	0,046	0,055	0,049	0,044	0,049	-

Để làm rõ vị trí phân loại của mẫu LS1, chúng tôi đã xây dựng sơ đồ quan hệ họ hàng với 14 loài thuộc chi *Padina* bằng hai phương pháp ML và BI (Hình 5). Kết quả cho thấy cả hai phương pháp đều đưa ra cùng một kết luận. Phân tích ML và BI tạo ra cây phát sinh chủng loại với thông số -lnL = 4352,3255 và 4373, tương ứng. Mẫu LS1 (Việt Nam) cùng với *P. tetrastromatica* có nguồn gốc từ Myanmar (LC521738), Malaysia (AB512554), Thái Lan (AB512552), Indonesia (AB512553) và Ấn Độ (MT478086) tạo thành một nhóm riêng có mức độ tương đồng di truyền cao (98,6 - 99,8%) với giá trị bootstrap MLBS = 95% và BPP = 97%. Kết quả này củng cố nhận định rằng mẫu LS1 có tên khoa học là *P. tetrastromatica*.



Hình 5. Mối quan hệ họ hàng của mẫu nghiên cứu (LS1) với các loài trong cùng chi lấy trên Genbank trên cơ sở phân tích trình tự nucleotide vùng gen *rbcL* bằng phương pháp BI và ML. Các số trên các nhánh tượng trưng cho sự hỗ trợ bootstrap (BPP/MLBS). Loài *Zonaria diesingiana* (AB899284) là loài ngoài nhóm.

Mã vạch DNA, mặc dù không còn là một kỹ thuật mới, đang dần được công nhận là tiêu chuẩn toàn cầu trong nhận dạng loài [41]. Tuy nhiên, để mã vạch DNA của thực vật có thể đạt được độ tin cậy cao và ứng dụng rộng rãi trong thực tế, vẫn cần nhiều nghiên cứu bổ sung. Về phân loại chi *Padina*, các nghiên cứu trước đây chủ yếu dựa trên trình tự gen lục lạp (*psbA, rbcL*) và gen ty thể (*cox3*) như các tiêu chuẩn tham chiếu, đồng thời kết hợp với các mã vạch DNA khác nhằm nâng cao độ chính xác của kết quả phân loại [2, 6, 19-23, 40]. Trong nghiên cứu này, chúng tôi nhận thấy rằng trình tự nucleotid của vùng gen *rbcL* có khả năng phân loại chính xác các loài *Padina* ngay cả khi mẫu vật chưa trưởng thành, đồng thời giúp phân biệt hiệu quả giữa các loài (Hình 5). Phát hiện này củng cố thêm bằng chứng từ các nghiên cứu trước đó [2, 6, 19-23, 40], vốn đã chỉ ra rằng *rbcL* là vùng gen tối ưu trong nhận diện các loài chi *Padina*. Tuy nhiên, một thách thức lớn trong phân loại chi *Padina* là sự tương đồng về hình thái giữa các loài, có thể dẫn đến những tranh cãi trong định danh loài [2]. Do đó, việc kết hợp chặt chẽ giữa phương pháp phân loại hình thái truyền thống và các công cụ sinh học phân tử là cần thiết để xác định chính xác tên loài cũng như làm sáng tỏ mối quan hệ di truyền trong chi này.

4. Kết luận

Nghiên cứu đã định danh mẫu rong biển chi *Padina* thu thập tại đảo Lý Sơn, Quảng Ngãi, bằng phân tích hình thái kết hợp phân tích trình tự gen *rbcL*, xác định mẫu LS1 là loài *Padina tetrastromatica* với độ tương đồng 100% so với

dữ liệu GenBank. Phân tích phát sinh chủng loại và khoảng cách di truyền củng cố kết quả định danh. Nghiên cứu khẳng định hiệu quả của phương pháp định danh loài bằng mã vạch DNA sử dụng gen *rbcL* trong phân loại học, đồng thời cung cấp cơ sở cho các nghiên cứu về đa dạng sinh học của chi *Padina*.

Tài liệu tham khảo

[1] A. A. Ansari, S. M. Ghanem, M. Naeem, Brown Alga *Padina*: A Review, Int. J. Bot. Stud, Vol. 4, No. 1, 2019, pp. 1-3.

[2] N. N. Win, T. Hanyuda, S. G. Draisma, P. E. Lim, S. M. Phang, H. Kawai, Taxonomy of the Genus *Padina* (Dictyotales, Phaeophyceae) based on Morphological and Molecular Evidences, with Key to Species Identification, in: Taxonomy of Southeast Asian Seaweeds II, University of Malaya Press, 2013, pp. 119-174.

[3] M. D. Guiry, G. M. Guiry, AlgaeBase, World-Wide Electronic Publication, National University of Ireland, Galway, 2025, https://www.algaebase.org/,2025 (accessed on: May 14th, 2025).

[4] N. V. Tu, L. N. Hau, Contribution to Study of Brown Algae Ochrophyta-Phaeophyceae from Vietnam, Proceedings of the 2012 Bien Dong Sea International Conference, Nha Trang, 2012, pp. 119-129.

[5] L. M. Nguyen, S. Akita, L. V. Cao, A. N. T. Mai, P. V. Quang, V. H. Manh, N. T. Duc, N. V. Xuan, N. V. Quan, C. Vieira, Concise Review of the Brown Algal Genus *Padina* (Dictyotaceae): Knowledge in Biodiversity, Biogeography, Potential and Scope Future Research for Vietnam, Vietnam J. Marine Sci. Tech, Vol. 24, No. 4, 2024, pp. 399-418, https://doi.org/10.15625/1859-3097/22126.

[6] H. T. T. Hue, V. D. Phong, N. T. B. Ngoc, N. T. T. Xuan, D. T. T. Trung, D. D. Tien, L. T. Thanh, Combining Morphological and Molecular Data to Identify *Padina* Seaweed Samples Collected from Hon Thom, Phu Quoc in Vietnam, Acad. J. Biol., Vol. 46, No. 2, , pp. 7-18, https:doi.org/10.15625/2615-9023/20583.

[7] C. Asma, M. Hiba, Z. Laurence, Evaluation of Brown Seaweed (*Padina pavonica*) as Biostimulant of Plant Growth and Development, Afr. J. Agric. Res., Vol. 8, No. 13, 2013, pp. 1155-1165, https:doi.org/10.5897/AJAR12.1346.

[8] A. P. Baliano, E. F. Pimentel, A. R. Buzin et al., Brown Seaweed *Padina gymnospora* is a Prominent Natural Wound-Care Product, Rev. Bras. Farmacogn., Vol. 26, 2016, pp. 714-719, https://doi.org/10.1016/j.bjp.2016.07.003.

[9] V. Ramkumar, A. Pugazhendhi, S. Prakash, N. K. Ahila, G. Vinoj, S. Selvam, G. Kumar, E. Kannapiran, R. B. Rajendran, Synthesis of Platinum Nanoparticles Using Seaweed *Padina gymnospora* and Their Catalytic Activity as PVP/PtNPs Nanocomposite Towards Biological Applications, Biomed. Pharmacother., Vol. 92, 2017, pp. 479-490, https:doi.org/ 10.1016/j.biopha.2017.05.076.

[10] H. B. Kang, J. Bak, H. K. Kim, Y. S. Choi, Safety Assessment of Ethanolic Extract of *Padina gymnospora* as a Cosmetic Ingredient, Asian J. Beauty Cosmetol., Vol. 19, No. 4, 2021, pp. 555-568, https:doi.org/10.20402/ajbc.2021.0214.

[11] H. S. Kalasariya, L. Pereira, N. B. Patel, Comprehensive Phytochemical Analysis and Bioactivity Evaluation of *Padina boergesenii*: Unveiling Its Prospects as a Promising Cosmetic Component, Mar. Drugs, Vol. 21, No. 7, 2023, pp. 385.

[12] K. Thiyagarasaiyar, C. K. Mahendra, B. H. Goh, L. T. Gew, Y. T. Yow, UVB Radiation Protective Effect of Brown Alga *Padina australis*: A Potential Cosmeceutical Application of Malaysian Seaweed, Cosmetics, Vol. 8, No. 3, 2021, pp. 58.

[13] N. N. Win, T. Hanyuda, S. Arai, M. Uchimura, A. Prathep, S. G. Draisma, S. M. Phang, I. A. Abbott, A. J. Millar, H. A. Kawai, A Taxonomic Study of the Genus *Padina* (Dictyotales, Phaeophyceae) Including the Descriptions of Four New Species from Japan, Hawaii, and the Andaman Sea, J. Phycol., Vol. 47, 2011, pp. 1193-1209, https://doi.org/10.1111/j.1529-8817.2011.01054.x.

[14] G. T. Kraft, G. W. Saunders, I. A. Abbott, R. J. Haroun, A Uniquely Calcified Brown Alga from Hawaii: Newhousia Imbricata Gen. Et Sp. Nov. (Dictyotales, Phaeophyceae), J. Phycol., Vol. 40, No. 2, 2004, pp. 383-394, https://doi.org/10.1111/j.1529-8817.2004.03115.x.

[15] R. Wattier, C. A. Maggs, Intraspecific Variation in Seaweeds: The Application of New Tools and Approaches, in Advances in Botanical Research, Vol. 35, Academic Press, 2001, pp. 171-212, https://doi.org/10.1016/S0065-2296(01)35007-3.

[16] N. T. T. Nga, D. T. Sy, T. P. T. Cao, Using MatK DNA Barcodes to Identify *Cleome viscosa L.* TNU J. Sci. Technol., Vol. 164, No. 04, Apr 2017, pp. 147-152.

[17] V. T. T. Thuy, N. T. T. Nga, H. P. Hiep, C. H. Mau, Using MatK DNA Barcodes to Identify

Species of Medicinal Plant *Paris poluphylla Sm*, TNU J. Sci. Technol., Vol. 161, No. 01, 2017, pp. 81-87.

[18] P. D. N. Hebert, A. Cywinska, S. L. Ball, J. R. deWaard, Biological Identifications Through DNA Barcodes, Proc. Biol. Sci., Vol. 270, No. 1512, 2003, pp. 313-321, https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218.

[19] T. Silberfeld, L. Bittner, C. F. García, C. Cruaud, F. Rousseau, B. de Reviers, F. Leliaert, C. E. Payri, O. De Clerck, Species Diversity, Phylogeny and Large Scale Biogeographic Patterns of the Genus *Padina* (Phaeophyceae, Dictyotales), J. Phycol., Vol. 49, No. 1, 2013, pp. 130-142, https://doi.org/10.1111/jpy.12027.

[20] S. D. Martínez, G. C. Zuccarello, G. A. S. Chávez, F. F. Pedroche, A. G. A. Ortiz, Species of *Padina* (Dictyotales, Phaeophyceae) in Tropical Mexican Waters Based on Molecular-Assisted Taxonomy, Phycologia, Vol. 55. No. 6, 2016, pp. 673-687, https://doi.org/10.2216/16-15.1.

[21] N. N. Win, Hanyuda, T. Kato, A. Shimabukuro, H. Uchimura, M. Kawai, H. Tokeshi, M, Global Diversity and Geographic Distributions of *Padina* Species (Dictyotales, Phaeophyceae): New Insights Based on Molecular and Morphological Analyses, J. Phycol., Vol. 57, No. 2, 2021, pp. 454-472, https://doi.org/10.1111/jpy.13076.

[22] N. N. Win, M. K. Wai, P. J. L. Geraldino, L. M. Liao, C. T. P. Aye, N. N. Mar, K. Hanyuda, H. Kawai, M. Tokeshi, Taxonomy and Species Diversity of *Padina* (Dictyotales, Phaeophyceae) from the Indo-Pacific with the Description of Two New Species, Eur. J. Phycol., Vol. 57, No. 1, 2022, pp. 1-17, https://doi.org/10.1080/09670262.2021.1883742.

[23] N. N. Win, T. Hanyuda, S. G. A. Draisma, E. Verheij, W. F. P. V. Reine, P. E. Lim, S. M. Phang, H. Kawai, Morphological and Molecular Evidence for Two New Species of *Padina* (Dictyotales, Phaeophyceae), *P. sulcata* and *P. calcarea*, from the Central Indo-Pacific Region, Phycologia, Vol. 51, 2012, pp. 576-58, https://doi.org/10.2216/11-94.1.

[24] State Committee for Science and Technology, Temporary Rules of Marine General Investigation (Seaweed Part). P. H. Sci. and Tech, Hanoi, 1981, pp. 205.

[25] S. English, W. Clive, V. Baker, Survey Manual for Tropical Marine Resources, https://portals.iucn.org/library/node/28196, 1997 (accessed on: May 07th, 2025).

[26] W. R. Taylor, Marine Algae of the Eastern Tropical and Subtropical Coasts of the Americas, The University of Michigan Press, Michigan, USA, 1960, pp. 870.

[27] H. H. Pham, Vietnam Seaweed (Southern Part), Learning Resource Center, Saigon, 1969, pp. 558.

[28] Tseng. C. K, Common Seaweeds of China, Science Press, Amsterdam and Berkely, Kugler Publications, Beijing, 1984, pp. 326.

[29] H. D. Nguyen, Q. N. Tran, N. B. Tran, V. T. Nguyen, Marine Macroalgae (in the Northern Vietnam), P. H. Sci. and Tech, Hanoi, 1993, pp. 364.

[30] D. T. Dam, Q. T. Tran, Q. L. Pham, Popular Macroalgae of Vietnam Marine Area and Valuable Applications, Natural Science and Technology Publishing, Hanoi, 2020, pp.366.

[31] D. T. Dam, Truong Sa Archipelago Macroalgae, Natural Science and Technology Publishing, Hanoi, 2021, pp. 296.

[32] G. S. Ramakrishnan, A. A. Fathima, M. Ramya, A Rapid and Efficient DNA Extraction Method Suitable for Marine Macroalgae, 3 Biotech, Vol. 7, No. 6, 2017, pp. 364, https://doi.org/10.1007/s13205-017-0992-2.

[33] Chromas Pro2.1.6 (Technelysium Pty Ltd, Helensvale, Queensland, Australia).

[34] T. A. Hall, BioEdit v7.0.5.2: a User-Friendly Biological Sequence Alignment Editor and Analysis Program for Windows 95/98/NT. Nucleic Acids Symp. Ser, Vol. 41, 1999, pp. 95-98.

[35] G. Jobb, Tree Finder Version of March 2011, Munich, Germany, 2011, https://www.treefinder.de/tf-march2011-manual.pdf (accessed on: April 25th, 2025).

[36] F. Ronquist, J. P. Huelsenbeck, MrBayes 3: Bayesian Phylogenetic Inference Under Mixed Models, Bioinformatics, Vol. 19, No. 12, 2003, pp. 1572-1574, https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg180.

[37] A. S. Tanabe, Kakusan4 and Aminosan: Two Programs for Comparing Nonpartitioned, Proportional and Separate Models for Combined Molecular Phylogenetic Analyses of Multilocus Sequence Data, Mol. Ecol. Resour., Vol. 11, No. 5, 2011, pp. 914-921, https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2011.03021.x.

[38] A. Rambaut, A. Drummond A, Tracer Version 1.5, 2009, http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer (accessed on: April 25th, 2025).

[39] K. Tamura, G. Stecher, S. Kumar, MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11, Mol. Biol. Evol., Vol. 38, No. 7, 2021, pp. 3022-3027, https://doi.org/10.1093/molbev/msab120.

[40] Freshwater, D. Wilson, J. Rueness, Phylogenetic Relationships of some European Gelidium (Gelidiales, Rhodophyta) Species, Based on RbcL Nucleotide Sequence Analysis, Phycologia., Vol. 33, No. 3, 1994, pp. 187-194, https://doi.org/10.2216/i0031-8884-33-3-187.1

[41] M. P. Pham, V. H. Tran, D. D. Vu, Q. K. Nguyen, S. N. M. Shah, Phylogenetics of Native Conifer Species in Vietnam Based on Two Chloroplast Gene Regions RbcL and MatK, Czech J. Genet, Plant Breed., Vol. 57, No. 2, 2021, pp. 58-66, https://doi.org/10.17221/88/2020-CJGPB.