

Cơ sở khoa học cho chọn giống Pơ Mu theo mục tiêu nâng cao sản lượng gỗ tại huyện Trạm Tấu, tỉnh Yên Bái

Hồ Hải Ninh¹, Đỗ Quang Trung¹, Nguyễn Thị Thơ¹, Vũ Ngọc Anh²

¹Đại học Lâm nghiệp, Xuân Mai, Chương Mỹ, Hà Nội, Việt Nam
²Cục Bảo vệ Thực Vật, 149 Hồ Đắc Di, Đống Đa, Hà Nội, Việt Nam

Nhận ngày 27 tháng 5 năm 2014

Chỉnh sửa ngày 18 tháng 9 năm 2014; Chấp nhận đăng ngày 19 tháng 11 năm 2014

Tóm tắt: Trên đối tượng quần thể Pơ mu trồng thuần loài, 18 tuổi tại huyện Trạm Tấu, tỉnh Yên Bái; kết quả nghiên cứu đã chỉ ra: theo các chỉ tiêu sinh trưởng chính (đường kính thân và chiều cao vút ngọn), quần thể Pơ mu ở các vị trí địa hình khác nhau (chân, sườn và đỉnh đồi) thuộc các tổng thể khác nhau, nên không có các cây trội chung với yêu cầu độ vượt chung cho cả quần thể điều tra. Cho cả hai chỉ tiêu đường kính thân và chiều cao vút ngọn ở cả 3 vị trí địa hình gây trồng, với tiêu chuẩn về độ vượt $X_{tb} + 2,5S$, đều có thể tuyển chọn được cây trội từ các cây trội dự tuyển của quần thể điều tra. Từ hệ số biến động theo các chỉ tiêu sinh trưởng đạt khá cao cho thấy quần thể Pơ mu nghiên cứu có sự phân hóa khá mạnh về kiểu hình theo các chỉ tiêu chọn lọc. Bằng 10 chỉ thị RAPD đã xác nhận quần thể nghiên cứu có sự đa dạng di truyền khá cao, khi hệ số tương đồng di truyền giữa 19 cá thể đại diện cho các mức biến dị sinh trưởng dao động từ 0,31 đến 0,86; và được phân thành 3 nhóm chính (theo sơ đồ hình cây) và 5 nhóm (theo biểu đồ 2 chiều) thể hiện mức độ phân hóa theo quan hệ di truyền. Bởi vậy, công tác chọn giống Pơ mu theo mục tiêu nâng cao sản lượng gỗ ở huyện Trạm Tấu, tỉnh Yên Bái sẽ mang lại hiệu quả khá cao.

Từ khóa: Cây trội, đa dạng di truyền, hệ số tương đồng di truyền, phân sai chọn lọc, Pơ mu, RAPD.

1. Đặt vấn đề

Pơ mu (*Fokienia hodginsii* (Dunn) A.Henry & H.H.Thomas) có vùng phân bố hẹp tại một số khu vực núi cao ở Việt Nam, Lào và Đông Nam Trung Quốc. Là loài cây gỗ lớn, thường xanh, thân thẳng, cao tới 25-35m, đường kính thân có thể đạt trên 1m, không có bạnh vè. Gỗ Pơ mu tốt, màu vàng nhạt, thớ thẳng và mịn,

nhẹ, có mùi thơm nhẹ, không bị mối mọt; thường được dùng để làm cầu, xây dựng, đóng đồ gia dụng, đặc biệt là các đồ mỹ nghệ. Hầu như toàn bộ các bộ phận ở cây Pơ mu đều có chứa tinh dầu. Tinh dầu Pơ mu có mùi thơm dễ chịu, được sử dụng làm chất định hương trong công nghệ hương liệu, hóa mỹ phẩm. Do có tác dụng sát trùng mạnh, tinh dầu Pơ mu còn được dùng làm thuốc xoa bóp, chữa sưng tấy và bệnh ngoài da (Lã Đình Mối *et al.*, 2002) [1].

Do gỗ có giá trị kinh tế cao nên trong nhiều năm liền Pơ mu đã bị khai thác để xuất khẩu với khối lượng rất lớn, làm suy giảm đáng kể

* Tác giả liên hệ. ĐT: 84 - 943835898
Email: honinhvf@gmail.com

nguồn gen đa dạng của loài trong tự nhiên, dẫn đến Pơ mu đã được đưa vào Sách đỏ Việt Nam (2007) [2]. Từ thực tế này, đi đôi với việc bảo tồn các khu rừng Pơ mu còn sót lại, chấm dứt hiện tượng khai thác, vận chuyển và buôn bán gỗ trái phép, nhiều địa phương đã có chủ trương đẩy mạnh trồng rừng Pơ mu nhằm bảo tồn nguồn gen hiện có của loài và tạo nguồn nguyên liệu lâm sản quý (gỗ và tinh dầu) cho nhu cầu tiêu thụ trong nước và xuất khẩu. Tuy nhiên, nguồn giống được các địa phương đưa vào trồng rừng đều là giống đại trà, chưa hề được cải thiện.

Để công tác chọn giống Pơ mu được triển khai một cách bài bản, đạt hiệu quả cao, có thể nói những nghiên cứu nhằm đề xuất cơ sở khoa học cho chọn giống là hết sức cần thiết.

2. Đối tượng và phương pháp nghiên cứu

2.1. *Đối tượng: Quần thể Pơ mu trồng thuần loài, 18 tuổi tại huyện Trạm Tấu, tỉnh Yên Bái.*

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Ngoại nghiệp

- Thu thập số liệu để nghiên cứu biến dị sinh trưởng của quần thể: được tiến hành trên 3 ô tiêu chuẩn (OTC) điển hình có diện tích 1000m² (40 × 25m), tại 3 vị trí địa hình gây trồng (chân, sườn và đỉnh đồi). Đường kính thân cây (D_{1,3}) được đo ở vị trí ngang ngực bằng thước kẹp kính, theo hai hướng Đông-Tây và Nam- Bắc, lấy giá trị bình quân; chiều cao vút ngọn (H_{vn}) được đo bằng thước Blumleiss;

- Thu thập số liệu để phân tích đa dạng di truyền

+ Mẫu lá được lấy từ các cá thể đại diện cho các nhóm cá thể thuộc các mức biến dị sinh

trường khác nhau của quần thể là đối tượng nghiên cứu;

+ Tách chiết và tinh sạch ADN tổng số từ các mẫu nghiên cứu: theo phương pháp CTAB của Doyle và cộng sự có cải tiến (Doyle *et al.*, 1987);

+ Thực hiện PCR các mẫu ADN tổng số với 10 môi RAPD: 1) OPB 10: CTG CTG GGA; 2) OPD 11: AGCGCCATTG; 3) OPD 20: ACCCGGTCAC; 4) RA31: AACCGACGGG; 5) RA 46: CCAGACCCTG; 6) RA 159: GTTCACACGG; 7) OPF 09: CCAAGCTTCC; 8) OPR 08: CCCGTT GCCT; 9) OPG 09: CTGACGTCAC; 10) OPG 13: CTCTCC GCCA. Tổng cộng 40 chu kỳ phản ứng.

+ Điện di sản phẩm của phản ứng PCR: được thực hiện trên gel agarose 1,2 % với máy điện di Msmidi (Cleaver Scientific) trong 120 phút. Sản phẩm điện di được quan sát dưới ánh sáng tử ngoại của máy soi ADN, được chụp ảnh bằng hệ thống chụp ảnh CLS (Microdoc Cleaver Scientific LTD, Hoa Kỳ).

2.2.2. Nội nghiệp

- Nghiên cứu biến dị của quần thể

+ Số liệu điều tra được xử lý bằng phần mềm Excel 2010;

+ Kiểm tra thuần nhất về các chỉ tiêu sinh trưởng giữa các mẫu điều tra: bằng tiêu chuẩn U của phân bố chuẩn tiêu chuẩn;

- Phân tích đa dạng di truyền quần thể: các băng ADN được ghi nhận dựa trên sự có mặt hay vắng mặt của chúng ở các mẫu nghiên cứu theo ADN marker. Khi một băng ADN (có kích thước cụ thể) xuất hiện ở mẫu i, nhưng không xuất hiện ở mẫu j, hoặc đồng thời xuất hiện ở cả i và j, nhưng không xuất hiện ở các mẫu khác thì được gọi là băng đa hình. Ngược lại, nếu băng ADN xuất hiện ở tất cả các mẫu nghiên cứu thì được gọi là băng đơn hình.

Các bảng được mã hóa bằng các số tự nhiên 0 và 1; mẫu có băng đa hình được ký hiệu là 1, còn không có được ký hiệu là 0. Số liệu được xử lý bằng phần mềm Excel 2007, theo chương trình NTSYS pc version 2.02 để tính ma trận tương đồng giữa các đôi mẫu. Ma trận tương đồng được tính theo công thức:

$$J_{ij} = a/(n - d)$$

a: số băng ADN có ở hai mẫu i và j;

d: số băng ADN chỉ có ở mẫu i hoặc mẫu j;

n: tổng số băng thu được;

J_{ij} : hệ số tương đồng Jaccard giữa hai mẫu i và j.

Số liệu được xử lý tiếp trong NTSYS - SIMQUAL để tính hệ số tương đồng di truyền và được biểu hiện trên biểu đồ thể hiện quan hệ di truyền giữa các cá thể của quần thể nghiên cứu.

3. Kết quả nghiên cứu và thảo luận

3.1. Đặc điểm biến dị sinh trưởng của quần thể

Nghiên cứu được thực hiện tại 3 OTC đại diện cho các vị trí gây trồng (đỉnh, sườn và

chân đồi). Trước khi đánh giá đặc điểm biến dị sinh trưởng của quần thể, tiến hành kiểm tra thuần nhất về các chỉ tiêu nghiên cứu giữa các mẫu điều tra. Kết quả kiểm tra cho thấy: sinh trưởng chiều cao vút ngọn và đường kính thân của Pơ mu trồng ở các vị trí địa hình khác nhau là hoàn toàn không thuần nhất với nhau, khi giá trị $U_{tính}$ đều lớn hơn 1,96. Trên cơ sở đó cho phép đưa ra các nhận xét:

- Nhân tố địa hình tại khu vực nghiên cứu có ảnh hưởng rõ rệt đến sinh trưởng của Pơ mu tại rừng trồng thuần loài ở thời điểm 18 tuổi;

- Theo các chỉ tiêu sinh trưởng chính (chiều cao vút ngọn và đường kính thân), các mẫu điều tra thuộc các tổng thể riêng biệt. Như vậy:

+ Đặc điểm biến dị của quần thể theo các chỉ tiêu sinh trưởng chính phải được đánh giá riêng rẽ cho từng vị trí địa hình gây trồng;

+ Không có các cây trội chung cho cả lâm phần (quần thể) điều tra. Ở mỗi vị trí địa hình gây trồng (chân, sườn và đỉnh đồi) sẽ có các cây trội riêng, với độ vượt riêng. Vì thế, hoạt động tuyển chọn cây trội cần phải được thực hiện riêng rẽ cho từng vị trí địa hình cụ thể.

Bảng 3.1. Sinh trưởng của quần thể Pơ mu trồng thuần loài, 18 tuổi tại huyện Trạm Tấu, tỉnh Yên Bái

Vị trí	Chỉ tiêu	n	X_{tb}	X_{min}	X_{max}	S	S%	$U_{tính}$
Đỉnh đồi	$D_{1.3}$ (cm)	47	19,95	10,25	28,54	4,31	21,59	$U_{1.2} = 2,12$
	H_{vn} (m)		10,91	6,15	15,00	1,88	17,24	$U_{1.2} = 7,18$
Sườn đồi	$D_{1.3}$ (cm)	48	20,81	14,52	29,43	3,47	16,65	$U_{1.3} = 2,05$
	H_{vn} (m)		13,05	7,80	18,00	2,36	18,06	$U_{1.3} = 4,20$
Chân đồi	$D_{1.3}$ (cm)	52	19,09	9,98	26,32	4,23	22,64	$U_{2.3} = 4,35$
	H_{vn} (m)		12,12	6,15	18,75	2,24	18,52	$U_{2.3} = 3,08$

- Về mức độ biến dị sinh trưởng của quần thể

+ Theo đường kính thân: hệ số biến động của quần thể không tuân theo quy luật tương

ứng với vị trí địa hình gây trồng; cao nhất ở chân đồi (22,64%), sau đến ở đỉnh đồi (21,59%) và thấp nhất ở sườn đồi (16,65%). Ngoại trừ ở vị trí sườn đồi có hệ biến động khá thấp, có lẽ

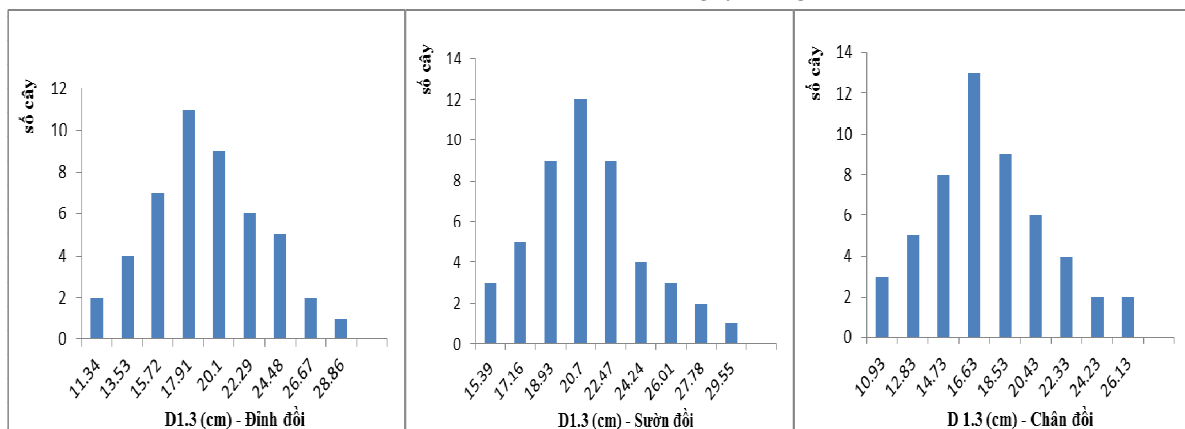
do ảnh hưởng bởi các nhân tố khách quan, có thể nói quần thể Pơ mu trồng tại địa điểm nghiên cứu có sự phân hóa khá lớn theo đường kính thân giữa các cá thể. Hơn nữa, ở đỉnh đồi và chân đồi, khi mà giá trị trung bình đường kính thân của quần thể đều thấp hơn so với sườn đồi, song lại có hệ số biến động cao hơn, càng chứng tỏ ở đỉnh đồi và chân đồi quần thể Pơ mu có mức độ phân hóa cao hơn nhiều so với sườn đồi. Mức độ phân hóa giữa các cá thể trong cùng một quần thể càng lớn sẽ dẫn đến phân sai chọn lọc càng lớn, đồng nghĩa với việc nguồn vật liệu giống thu nhận từ các cá thể được tuyển chọn sẽ cho tăng thu di truyền trong hoạt động sản xuất càng lớn.

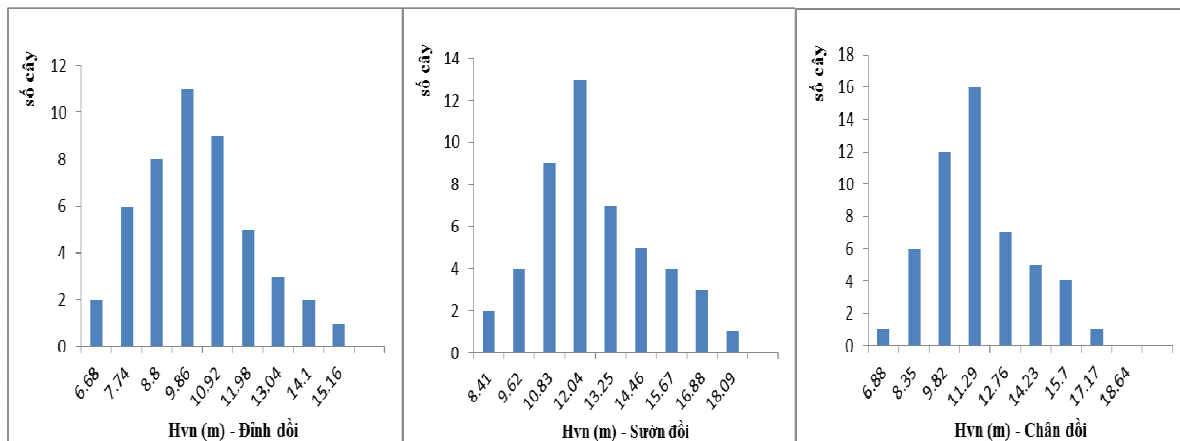
+ Theo chỉ tiêu chiều cao vút ngọn: hệ số biến động của quần thể cao nhất ở vị trí chân đồi (18,52%), tiếp đến là ở sườn đồi (18,06%), thấp nhất là ở đỉnh đồi (17,24%). Có thể nói hệ số biến động theo chiều cao vút ngọn của quần thể là rất lớn và tuân theo quy luật khá chặt chẽ tương ứng với vị trí địa hình gây trồng. Tuy nhiên, khác với đường kính thân, mức độ chênh lệch về hệ số biến động theo chiều cao giữa các vị trí địa hình gây trồng là không đáng kể. Kết quả nghiên cứu này cho thấy quần thể Pơ mu gây trồng tại huyện Trạm Tấu, tỉnh Yên Bái có sự phân hóa theo chiều cao rất lớn, công tác chọn giống theo mục tiêu nâng cao sản lượng gỗ được sẽ mang lại hiệu quả rất cao.

- Về tính chất biến dị sinh trưởng của quần thể

Theo nguyên tắc chọn lọc cây trội, cây trội phải đạt độ vượt cần thiết (theo chỉ tiêu chọn lọc) so với trị trung bình của quần thể, trong đó cây trội nào có độ vượt càng cao thì càng có giá trị. Theo Lê Đình Khả và Dương Mộng Hùng (2003) [3], tiêu chuẩn chung của cây trội là phải có độ vượt đạt $1,5 \div 3,0 S$ (độ lệch chuẩn) so với trị trung bình của quần thể. Trong giới hạn $1,5 \div 3,0 S$, độ vượt cao hay thấp phụ thuộc chặt chẽ vào dạng phân bố số cây theo chỉ tiêu chọn lọc của quần thể; tức phụ thuộc vào loài cây, tuổi và lập địa của quần thể là đối tượng tuyển chọn cây trội. Vì vậy, để có cơ sở xác định độ vượt hợp lý làm căn cứ cho hoạt động đánh giá cây trội, trước hết cần biết được dạng phân bố số cây theo chỉ tiêu chọn lọc của quần thể.

Kết quả nghiên cứu cho thấy, phân bố thực nghiệm số cây theo chỉ tiêu đường kính thân và chiều cao vút ngọn ở cả 3 vị trí địa hình gây trồng đều có dạng hơi lệch trái, nên để chọn được cây trội từ quần thể điều tra với cường độ chọn lọc hợp lý cần ấn định độ vượt cho các cây trội ở ngưỡng cao trong giới hạn $1,5 \div 3,0 S$. Cụ thể, để chọn được một số lượng cây trội Pơ mu cần thiết tại quần thể nghiên cứu phục vụ cho các hoạt động cải thiện giống, cần ấn định ngưỡng đánh giá cây trội cho cả đường kính thân và chiều cao vút ngọn ở cả 3 vị trí địa hình gây trồng là $X_{tb} + 2,5S$.





Hình 3.1. Phân bố thực nghiệm số cây theo $D_{1,3}$ và H_{vn} của quần thể.

3.2. Phân tích đa dạng di truyền quần thể *Pơ mu*

- **Kết quả tách chiết ADN**

ADN tổng số được tách chiết từ mẫu lá của 19 cá thể *Pơ mu* đại diện cho các mức biến dị sinh trưởng khác nhau. Sản phẩm ADN tách chiết được kiểm tra bằng điện di, kết quả cho thấy: các băng ADN tổng số trên ảnh điện di đều gọn, rõ nét, không dính giềng, không xuất hiện vệt sáng kéo dài ở phía dưới. Chứng tỏ ADN tổng số của các mẫu *Pơ mu* sau khi tách chiết có độ nguyên vẹn và tinh sạch cao, đủ điều kiện để thực hiện phản ứng PCR- RAPD.

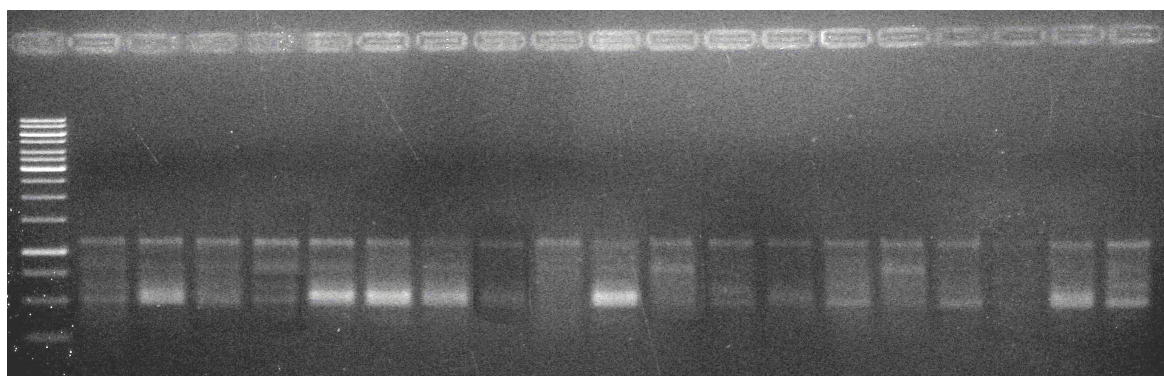
Để xác định chính xác hơn nồng độ và độ tinh sạch của dung dịch ADN, tiến hành đo

nồng độ ADN trên máy đo quang phổ Nano Drop. Kết quả thu được cho thấy các mẫu ADN đều có độ sạch ($A_{260/280}$) nằm trong giới hạn $1,8 \div 2,0$; chứng tỏ ADN của các mẫu đều rất tinh sạch.

- **Mối quan hệ di truyền giữa các cá thể *Pơ mu***

Vì nồng độ ADN ảnh hưởng rất lớn đến sự đa hình của các mẫu, nên sau khi xác định hàm lượng ADN của các mẫu được tách chiết, tiến hành pha loãng đến nồng độ thích hợp (100 ng/ul) để thực hiện phản ứng PCR. Phản ứng được thực hiện với 10 mỗi RAPD.

+ **Phản ứng PCR- RAPD với mỗi OPB 10**

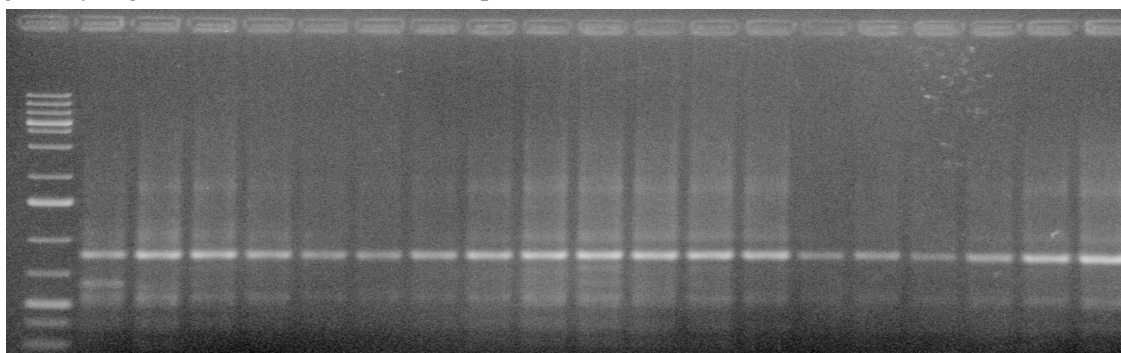


Hình 3.2. Sản phẩm PCR của 19 mẫu *Pơ mu* với mỗi OPB 10 (M: marker, giếng 1 ÷ 19 : các mẫu có số thứ tự 1 ÷ 19)

Sau khi hoàn thành phản ứng PCR, sản phẩm được điện di trên gel agarose 1,8% để phân tích đa hình ADN của các mẫu. Kết quả điện di sản phẩm PCR- RAPD của 19 mẫu với môi OPB 10 (Hình 3.2) cho thấy: sản phẩm nhân ADN có kích thước nằm trong khoảng 0,5 ÷ 1,1 kb; có tổng số 56 băng xuất hiện, tất cả đều là băng đa hình. Từ kết quả này cho phép kết luận: sử dụng môi OPB 10 để đánh giá đa dạng di truyền giữa các mẫu Pơ mu là rất hiệu quả.

+ Phản ứng PCR- RAPD với môi OPD 11

Tiếp tục thực hiện phản ứng PCR cho 19 mẫu Pơ mu với môi OPD 11 và kiểm tra sản phẩm của phản ứng. Kết quả (Hình 3.3) cho thấy các băng ADN có kích thước phân bố trong khoảng 0,2 ÷ 2,0 kb; trong 71 băng xuất hiện có 33 băng đa hình (tỷ lệ 46,5%). Như vậy, có thể sử dụng môi OPD 11 để đánh giá đa dạng di truyền giữa các mẫu Pơ mu.



Hình 3.3. Sản phẩm PCR của 19 mẫu Pơ mu với môi OPD 11 (M :marker, giếng 1 ÷ 19 : các mẫu có số thứ tự 1 ÷ 19)

- Đa hình ADN của 19 mẫu Pơ mu với 10 môi RAPD

Bảng 3.3. Sản phẩm PCR của 19 mẫu Pơ mu với 10 môi RAPD

STT	Tên môi	Số băng quan sát được	Băng đa hình		Giá trị PIC
			Số lượng	Tỷ lệ (%)	
1	RA 46	30	30	100	0,60
2	RA31	54	35	64,8	0,66
3	RA 159	27	27	100	0,65
4	OPB 10	56	56	100	0,74
5	OPD 20	21	21	100	0,30
6	OPD 11	71	33	46,5	0,77
7	OPF 09	72	53	73,6	0,79
8	OPG 09	30	30	100	0,58
9	OPG 13	42	42	100	0,55
10	OPR 08	42	42	100	0,68
Tổng		445	369	88,5	6,32
Trung bình					0,63

Tổng hợp các băng ADN thu được trên hình ảnh điện di sản phẩm PCR của 19 mẫu Pơ mu với 10 mỗi RAPD và sử dụng phần mềm PIC calculator cho kết quả được trình bày ở Bảng 3.3. Số liệu Bảng 3.3 cho thấy, trong tổng số 445 băng thu được có 369 băng đa hình (82,9%), chỉ có 76 băng đơn hình (17,1%). Mỗi OPF 09 nhận được nhiều băng nhất (72 băng), mỗi OPD 20 nhận được ít băng nhất (21 băng). Có 7 môi cho tỷ lệ băng đa hình 100% (RA20, RA159, OPB10, OPD20, OPG09, OPG13 và OPG08); 2 môi cho tỷ lệ băng đa hình lớn hơn 50% (RA31 và OPF 09); mỗi OPD11 cho tỷ lệ băng đa hình thấp nhất (46,5%). Khi xem xét

theo giá trị PIC nhận thấy, có 9 trong 10 môi có giá trị lớn hơn 0,50; dao động từ 0,55 (môi OPG 13) đến 0,79 (môi OPF 09); chỉ duy nhất 1 môi (OPD 20) có giá trị bằng 0,30; giá trị PIC trung bình của 10 môi là 0,63. Với các kết quả nghiên cứu này có thể kết luận, 10 môi RAPD lựa chọn sử dụng có hiệu quả rất cao trong việc đánh giá đa dạng di truyền ở loài Pơ mu.

+ Quan hệ di truyền giữa các cá thể Pơ mu

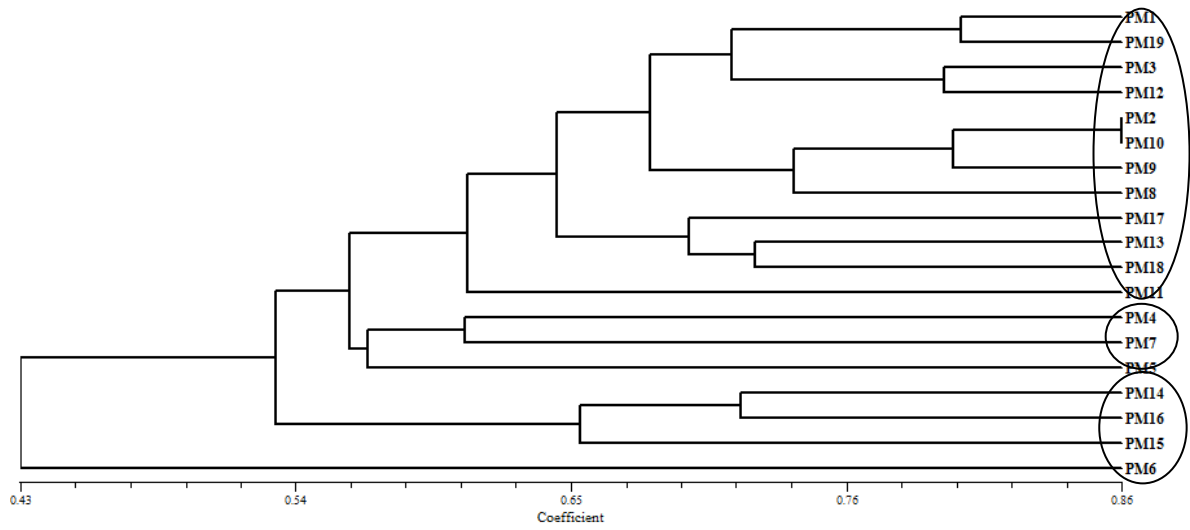
Số liệu thu được từ kết quả PCR- RAPD được xử lý để xác định khoảng cách di truyền giữa các cá thể Pơ mu thông qua hệ số tương đồng di truyền và sơ đồ hình cây.

Bảng 3.4. Hệ số tương đồng di truyền giữa 19 cá thể Pơ mu

Row\Col	PM1	PM2	PM3	PM4	PM5	PM6	PM7	PM8	PM9	PM10	PM11	PM12	PM13	PM14	PM15	PM16	PM17	PM18	PM19	
PM1	1.000000																			
PM2	0.7096774	1.000000																		
PM3	0.6976000	0.7096774	1.000000																	
PM4	0.588235	0.6774194	0.7096774	1.000000																
PM5	0.5428571	0.6060606	0.5428571	0.6060606	1.000000															
PM6	0.3055556	0.4375000	0.4244244	0.3938994	0.5666667	1.000000														
PM7	0.483710	0.6071429	0.5862069	0.6071429	0.5333333	0.5000000	1.000000													
PM8	0.5626000	0.5149149	0.6666667	0.6333333	0.6129032	0.4827886	0.6800000	1.000000												
PM9	0.6562500	0.7931034	0.7096774	0.5767676	0.558235	0.4975000	0.5517241	0.696552	1.000000											
PM10	0.7187500	0.5620690	0.6666667	0.6363636	0.6176471	0.4645455	0.5666667	0.7000000	0.8000000	1.000000										
PM11	0.6250000	0.5937500	0.6774194	0.5937500	0.5294118	0.3696864	0.4666667	0.5483871	0.6451613	0.6060606	1.000000									
PM12	0.6774194	0.6461613	0.7931034	0.5937500	0.6200000	0.4516129	0.4666667	0.651724	0.7000000	0.6562500	0.6666667	1.000000								
PM13	0.6333333	0.6551724	0.699552	0.5483871	0.4948485	0.3548387	0.4642857	0.6666667	0.7777778	0.6129032	0.6206897	0.7407407	1.000000							
PM14	0.4193549	0.5357143	0.5172414	0.4927596	0.5172414	0.606957	0.5652174	0.4827596	0.5000000	0.4000000	0.5555556	0.5000000	1.000000							
PM15	0.5161290	0.6428571	0.5666667	0.5862069	0.6666667	0.4285714	0.5600000	0.597143	0.6862069	0.5483871	0.5000000	0.5517241	0.6153846	0.608957	1.000000					
PM16	0.493710	0.5000000	0.5333333	0.6071429	0.5333333	0.4444444	0.5200000	0.4482759	0.5000000	0.5161290	0.4193549	0.5714286	0.5769231	0.7142857	0.6956522	1.000000				
PM17	0.6206897	0.6428571	0.6206897	0.5333333	0.6666667	0.3793103	0.4444444	0.5928926	0.6428571	0.6551724	0.6000000	0.7307692	0.6800000	0.5416667	0.6666667	0.5600000	1.000000			
PM18	0.6000000	0.6206897	0.6000000	0.5666667	0.5483871	0.4137931	0.4285714	0.5714286	0.6206897	0.5806452	0.5862069	0.6428571	0.7200000	0.6200000	0.6400000	0.6000000	0.7093333	1.000000		
PM19	0.8000000	0.7666667	0.8000000	0.6060606	0.5000000	0.3823529	0.5333333	0.6666667	0.6662500	0.7187500	0.6250000	0.6774194	0.6938333	0.5172414	0.5161290	0.5333333	0.6206897	0.6551724	1.000000	

Quan sát Bảng 3.4 thể hiện hệ số tương đồng di truyền giữa 19 cá thể Pơ mu đại diện cho các nhóm cá thể thuộc các mức biến dị sinh trưởng khác nhau có thể nhận thấy: 19 cá thể Pơ mu có hệ số tương đồng di truyền nằm trong khoảng 0,31 ÷ 0,86; trong đó phần lớn trong khoảng 0,50 ÷ 0,70. Hai cá thể có hệ số tương đồng cao nhất là PM 2 và PM 10 (r = 0,86). Hai cá thể có hệ số tương đồng thấp nhất là PM 1 và PM 6 (r = 0,31). Kết quả nghiên cứu này có vẻ không phù hợp với công bố của Vũ Thị Thu

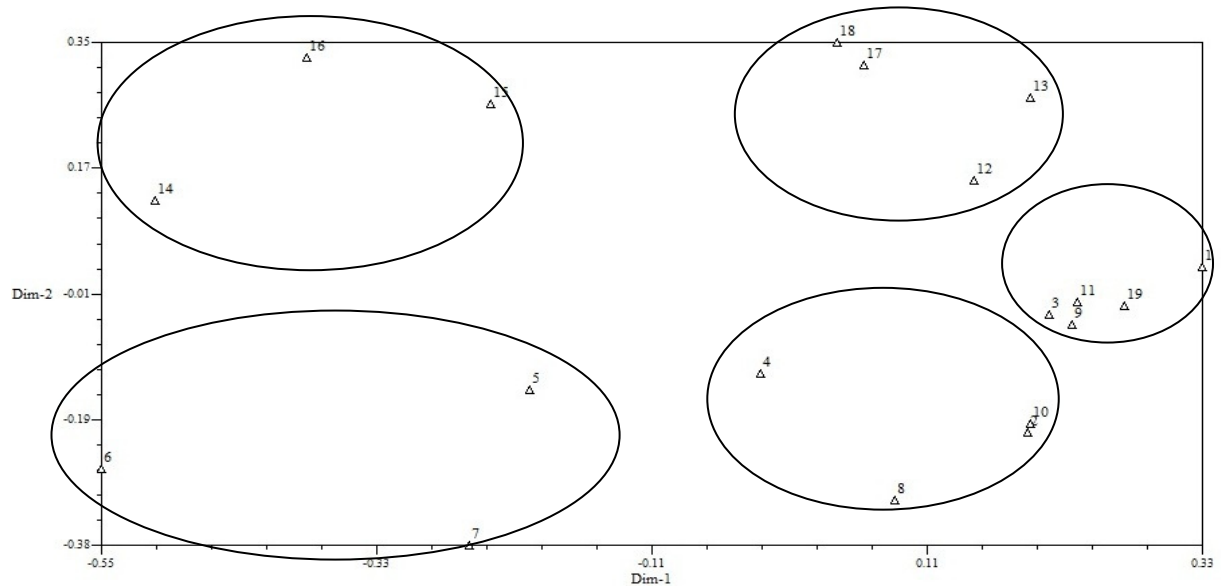
Hiền *et al.*(2009) [4] về kết quả phân tích mối quan hệ di truyền bằng chỉ thị RAPD giữa 25 mẫu Pơ mu thu thập từ các địa phương khác nhau (có hệ số tương đồng di truyền rất cao, từ 0,80 đến 1,0; trong đó các mẫu cùng nguồn gốc địa lý có hệ số cao hơn so với các mẫu khác nguồn gốc địa lý). Tuy nhiên ở loài Lim xanh, bằng chỉ thị RAPD, Quách Thị Liên *et al.*(2004) [5] lại cho thấy tất cả 9 mẫu nghiên cứu thu thập từ các địa phương khác nhau có hệ số tương đồng di truyền rất thấp (nhỏ hơn 0,50).



Hình 3.4. Sơ đồ hình cây thể hiện quan hệ di truyền giữa 19 cá thể Pơ mu.

Theo sơ đồ hình cây thể hiện quan hệ di truyền có thể nhận thấy, 19 cá thể Pơ mu lấy mẫu nghiên cứu được chia thành 3 nhóm chính: Nhóm 1 gồm 12 cá thể, được chia thành 3 nhóm phụ là 1a (gồm các cá thể PM 1, PM 19, PM 3,

và PM 12); 1b (gồm các cá thể PM 2, PM 10, PM 9, và PM 8); và 1c (gồm các cá thể PM 17, PM 13, PM 18, và PM 11). Nhóm 2 gồm các cá thể PM4, PM 7, và PM 5. Nhóm 3 gồm các cá thể PM 14, PM 16, PM 15, và PM 6.



Hình 3.5. Biểu đồ 2 chiều thể hiện quan hệ di truyền giữa 19 cá thể Pơ mu.

Số liệu thu được từ kết quả PCR- RAPD được tiếp tục xử lý và phân tích trong chương trình NTSYS pc version 2.2 để xây dựng biểu đồ 2 chiều thể hiện mức độ phân nhóm theo quan hệ di truyền giữa các cá thể Pơ mu nghiên cứu. Theo biểu đồ 2 chiều này, 19 cá thể Pơ mu lại được chia thành 5 nhóm, trong đó các cá thể đứng cạnh nhau cả về 2 chiều so sánh sẽ có quan hệ di truyền gần nhau (cùng nhóm) và ngược lại (khác nhóm).

Trên cơ sở phân tích hệ số tương đồng di truyền và mức độ phân nhóm của 19 cá thể đại diện cho các nhóm cá thể thuộc các mức biến dị sinh trưởng khác nhau có thể kết luận: quần thể Pơ mu trồng thuần loài tại huyện Trạm Tấu, tỉnh Yên Bái có mức độ đa dạng di truyền khá cao, có sự phân hóa về di truyền khá rõ rệt. Như vậy, mức độ phân hóa về kiểu hình của quần thể theo các tính trạng là chỉ tiêu chọn giống là có cơ sở di truyền. Công tác chọn giống thực hiện tại quần thể Pơ mu này nói riêng, cũng như ở loài Pơ mu nói chung, sẽ mang lại hiệu quả cao.

4. KẾT LUẬN

- Quần thể Pơ mu trồng thuần loài, 18 tuổi tại huyện Trạm Tấu, tỉnh Yên Bái là đối tượng rất triển vọng cho hoạt động tuyển chọn cây trội theo mục tiêu nâng cao sản lượng gỗ, do có mức độ phân hóa về sinh trưởng khá lớn;

- Công tác tuyển chọn cây trội ở quần thể điều tra phải được tiến hành riêng rẽ cho từng vị trí địa hình gây trồng (chân, sườn và đỉnh đồi). Cho cả hai chỉ tiêu đường kính thân và chiều cao vút ngọn ở cả 3 vị trí địa hình gây

trồng, với ngưỡng đánh giá cây trội $X_{tb} + 2,5S$ đều có thể tuyển chọn được cây trội từ các cây trội dự tuyển.

- Các môi RAPD lựa chọn đều có thể dùng để đánh giá đa dạng di truyền ở loài Pơ mu, trong đó các môi OPF 09, OPD 11 và OPB 10 có hiệu quả cao hơn;

- Mức độ phân hóa về kiểu hình của quần thể theo các tính trạng là chỉ tiêu chọn giống đã được kiểm chứng trên cơ sở phân tích đa dạng di truyền của quần thể. Kết quả phân tích cho thấy, Pơ mu có mức độ đa dạng di truyền trong loài khá cao, phân hóa về di truyền khá rõ rệt.

Tài liệu tham khảo

- [1] Lã Đình Mối, Lưu Đàm Cư, Trần Minh Hợi, Trần Huy Thái, Ninh Khắc Bản (2002). Tài nguyên thực vật có tinh dầu ở Việt Nam, Tập 2. NXB Nông nghiệp, Hà Nội, 288-293.
- [2] Bộ Khoa học và Công nghệ; Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam (2007). Sách đỏ Việt Nam, Phần II, Thực vật, mục 403, NXB Khoa học Tự nhiên và Công nghệ, Hà Nội, 501- 502.
- [3] Lê Đình Khả, Dương Mộng Hùng (2003). Giống cây rừng. Giáo trình Đại học Lâm nghiệp, NXB Nông nghiệp, Hà Nội, 121-126.
- [4] Vũ Thị Thu Hiền, Đinh Thị Phòng, Phí Hồng Hải, La Ánh Dương (2009). Phân tích mối quan hệ di truyền giữa các xuất xứ Pơ mu (*Fokienia hodginsii*) bằng chỉ thị RAPD và ADN lục lạp. Tạp chí Nông nghiệp & PTNT, số 12/2009, 195-201.
- [5] Quách Thị Liên, Nguyễn Đức Thành, Nguyễn Hoàng Nghĩa (2004). Sử dụng các chỉ thị RAPD và ADN lục lạp trong nghiên cứu quan hệ di truyền của một số xuất xứ Lim xanh (*Erythrophleum fordii* Oliv.). Kỷ yếu Hội nghị toàn quốc “Những vấn đề nghiên cứu cơ bản trong khoa học sự sống”, NXB KH & KT, Hà Nội, 464-468.

Scientific Basis for *Fokienia Hoginsii* (Dunn) A. Henry & H.H. Thomas Breed Selection to Improve Wood Yield in Trạm Tấu District, Yên Bái Province

Hồ Hải Ninh¹, Đỗ Quang Trung¹, Nguyễn Thị Thơ¹, Vũ Ngọc Anh²

¹Vietnam Forestry University, Xuân Mai, Chương Mỹ, Hanoi, Vietnam

²Plant Protection Department, 149 Hồ Đắc Di, Đống Đa, Hanoi, Vietnam

Abstract: We carried out the research on the target populations of 18-year-old monoculture *fokienia hoginsii* in Trạm Tấu district, Yên Bái province. The results showed that the main growth indicators (tree height and DBH) of *fokienia hoginsii* varied by sites (foot, middle and top of the hill). Therefore, dominant trees should be selected by sites. Dominant tree can be selected using index: $\bar{X} + 2,5S$ for all three types of sites. The high variation coefficient shows that the variation of selected index in *fokienia hoginsii* population is significant. By using 10 RAPD markers, the study showed that the population had a relatively high genetic diversity, the genetic similarity coefficients among 19 individuals representing growth rates ranged from 0.305 to 0.86, being classified into three main groups (under the phylogenic tree) and 5 groups (by 2-D charts). Therefore, this paper will provide preliminary data about the relationship between the altitude and genetic coefficient that is very useful for selecting *Fokienia hoginsii* breeds for improving wood production in future.

Keywords: Fokienia, genetic diversity, genetic similar coefficient, plus tree, RAPD, selection differential.