

P-GE04: ỨNG DỤNG CÔNG NGHỆ GIẢI TRÌNH TỰ THỂ HỆ MỚI TRONG VIỆC PHÁT TRIỂN CÁC CHỈ THỊ PHÂN TỬ CHO CÁC LOÀI THỰC VẬT NGOẠI LAI VÀ CÂY DƯỢC LIỆU**Đỗ Hoàng Đăng Khoa**

Viện Kỹ Thuật Công nghệ Cao Nguyễn Tất Thành, Trường Đại học Nguyễn Tất Thành, Thành phố Hồ Chí Minh

TÓM TẮT

Công nghệ giải trình tự thể hệ mới đã góp phần vào sự phát triển của các nghiên cứu về trình tự bộ gen của nhiều loài khác nhau và các ứng dụng liên quan. Trong nghiên cứu này, bộ gen lục lạp của hai loài thực vật ngoại lai (*Cenchrus longispinus*) và cây dược liệu (*Crepidiastrum denticulatum*) được giải trình tự bằng công nghệ giải trình tự thể hệ mới. Bộ gen lục lạp của *C. longispinus* và *C. denticulatum* có kích thước lần lượt là 137,144 bp và 152,779 bp. Khảo sát thành phần gen trên hai bộ gen lục lạp cho thấy có 78 gen mã hóa protein ở *C. longispinus* trong khi có 80 gen mã hóa protein ở *C. denticulatum*. Cả hai loài đều có bốn gen mã hóa RNA ribosome (rRNA) và 30 gen mã hóa RNA vận chuyển (tRNA). Phân tích các đa hình đơn nucleotide (SNP) của các gen mã hóa protein của lục lạp đã cho thấy một số vị trí trên gen *matK* có tiềm năng để phát triển chỉ thị phân tử nhận diện loài. Do đó các SNP được sử dụng để thiết kế các mồi cho phản ứng PCR đa mồi. Kết quả cho thấy sự đặc hiệu của các trình tự mồi đối với hai loài *C. longispinus* và *C. denticulatum*. Bên cạnh đó, các trình tự gen mã hóa protein trong bộ gen lục lạp cũng được sử dụng để xây dựng cây phát sinh loài để khảo sát mối liên hệ giữa *C. longispinus*, *C. denticulatum*, và các loài liên quan.

Từ khóa: Bộ gen lục lạp, công nghệ giải trình tự thể hệ mới, chỉ thị phân tử, đa hình đơn nucleotide, PCR đa mồi.

APPLICATION OF NEXT-GENERATION SEQUENCING FOR DEVELOPMENT OF MOLECULAR MARKERS FOR INVASIVE AND MEDICINAL PLANTS**Đỗ Hoàng Đăng Khoa**

Nguyen Tat Thanh Hi-Tech Institute, Nguyen Tat Thanh University, Ho Chi Minh City

SUMMARY

Next-generation sequencing technique has contributed to development of studies on genomics of various species and related applications. In this study, complete chloroplast genome sequences of an invasive plant (*Cenchrus longispinus*) and a medicinal plant (*Crepidiastrum denticulatum*) were completed using next-generation sequencing. The size of chloroplast genomes of *C. longispinus* and *C. denticulatum* are 137,144 bp and 152,779 bp, respectively. There are 78 protein-coding genes in *C. longispinus* while *C. denticulatum* has 80 protein-coding regions. Both species have four rRNAs and 30 tRNAs. Results of single nucleotide polymorphisms (SNP) analysis revealed potential sites in *matK* of chloroplast genome for developing molecular markers. Therefore, these sites were used to design primers for multiplex PCR which showed specific effectiveness of primers for *C. longispinus* and *C. denticulatum*. Additionally, protein-coding genes from chloroplast genome were used to reconstruct phylogeny among *C. longispinus*, *C. Denticulatum*, and related species.

Keywords: Chloroplast genome, next-generation sequencing, molecular markers, single nucleotide polymorphisms, multiplex PCR.

* Author for corespondence: Tel: +84794991987; Email: dhdtkhoa@ntt.edu.vn