

Evaluation of genetic diversity of mango (*Mangifera indica* L.) collected from Ba Den mountain, Tay Ninh province based on Simple Sequence Repeats markers

Anh T. Tran¹, Phong D. Tran¹, & Toan D. Pham^{1,2*}

¹Faculty of Biological Sciences, Nong Lam University, Ho Chi Minh City, Vietnam

²Research Institute of Biotechnology and Environment, Nong Lam University, Ho Chi Minh City, Vietnam

ARTICLE INFO

Research Paper

Received: May 13, 2024

Revised: July 19, 2024

Accepted: August 30, 2024

Keywords

Genetic diversity

Mangifera indica L.

Mango

Molecular markers

SSR

*Corresponding author

Pham Duc Toan

Email:

phamductoan@hcmuaf.edu.vn

ABSTRACT

Mango (*Mangifera indica* L.) is a perennial fruit tree and belongs to the Anacardiaceae family. In the Ba Den Mountain area of Tay Ninh province, the ancient mango trees are intercropped with other plants in an area of about 530 ha. The objective of this study was to evaluate the genetic diversity of mango trees collected from the Ba Den mountain in Tay Ninh province based on Simple Sequence Repeats (SSR) markers for the conservation of genetic resources. A total of 9 SSR markers were used to evaluate the genetic diversity of 30 mango cultivars. The results displayed a total of 21 amplified fragments, averaging 2.33 fragments per primer. Of these, 20 out of 21 fragments were polymorphism, resulting in a polymorphic percentage of 94.4%. Molecular sizes ranged from 200 bp to 330 bp. Cluster analysis revealed high genetic diversity among the 30 mango samples, with genetic polymorphism levels ranging from 0 to 0.43 and an average genetic polymorphic distance of 0.29. The dendrogram was divided into 3 main groups, in which group I consisted of 18 mango samples, group II included 7 samples and group III comprised 5 samples. The results achieved could be useful information in assessing genetic diversity for genetic conservation and developing mango varieties in the future.

Cited as: Tran, A. T., Tran, P. D., & Pham T. D. (2025). Evaluation of genetic diversity of mango (*Mangifera indica* L.) collected from Ba Den mountain, Tay Ninh province based on Simple Sequence Repeats markers. *The Journal of Agriculture and Development* 24(5), 73-83.

Đánh giá đa dạng di truyền cây xoài (*Mangifera indica* L.) được thu thập từ khu vực núi Bà Đen, tỉnh Tây Ninh dựa trên chỉ thị sinh học phân tử SSR (Simple Sequence Repeats)

Trần Tú Anh¹, Trần Đình Phong¹ & Phạm Đức Toàn^{1,2*}

¹Khoa Khoa Học Sinh Học, Trường Đại Học Nông Lâm TP.HCM, TP. Hồ Chí Minh

²Viện Nghiên Cứu Công Nghệ Sinh Học và Môi Trường, Trường Đại Học Nông Lâm TP.HCM, TP. Hồ Chí Minh

THÔNG TIN BÀI BÁO

Bài báo khoa học

Ngày nhận: 13/05/2024

Ngày chỉnh sửa: 19/07/2024

Ngày chấp nhận: 30/08/2024

Từ khóa

Chỉ thị phân tử

Cây xoài

Đa dạng di truyền

Mangifera indica L.

SSR

*Tác giả liên hệ

Phạm Đức Toàn

Email:

phamductoan@hcmuaf.edu.vn

TÓM TẮT

Cây xoài (*Mangifera indica* L.) là loại cây ăn quả lâu năm thuộc họ Anacardiaceae. Tại khu vực núi Bà Đen tỉnh Tây Ninh, cây xoài cổ thụ được trồng xen canh với các loại cây trồng khác, diện tích khoảng 530 ha. Mục tiêu của nghiên cứu này là đánh giá sự đa dạng di truyền, mối quan hệ di truyền của các mẫu giống xoài được thu thập tại khu vực núi Bà Đen thuộc tỉnh Tây Ninh dựa trên chỉ thị hình sinh học phân tử SSR (Simple Sequence Repeats), nhằm phục vụ cho công tác bảo tồn nguồn gene. Tổng số 9 chỉ thị SSR được sử dụng trong phân tích sự đa dạng di truyền trên 30 mẫu giống xoài. Kết quả thể hiện tổng số đoạn khuếch đại thu được là 21, trung bình 2,33 đoạn/primer, số đoạn đa hình 20/21, tỉ lệ đa hình của primer là 94,4%, kích thước các đoạn khuếch đại dao động từ 200 bp - 330 bp. Kết quả cây phân nhóm di truyền cho thấy có sự đa dạng di truyền giữa 30 mẫu giống xoài thu thập với mức độ đa hình di truyền dao động từ 0 đến 0,43 với trung bình khoảng cách đa hình di truyền là 0,29. Cây phân nhóm chia thành 3 nhóm chính, trong đó nhóm I là nhóm lớn nhất với 18 mẫu giống, nhóm II gồm 7 mẫu giống và nhóm III có 5 mẫu giống. Kết quả này là nguồn thông tin hữu ích trong công tác đánh giá đa dạng di truyền phục vụ công tác bảo tồn nguồn gene và phát triển giống xoài trong tương lai.

1. Đặt Vấn Đề

Cây xoài (*Mangifera indica*) là loại cây ăn quả nhiệt đới, có đặc điểm thích nghi rộng, nên được trồng nhiều tại các vùng nhiệt đới, cận nhiệt đới và ở hơn 100 quốc gia. Tại Việt Nam, xoài là một trong những loại trái cây được trồng lâu đời và đa dạng trên nhiều vùng sinh thái với diện tích trồng 106.595 ha, sản lượng 1.224.576 tấn/năm,

theo thống kê của FAO (FAO, 2023). Cây xoài được trồng ở các vùng sinh thái khác nhau từ Bắc vào Nam, nhiều nhất là các tỉnh Đồng bằng sông Cửu Long và các tỉnh miền Đông Nam Bộ. Tại khu vực núi Bà Đen của tỉnh Tây Ninh, cây xoài thực sinh cổ thụ được trồng xen canh với các loại cây trồng khác trên nền đất núi, diện tích khoảng 530 ha. Cây xoài thực sinh được trồng

từ hạt có nhiều giống khác nhau, hiện tại tuổi những cây xoài này dao động từ 30 đến 70 năm. Tuy nhiên, việc nhận dạng phân biệt các giống, cũng như xác định giống chỉ dựa trên tên thường gọi của người dân. Do vậy, trong công tác phát triển nhân giống và đánh giá nguồn gene gặp nhiều vấn đề nhầm lẫn. Chính vì thế, việc xác định tính khác của các giống xoài, đánh giá sự sinh trưởng, phân tích sự đa dạng di truyền, đa dạng nguồn gene phục vụ cho công tác bảo tồn nguồn gene, phát triển giống là nhu cầu hết sức cần thiết hiện nay và trong tương lai. Sự đa dạng di truyền ở trồng nói chung và cây xoài nói riêng có thể được xác định thông qua nhiều phương pháp khác nhau, bao gồm đặc điểm hình thái và nông học, phân tích isozyme, cũng như phân tích bằng chỉ thị DNA (Koornneef, 1990; Reiter & ctv., 1993; Pham & ctv., 2020).

Các chỉ thị DNA thường được sử dụng để nghiên cứu xác định mối quan hệ di truyền của các cá thể trong cùng một loài hoặc giữa các loài là cơ sở cho việc phân loại dưới loài, phát hiện loài mới và mối quan hệ tiến hóa giữa loài. Trong số các chỉ thị DNA dùng để đánh giá đa dạng di truyền, chỉ thị Simple Sequence Repeats (SSR) là một trong những công cụ hiệu quả trong đánh giá đa dạng nguồn gene (Powell & ctv., 1996). Chỉ thị này có những ưu điểm vượt trội như biểu hiện số lượng lớn sự đa hình, là marker đồng trội nên có thể phân biệt được dị hợp tử, cho độ tin cậy và chính xác cao. Vì vậy mà chỉ thị này được sử dụng rộng rãi trên nhiều đối tượng cây trồng khác nhau (Chiang & ctv., 2012; Pham & ctv., 2020). Mục tiêu của nghiên cứu này là bước đầu đánh giá đa dạng di truyền nguồn gene các mẫu giống xoài thực sinh cổ thụ được thu thập tại khu vực núi Bà Đen tỉnh Tây Ninh phục vụ cho công tác bảo tồn nguồn gene và phát triển giống trong tương lai.

2. Vật Liệu và Phương Pháp Nghiên Cứu

Tổng số 30 mẫu giống xoài được thu thập từ các vườn xoài thực sinh cổ thụ đang cho trái thuộc khu vực núi Bà Đen - tỉnh Tây Ninh. Mẫu lá của từng mẫu giống xoài được thu thập và đánh số thứ tự từ 1 đến 30, cũng như mã hóa để ly trích DNA phục vụ cho công tác đánh giá đa dạng di truyền bằng chỉ thị phân tử SSR (Bảng 1).

2.1. Ly trích DNA, phản ứng PCR-SSR và điện di kết quả

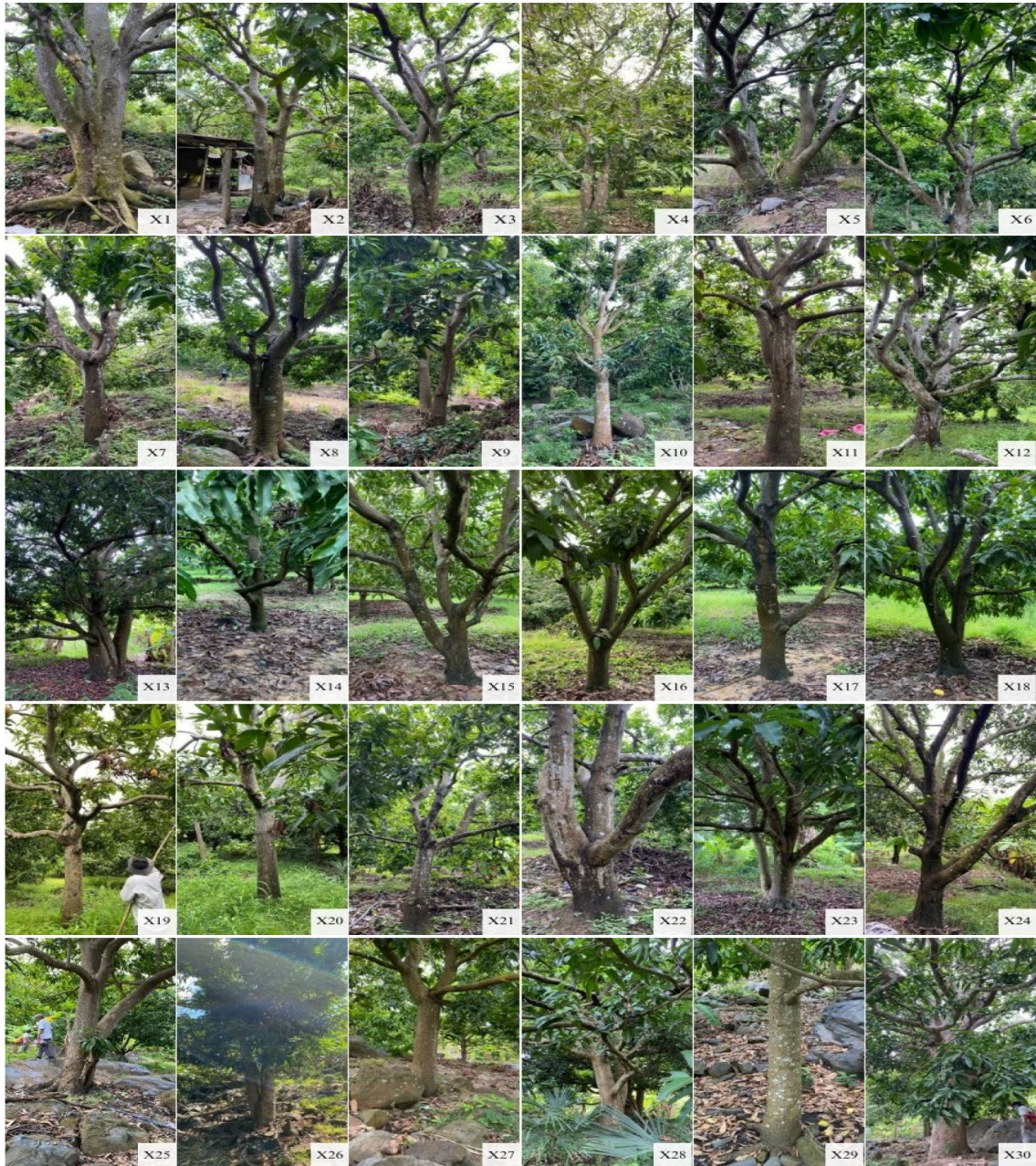
Mẫu lá của 30 mẫu giống được ly trích DNA bằng quy trình CTAB (Cetyltrimethylammonium bromide) cải tiến (Aboul-Maaty & ctv., 2019), được thực hiện tại Viện nghiên cứu Công nghệ Sinh học và Môi trường - Trường Đại học Nông Lâm TP.HCM. Tổng số 13 cặp primer SSR được tham khảo từ nghiên cứu của tác giả Ravishankar & ctv. (2011) (Bảng 2). Phản ứng PCR-SSR được thực hiện trong thể tích 12,5 μ L bao gồm 1X MasterMix (Bioline, Anh), 0,2 μ M mỗi primer, 1 μ L DNA mẫu (khoảng 50 - 100 ng/ μ L), và nước khử ion vừa đủ 12,5 μ L. Phản ứng PCR - SSR được thực hiện trên máy PCR (Applied Biosystems 2720) với chu trình nhiệt như sau: 1 chu kỳ ở 94°C trong 5 phút; 30 chu kỳ: 94°C trong 30 giây, 56°C trong 30 giây, 72°C trong 1 phút; 1 chu kỳ ở 72°C trong 1 phút và sau cùng giữ sản phẩm PCR-SSR trong 4°C. Sản phẩm PCR được điện di trên agarose 1,5%. Sau khi điện di, agarose gel được chụp hình trên máy chụp gel có đèn UV. Đánh giá ước lượng sản phẩm khuếch đại trong gel điện di band thang chuẩn 100 bp Bioline.

2.2. Mã hóa và phân tích số liệu

Kết quả điện di trên gel được mã hóa theo hệ số nhị phân (Nei, 1978). Trong đó 1 là đại diện cho sự hiện diện của đoạn DNA được khuếch đại,

0 là đại diện cho sự không có sự xuất hiện của đoạn khuếch đại DNA. Các số liệu mã hóa được xử lý và phân tích bằng phần mềm NTSYSpc 2.1 (Numerical Taxonomy System). Sơ đồ hình cây

được thiết lập dựa trên phương pháp phân nhóm UPGMA theo tương đồng di truyền (Jaccards/ Dice), sử dụng phần mềm NTSYSpc 2.1.



Hình 1. Tổng số 30 mẫu giống xoài thực sinh cổ thụ tại khu vực núi Bà Đen tỉnh Tây Ninh.

Bảng 1. Danh sách các mẫu giống xoài được thu thập từ khu vực núi Bà Đen tỉnh Tây Ninh

STT	Mã số mẫu giống	Tên giống (do người dân gọi)	Vị trí GPS	Địa chỉ thu thập
1	X1	Xoài núi Bà Đen	11.396947, 106.152354	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
2	X2	Xoài núi Bà Đen	11.39703, 106.15122	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
3	X3	Xoài núi Bà Đen	11.396130, 106.149967	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
4	X4	Xoài núi Bà Đen	11.385465, 106.148730	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
5	X5	Xoài núi Bà Đen	11.385360, 106.148159	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
6	X6	Xoài núi Bà Đen	11.39718, 106.15165	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
7	X7	Xoài núi Bà Đen	11.397314, 106.151544	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
8	X8	Xoài núi Bà Đen	11.385994, 106.148847	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
9	X9	Xoài núi Bà Đen	11.385256, 106.149025	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
10	X10	Xoài núi Bà Đen	11.384866, 106.147943	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
11	X11	Xoài núi Bà Đen	11.386430, 106.147268	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
12	X12	Xoài núi Bà Đen	11.384900, 106.147688	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
13	X13	Xoài núi Bà Đen	11.396659, 106.151708	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
14	X14	Xoài núi Bà Đen	11.396900, 106.151458	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
15	X15	Xoài núi Bà Đen	11.385376, 106.146834	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
16	X16	Xoài núi Bà Đen	11.381952, 106.188079	Xã Suối Đá, huyện Dương Minh Châu
17	X17	Xoài núi Bà Đen	11.37990, 106.18877	Xã Suối Đá, huyện Dương Minh Châu
18	X18	Xoài núi Bà Đen	11.378959, 106.187698	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
19	X19	Xoài núi Bà Đen	11.385198, 106.147273	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
20	X20	Xoài núi Bà Đen	11.396906, 106.152038	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
21	X21	Xoài núi Bà Đen	11.385933, 106.147618	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
22	X22	Xoài núi Bà Đen	11.385649, 106.147391	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
23	X23	Xoài núi Bà Đen	11.379319, 106.188266	Xã Suối Đá, huyện Dương Minh Châu
24	X24	Xoài núi Bà Đen	11.379714, 106.188492	Xã Suối Đá, huyện Dương Minh Châu
25	X25	Xoài núi Bà Đen	11.379838, 106.188454	Xã Suối Đá, huyện Dương Minh Châu
26	X26	Xoài núi Bà Đen	11.38148, 106.18862	Xã Suối Đá, huyện Dương Minh Châu
27	X27	Xoài núi Bà Đen	11.39712, 106.15117	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
28	X28	Xoài núi Bà Đen	11.38643, 106.14707	Xã Thạnh Tân, thành phố Tây Ninh
29	X29	Xoài núi Bà Đen	11.379479, 106.187846	Xã Suối Đá, huyện Dương Minh Châu
30	X30	Xoài núi Bà Đen	11.380187, 106.188062	Xã Suối Đá, huyện Dương Minh Châu

Bảng 2. Danh sách Simple Sequence Repeats primer được sử dụng trong nghiên cứu¹

STT	Tên primer (GeneBank Acc. No)	Trình tự primer	Kích thước (bp)
1	EF592181	F: GGATGCACAACAACAAGCAC R: TCAGCAAGCAATCCCTTCTT	237 - 261
2	EF592183	F: GTCGATGCCTGGAATGAAGT R: AAGCATCGAACAGCTCCAAT	227 - 235
3	EF592188	F: TGCTCTCTACTGCCCCGTAT R: GTCACACCAATCGGGAATCT	252 - 267
4	EF592189	F: GTTGTGACCGAGGCCTTAAA R: CTTTGACATCGCTGATCTGG	273 - 291
5	EF592191	F: CAGTGAAACCACCAGGTCAA R: TGGCCAGCTGATACCTTCTT	203 - 213
6	EF592194	F: CCGAAACAACCTCTTCCTCCA R: TGCTCTCTGGCCTCTTCTTC	329 - 347
7	EF592197	F: GCTTGCTTCCAACTGAGACC R: GCAAAATGCTCGGAGAAGAC	236 - 268
8	EF592201	F: TTTGGCTGGGTGATTTTAGC R: TTAATTGCAGGACTGGAGCA	231 - 239
9	EF592202	F: TGGCCGAAGTAGCAAACCTCT R: CCCCATTTTCGAGAAAATTCC	132 - 154
10	EF592204	F: GCTCAACGAACCCAACTGAT R: TCCAGCATTCAATGAAGAAGTT	237 - 260
11	EF592211	F: TTCTGTTAGTGGCGGTGTTG R: CACCTCCTCCTCCTCCTCTT	211 - 230
12	EF592214	F: CTGAGTTTGGCAAGGGAGAG R: TTGATCCTTCACCACCATCA	222 - 244
13	EF592216	F: TCTATAAGTGCCCCCTCACG R: ACTGCCACCGTGGAAAGTAG	214 - 247

¹Ravishankar & ctv. (2011).

3. Kết Quả và Thảo Luận

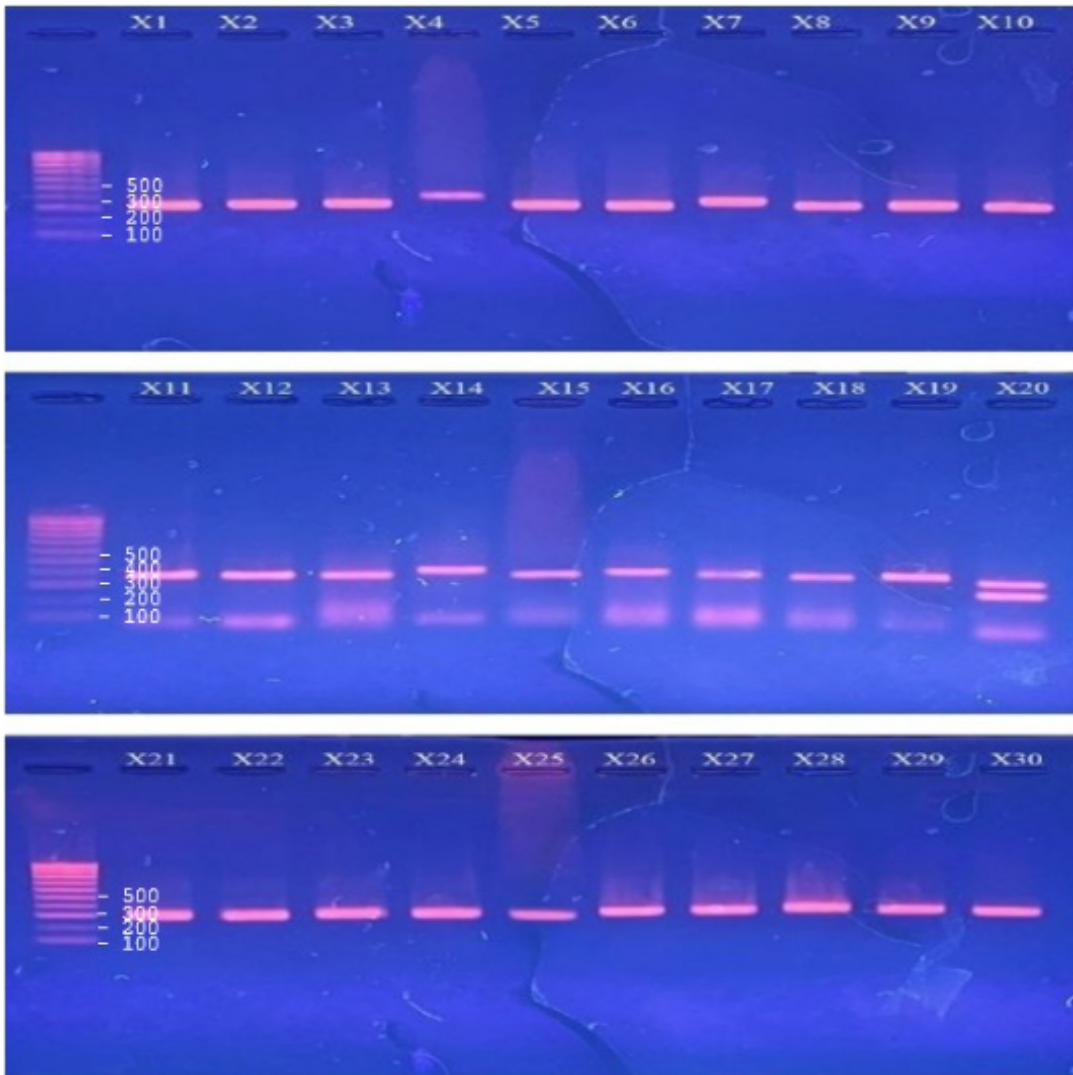
3.1. Kết quả phân tích đa hình bằng chỉ thị SSR

Khảo sát sàng lọc primer để dùng trong nghiên cứu trên 2 mẫu giống xoài ngẫu nhiên là X2, X7, tổng số 13 chỉ thị SSR được khảo sát thu được kết quả có 9 chỉ thị SSR cho tỷ lệ đa hình cao, có sự xuất hiện đoạn khuếch đại DNA sáng rõ, có tính ổn định cao được sử dụng trong đánh giá đa hình các mẫu giống xoài (Bảng 3). Kết quả cho thấy tổng số đoạn khuếch đại của 9 chỉ thị

SSR trên 30 mẫu giống xoài là 21 đoạn, trung bình 2,33 đoạn/primer. Kích thước các đoạn DNA khuếch đại thu được dao động từ 200 bp - 330 bp (Bảng 3). Trong đó tất cả 9 chỉ thị SSR cho đều cho các đoạn đa hình, trung bình đoạn đa hình 2,22 đoạn/primer, tỉ lệ phần trăm primer đa hình 94,4%. Các chỉ thị EF592191, EF592194 và EF592189 (Hình 2), cho số đoạn đa hình cao nhất 3 đoạn đa hình/primer, với tỉ lệ đa hình 100% (Bảng 3) và thấp nhất là primer EF592181 (1 phân đoạn đa hình).

Bảng 3. Bảng kết quả khuếch đại của 9 chỉ thị Simple Sequence Repeats

STT	Tên primer	Tổng số đoạn khuếch đại	Số đoạn đa hình	Tỷ lệ (%) đa hình	Kích thước đoạn khuếch đại (bp)
1	EF592181	2	1	50	210 - 250
2	EF592183	2	2	100	240 - 280
3	EF592188	2	2	100	260 - 320
4	EF592189	3	3	100	210 - 330
5	EF592191	3	3	100	200 - 300
6	EF592194	3	3	100	250 - 310
7	EF592202	2	2	100	260 - 280
8	EF592204	2	2	100	275 - 310
9	EF592211	2	2	100	270 - 320
Tổng cộng		21	20		
Trung bình		2,33	2,22	94,4	
Biến động					200 - 330



Hình 2. Kết quả điện di sản phẩm PCR-Simple Sequence Repeats với primer EF592189 trên 30 mẫu giống xoài.

Chỉ thị SSR là một trong những chỉ thị hiệu quả trong nhận dạng sự khác nhau của các giống xoài và đánh giá sự đa dạng di truyền (Duval & ctv., 2005; Ravishankar & ctv., 2011; Chiang & ctv., 2012). Kết quả này tương tự như nghiên cứu trước đây khi sử dụng chỉ thị SSR trên các đối tượng cây trồng khác như cây mè của tác giả Zhang & ctv. (2010) đạt tương ứng 2,3 đoạn khuếch đại/primer. Tương tự, nghiên cứu đa dạng di truyền trên cây bơ bằng chỉ thị SSR của tác giả Pham & ctv. (2019) đã báo cáo số đoạn

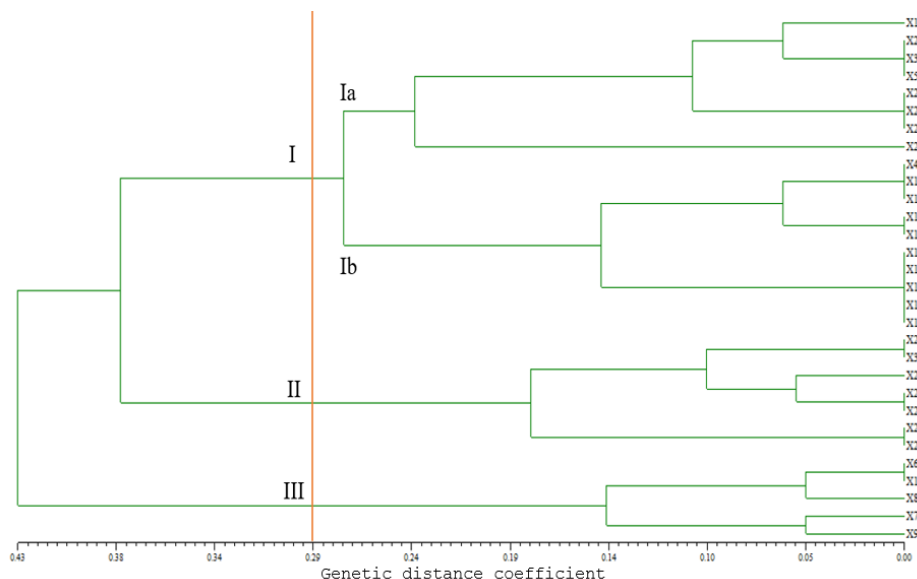
khuếch đại được tạo ra đa số là 2 đến 3 đoạn khuếch đại/primer, kích thước các đoạn khuếch đại dao động từ 70 đến 350 bp. Tuy vậy, kết quả này lại thấp hơn nghiên cứu của Schnell & ctv. (2006), Tsai & ctv. (2013) và Yamanaka & ctv. (2019), với số đoạn khuếch đại đạt tương ứng 3,37, 3,00 và 3,65 band/primer, số đoạn khuếch đại của các chỉ thị SSR biến động từ 2 - 11 band/primer. Sự khác biệt về số đoạn và kích thước các phân đoạn khuếch đại DNA trên gel điện di chính là cơ sở phân tích sự khác biệt về mối quan

hệ di truyền của các cá thể trong quần thể cây xoài cũng như các mẫu giống xoài được thu thập từ khu vực núi Bà Đen tỉnh Tây Ninh.

3.2. Kết quả phân tích phân nhóm di truyền của các mẫu giống xoài

Dựa trên sự xuất hiện hay không xuất hiện các đoạn DNA của các mẫu giống trên từng primer khi điện di sản phẩm PCR-SSR có thể xác định được mức độ đa dạng di truyền của các giống xoài ở mức độ chỉ thị phân tử DNA. Các số liệu mã hóa được xử lý thống kê và phân tích bằng phần mềm NTSYSpc 2.1 để phân nhóm đa hình di truyền. Kết quả phân nhóm dựa trên 9 chỉ thị phân tử SSR có khoảng cách di truyền dao động từ 0 đến 0,43 và khoảng cách trung bình di truyền là 0,29. Cây phân nhóm với giá trị khoảng cách trung bình di truyền 0,29 thì các mẫu giống được chia thành 3 nhóm chính, trong đó nhóm I là nhóm lớn nhất bao gồm 18 mẫu giống xoài, kể đến là nhóm II với 7 mẫu giống, và nhóm III là nhóm nhỏ nhất với 5 mẫu giống (Hình 3). Điều này cho thấy có sự đa dạng di truyền giữa các mẫu

giống xoài trong nghiên cứu. Nhóm I có khoảng cách đa hình di truyền khoảng từ 0 đến 0,28 gồm 18 mẫu giống xoài, trong đó bao gồm hai nhóm phụ. Nhóm phụ Ia bao gồm 8 mẫu giống X1, X2, X3, X5, X20, X21, X22, X23 có khoảng cách di truyền từ 0 đến khoảng 0,24, trong đó X20 đứng một nhánh riêng biệt, có sự khác biệt di truyền so với các mẫu giống khác cùng nhóm Ia. Nhóm Ib gồm 10 mẫu giống: X4, X13, X14, X11, X12, X15, X16, X17, X18, X19; nhóm này có khoảng cách di truyền từ 0 đến khoảng 0,15, trong đó các nhóm mẫu giống có mức tương đồng di truyền khá cao, bao gồm nhóm mẫu giống (X15, X16, X17, X18, X19); nhóm (X4, X13, X14) và nhóm (X11, X12) rất gần nhau về mặt di truyền, có mức tương đồng cao lên đến 100%, có khả năng các nguồn gene này có cùng nguồn gốc (Hình 1). Nhóm II gồm 7 mẫu giống: X24, X30, X26, X27, X28, X25, X29 có khoảng cách di truyền dao động trong khoảng 0 - 0,18. Nhóm III gồm 5 mẫu giống X6, X10, X8, X7, X9 có khoảng cách di truyền từ 0 đến khoảng 0,14.



Hình 3. Cây phân nhóm đa hình di truyền của 30 mẫu giống xoài dựa trên chỉ thị phân tử Simple Sequence Repeats.

Tổng số 30 mẫu giống xoài được đánh giá sự đa dạng di truyền dựa trên 9 chỉ thị SSR. Các mẫu giống có sự biến thiên di truyền dao động từ 0,00 đến 0,43, kết quả phân nhóm dựa vào khoảng cách di truyền giữa các mẫu giống cho thấy 30 mẫu giống xoài có tính đa hình cao, đây là thông tin quan trọng cung cấp nguồn vật liệu di truyền cho công tác bảo tồn nguồn gene cũng như nghiên cứu và tuyển chọn, phát triển giống giống xoài có năng suất và chất lượng trong tương lai.

4. Kết Luận

Sử dụng 9 primer SSR trong nghiên cứu sự đa hình di truyền của 30 mẫu giống xoài được thu thập từ khu vực núi Bà Đen tỉnh Tây Ninh đã ghi nhận có 20/21 đoạn khuếch đại đa hình, tỉ lệ đa hình của primer 94,4%, trung bình có 2,33 đoạn/primer, có kích thước khuếch đại dao động từ 200 bp đến 330 bp. Cây phân nhóm đa hình di truyền chia 30 mẫu giống xoài thành 3 nhóm với giá trị trung bình khoảng cách di truyền là 0,29. Nhóm I là nhóm lớn nhất bao gồm 18 mẫu giống, nhóm II gồm 7 mẫu giống, và nhóm III là nhóm nhỏ nhất bao gồm 5 mẫu giống xoài. Kết quả nghiên cứu này là thông tin hữu ích, cung cấp thêm thông tin về đa dạng di truyền cây xoài khu vực núi Bà Đen tỉnh Tây Ninh tại Việt Nam, giúp định hướng bảo tồn nguồn gene, phát triển và chọn tạo giống xoài triển vọng trong tương lai.

Lời Cảm Ơn

Kết quả trong bài báo là do nhóm tác giả thực hiện, không có bất kỳ mâu thuẫn nào giữa các tác giả và kết quả này chưa từng công bố trên trên các tạp chí khoa học khác.

Lời Cảm Ơn

Nhóm tác giả gửi lời cảm ơn chân thành đến tất cả quý đồng nghiệp ở địa phương nơi đã thu thập mẫu và quý đồng nghiệp tại Trường Đại học Nông Lâm Thành phố Hồ Chí Minh đã tận tình giúp đỡ và hỗ trợ trong suốt quá trình thực hiện nghiên cứu này.

Tài Liệu Tham Khảo (References)

- Aboul-Maaty, N. A. F., & Oraby, H. A. S. (2019). Extraction of high-quality genomic DNA from different plant orders applying a modified CTAB-based method. *Bulletin of The National Research Centre* 43(1), 1-10. <https://doi.org/10.1186/s42269-019-0066-1>.
- Chiang, Y. C., Tsai, C. M., Chen, Y. K. H., Lee, S. R., Chen, C. H., Lin, Y. S., & Tsai, C. C. (2012). Development and characterization of 20 new polymorphic microsatellite markers from *Mangifera indica* (Anacardiaceae). *American Journal of Botany* 99(3), e117-e119. <https://doi.org/10.3732/ajb.1100443>.
- Duval, M. F., Bunel, J., Sitbon, C., & Risterucci, A. M. (2005). Development of microsatellite markers for mango (*Mangifera indica* L.). *Molecular Ecology Notes* 5(4), 824-826. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01076.x>.
- FAO (Food and Agriculture Organization). (2023). *World food and agriculture - Statistical yearbook 2023*. Rome, Italy. <https://doi.org/10.4060/cc8166en>.
- Koornneef, M. (1990). Arabidopsis thaliana genetic map. In O'Brien, S. J. (Ed.). *Genetic maps: Locus maps of complex genomes* (694-697). New York, USA: ColdSpring Harbor.
- Nei, M. (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89(3), 583-590. <https://doi.org/10.1093/genetics/89.3.583>.

- Pham, P. T., Pham, T. D., & Nguyen, P. V. (2019). Assessment on the genetic diversity of some avocado (*Persea americana* Mill.) varieties using microsatellite markers. *Vietnam Journal of Technology Sciences* 61(7), 60-64.
- Pham, T. D., Huynh, B. V., & Bui, T. C. (2020). Using SSR markers for evaluation of genetic variation among sesame (*Sesamum indicum* L.) accessions. *The Journal of Agriculture and Development* 19(5), 9-19. <https://doi.org/10.52997/jad.2.05.2020>.
- Powell, W., Morgante, M., Andre, C., Hanafey, M., Vogel, J., Tingey, S., & Rafalski, A. (1996). The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Molecular Breeding* 2(3), 225-238. <https://doi.org/10.1007/BF00564200>.
- Ravishankar, K. V., Mani, B. H. R., Anand, L., & Dinesh, M. R. (2011). Development of new microsatellite markers from mango (*Mangifera indica*) and cross-species amplification. *American Journal of Botany* 98(4), e96-e99. <https://doi.org/10.3732/ajb.1000263>.
- Reiter, R. S., Young, R. M., & Scolnik, P. A. (1993). Genetic linkage of the *Arabidopsis* genome: Methods for mapping with recombinant inbreds and Random Amplified Polymorphic DNAs (RAPDs). In Koncz, C., Chua, N. H., & Schell, J. (Eds.) *Methods in Arabidopsis research* (170-190). Farrer Road, Singapore: World Scientific Publishing.
- Schnell, R. J., Brown, J. S., Olano, C. T., Meerow, A. W., Campbell, R. J., & Kuhn, D. N. (2006). Mango genetic diversity analysis and pedigree inferences for Florida cultivars using microsatellite markers. *Journal of The American Society for Horticultural Science* 131(2), 214-224. <https://doi.org/10.21273/JASHS.131.2.214>.
- Tsai, C. C., Chen, Y. K. H., Chen, C. H., Weng, I. S., Tsai, C. M., Lee, S. R., Lin, Y. S., & Chiang, Y. C. (2013). Cultivar identification and genetic relationship of mango (*Mangifera indica*) in Taiwan using 37 SSR markers. *Scientia Horticulturae* 164, 196-201. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2013.09.037>.
- Yamanaka, S., Hosaka, F., Matsumura, M., Onoue-Makishi, Y., Nashima, K., Urasaki, N., Ogata, T., Shoda, M., & Yamamoto, T. (2019). Genetic diversity and relatedness of mango cultivars assessed by SSR markers. *Breeding Science* 69(2), 332-344. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.18204>.
- Zhang, Y. X., Zhang, X. R., Hua, W., Wang, L. H., & Che, Z. (2010). Analysis of genetic diversity among indigenous landraces from sesame (*Sesamum indicum* L.) core collection in China as revealed by SRAP and SSR markers. *Genes and Genomics* 32(3), 207-215. <https://doi.org/10.1007/s13258-009-0888-6>.