

P-GE19: EVALUATION OF GENETIC DIVERSITY BY DNA BARCODING OF LOCAL LOTUS POPULATIONS FROM THUA THIEN HUE PROVINCE

Dang Thanh Long¹, Hoang Thi Kim Hong², Le Ly Thuy Tram³, Nguyen Thi Quynh Trang⁴

¹ *Institute of Biotechnology, Hue University*

² *Hue University of Sciences, Hue University*

³ *University of Science and Technology, Da Nang University*

⁴ *Hue University of Education, Hue University*

SUMMARY

Background: DNA barcoding is a relatively new method of identifying plant species using short sequences of chloroplast DNA. Although there is a large number of studies using barcoding on various plant species, there are no such studies in the genus *Nelumbo*. **Method:** Three chloroplast DNA regions (*rbcL*, *matK*, *trnH-psbA*) were tested for their suitability as DNA barcoding regions of thirty three lotus samples which were collected in Thua Thien Hue province, Vietnam. Universal primers were used and sequenced products were analyzed using Minimum Evolution method in the MEGA 7.0 program. **Result:** We did not observe high variability in nucleotide sequences within the *rbcL* region (0.135%). White *Nelumbo*, while, the most encoding *matK* (8.013%) and variable *trnH-psbA* (with different number of repeating regions TAAAA) intergenic regions was the most useful for *Nelumbo* barcoding. Individual application of the studied regions did not provide the expected results. None of the regions used in the study allowed the division of white and pink lotus varieties of *N. nucifera* specie according to the adopted classification of the genus *Nelumbo*. The results confirm that the use of *matK*, *rbcL* and *trnH-psbA* or combine all three regions together is insufficient for DNA barcoding in white and pink lotus varieties of *N. nucifera* specie and better discrimination within the genus *Nelumbo*. Our results also indicate the necessity of using a different region. All of the new sequences have been deposited in GeneBank under the following accession numbers: *rbcL* (MN011708 to MN068956); *matK* (MN011719 to MN068978) and *trnH-psbA* (MN011730 to MN086252).

Key words: Genetic diversity analysis, Lotus, *MatK*, *Nelumbo nucifera*, *RbcL*, *TrnH-psbA*.

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN BẰNG MÃ VẠCH DNA CỦA CÁC QUẦN THỂ SEN BẢN ĐỊA TẠI Ồ TỈNH THỪA THIÊN HUẾ

Đặng Thanh Long¹, Hoàng Thị Kim Hồng², Lê Lý Thùy Trâm³, Nguyễn Thị Quỳnh Trang⁴

¹ *Viện Công nghệ sinh học, Đại học Huế*

² *Trường Đại học Khoa học, Đại học Huế*

³ *Trường Đại học Bách khoa, Đại học Đà Nẵng*

⁴ *Trường Đại học Sư phạm, Đại học Huế*

TÓM TẮT

Mã vạch DNA là một phương pháp tương đối mới để xác định các loài thực vật bằng cách sử dụng các trình tự DNA lục lạp ngắn. Mặc dù có rất nhiều các nghiên cứu sử dụng mã vạch trên các loài thực vật khác nhau, đến nay vẫn không có nghiên cứu nào ở chi *Nelumbo*. Ba vùng DNA lục lạp (*rbcL*, *matK*, *trnH-psbA*) đã được kiểm tra tính phù hợp của chúng như các vùng mã vạch DNA của 33 mẫu sen được thu thập tại tỉnh Thừa Thiên Huế, Việt Nam. Những mẫu phổ biến đã được sử dụng và trình tự các sản phẩm được phân tích bằng phương pháp Minimum Evolution của chương trình MEGA 7.0. Chúng tôi không nhận thấy sự thay đổi lớn trình tự nucleotide trong vùng *rbcL* (0,135%). Trong khi đó, ở sen trắng, gen mã hóa *matK* nhiều nhất (8,013%) và sự thay đổi *trnH-psbA* (với số lượng vùng lặp lại TAAAA khác nhau) giữa các vùng gen là hữu ích nhất cho mã vạch của cây sen. Việc áp dụng riêng lẻ cho các vùng nghiên cứu đã không mang lại kết quả như mong đợi. Không có vùng nào được sử dụng trong nghiên cứu cho phép phân biệt giống sen trắng và sen hồng của loài *N. nucifera* theo phân loại đã được thông qua của chi *Nelumbo*. Các kết quả xác nhận rằng việc sử dụng *matK*, *rbcL* và *trnH-psbA* hoặc kết hợp cả ba vùng với nhau là không đủ làm mã vạch DNA ở các giống sen trắng và sen hồng của loài *N. nucifera* và khả năng phân biệt tốt hơn trong chi *Nelumbo*. Những kết quả của chúng tôi cũng chỉ ra sự cần thiết của việc sử dụng một vùng khác. Tất cả các trình tự mới đã được đăng ký trên ngân hàng gen GeneBank với các mã số sau: *rbcL* (từ MN011708 đến MN068956); *matK* (từ MN011719 đến MN068978) và *trnH-psbA* (từ MN011730 đến MN086252).

Từ khóa: Phân tích đa dạng di truyền, sen trắng, *matK*, sen hồng *Nelumbo nucifera*, *rbcL*, *trnH-psbA*.

^{*} Author for corresponsence: Tel: +84-914207992; Email: dtlong@hueuni.edu.vn