

**P-VL08: PHÂN TÍCH SỰ ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA CÁC CHỦNG VI KHUẨN *Bacillus spp.* PHÂN LẬP Ở MỘT SỐ VÙNG Ở HẢI TỈNH AN GIANG VÀ CẦN THƠ SỬ DỤNG PHƯƠNG PHÁP REP-PCR**

**Bùi Thị Thanh Tịnh<sup>1</sup>, Lê Lưu Phương Hạnh<sup>1</sup>, Nguyễn Hoàng Chi Mai<sup>2</sup>, Ngô Huỳnh Phương Thảo<sup>1\*</sup>**

<sup>1</sup> Trung tâm Công nghệ Sinh học Thành phố Hồ Chí Minh

<sup>2</sup> Trường Đại học Khoa học Tự nhiên Thành phố Hồ Chí Minh

**TÓM TẮT**

Sự đa dạng di truyền của 50 chủng *Bacillus spp.* được phân lập ở 3 vùng Châu Thành, Châu Phú, Mỹ Hòa Hưng thuộc tỉnh An Giang và vùng Ô môn thuộc tỉnh Cần Thơ được phân tích sử dụng phương pháp rep-PCR. Dựa trên trình tự của các vùng lặp lại (repetitive sequences) của BOX primer là vùng trình tự cho thấy sự đa dạng nhất giữa các chủng *Bacillus spp.* cho kết quả từ 5 đến 18 vạch. Phân tích cây phân nhóm của các chủng này được chia thành 5 nhóm chính (A, B, C, D, E) và 1 nhóm ngoại lai, trong đó hầu hết các chủng *Bacillus spp.* của các vùng thuộc 2 tỉnh An Giang và Cần Thơ đều hiện diện ở 2 nhóm C (30%) và E (38%). Tuy nhiên, ở nhóm A không có sự hiện diện của chủng ở vùng Châu Thành và nhóm B không có sự hiện diện của chủng ở vùng Mỹ Hòa Hưng. Riêng ở nhóm D và nhóm ngoại lai chỉ hiện diện các chủng của tỉnh An Giang. Từ những kết quả trên cho thấy, có sự đa dạng di truyền lớn giữa các chủng *Bacillus spp.* trong cùng một vùng và khác vùng. Bên cạnh đó, phương pháp rep-PCR dựa trên trình tự Box primer là phương pháp hữu hiệu để phân tích sự đa dạng di truyền của chủng *Bacillus spp.*

*Từ khóa:* *Bacillus spp.*, BoxA, đa dạng di truyền, vùng lặp lại.

**THE GENETIC DIVERGENCE ANALYSIS OF *Bacillus spp.* ISOLATED FROM REGIONS OF AN GIANG AND CAN THO PROVINCE USING REP – PCR**

**Bui Thi Thanh Tinh<sup>1</sup>, Le Luu Phuong Hanh<sup>1</sup>, Nguyen Hoang Chi Mai<sup>2</sup>, Ngo Huynh Phuong Thao<sup>1\*</sup>**

<sup>1</sup> Biotechnology Center of Ho Chi Minh City

<sup>2</sup> University of Science, Ho Chi Minh City

**SUMMARY**

The genetic divergence of 50 strains of *Bacillus spp.* isolated from 3 regions in Chau Thanh, Chau Phu, My Hoa Hung of An Giang province and O Mon of Can Tho province were analyzed using rep-PCR method. Based on the sequence of the repetitive sequences of the BOX primer was the most greatest diversity among strains of *Bacillus spp.* from 5 to 18 fragments. The dendrogram of these strains showed 5 main groups (A, B, C, D, E) and 1 exotic group, of which most strains of *Bacillus spp.* of the regions in the two provinces of An Giang and Can Tho were present in 2 groups C (30%) and E (38%). However, in group A there was no presence of strain in Chau Thanh region and group B did not have presence of strain from My Hoa Hung region. However, only strains of *Bacillus spp.* presented in group D and foreign group. of An Giang province. From these results, there is a great genetic diversity between *Bacillus spp.* strains in the same region and different regions. Beside, the rep-PCR method using Box primer sequence was an effective method for analyzing genetic divergence of strains of *Bacillus spp.*

*Keywords:* *Bacillus spp.*, BoxA, genetic divergence, repetitive sequences.

\* Author for correspondence: Tel: +84-988988961; Email: tudo\_dhnl@yahoo.com