

Phân tích đa dạng di truyền của các giống dâu tây (*Fragaria* spp.) bằng chỉ thị phân tử RAPD

Trịnh Ngọc Ái^{1*}, Lâm Bảo Lộc², Nghị Khắc Nhu¹, Trần Thị Thùy Dương¹, Trần Thị Kim Như¹

¹Viện Công nghệ Sinh học, Đại học Trà Vinh, 126 Nguyễn Thiện Thành, phường Hòa Thuận, tỉnh Vĩnh Long, Việt Nam

²Trường Đại học Nông Lâm TP. Hồ Chí Minh, phường Linh Xuân, TP. Hồ Chí Minh, Việt Nam

Ngày nhận bài 29/10/2025; ngày chuyển phản biện 3/11/2025; ngày nhận phản biện 2/12/2025; ngày chấp nhận đăng 8/12/2025

Tóm tắt:

Cây dâu tây (*Fragaria* spp.) là một loại cây có giá trị kinh tế, dinh dưỡng và y học cao. Quả dâu tây giàu vitamin C, chất chống oxy hóa và được ưa chuộng trên thị trường trong nước lẫn quốc tế. Mục tiêu của nghiên cứu này là xác định đa dạng di truyền, mối quan hệ và hệ số tương đồng của các giống dâu tây sử dụng chỉ thị phân tử RAPD. 13 mẫu dâu tây được thu thập tại Phòng nuôi cấy mô GoodSeed, Đà Lạt. DNA từ mẫu lá được ly trích bằng bộ kit DNeasy® Plant Pro (Qiagen - Hà Lan) và được sử dụng với 10 mồi RAPD (OPA16, OPA17, OPA20, OPG09, OPG11, OPG14, OPG18, OPK01, OPK02, OPK03). Cây phân loại được xây dựng bằng phần mềm NTSYSp 2.1 theo phương pháp phân nhóm đôi các giá trị trung bình số học UPGMA. Kết quả phân tích 10 mồi RAPD tạo ra 138 băng, trong đó có 113 băng đa hình (81,79%). Mồi OPA20 cho tỷ lệ đa hình cao nhất (100%), OPK03 thấp nhất (64,23%). Hệ số khoảng cách di truyền dao động 0,11-0,47, với giá trị trung bình là 0,29. Phân tích phân nhóm bằng UPGMA trên phần mềm NTSYSp 2.1 chia các giống thành năm nhóm riêng biệt, phản ánh mức độ đa dạng di truyền giữa các giống và là cơ sở quan trọng cho công tác bảo tồn và chọn tạo giống dâu tây trong tương lai.

Từ khóa: cây dâu tây, đa dạng di truyền, *Fragaria × ananassa*, mồi RAPD.

Chỉ số phân loại: 1.6, 4.6

Analysis of genetic diversity among strawberry (*Fragaria* spp.) genotypes using RAPD molecular markers

Ngoc Ai Trinh^{1*}, Bao Loc Lam², Khắc Nhu Nghị¹, Thi Thuy Duong Tran¹, Thi Kim Nhu Tran¹

¹Institute of Biotechnology, Tra Vinh University, 126 Nguyen Thien Thanh Street, Hoa Thuan Ward, Vinh Long Province, Vietnam

²Nong Lam University, Ho Chi Minh City, Linh Xuan Ward, Ho Chi Minh City, Vietnam

Received 29 October 2025; revised 2 December 2025; accepted 8 December 2025

Abstract:

The strawberry plant (*Fragaria* spp.) is a crop of high economic, nutritional, and medicinal value. Strawberry fruits are rich in vitamin C and antioxidants and are widely favoured in both local and international markets. The objective of this research was to determine the genetic diversity, relationships, and similarity coefficients among some strawberry cultivars using molecular markers of Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD). 13 strawberry cultivar samples were collected from the GoodSeed tissue culture laboratory, Da Lat. DNA from leaf samples was extracted by DNeasy® Plant Pro (Qiagen, the Netherlands) and amplified with 10 RAPD markers (OPA16, OPA17, OPA20, OPG09, OPG11, OPG14, OPG18, OPK01, OPK02, OPK03). A dendrogram was constructed using NTSYSp 2.1 software based on the Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA). The results showed that 10 RAPD markers generated a total of 138 bands, of which 113 were polymorphic (81.79%). Primer OPA20 showed the highest polymorphism rate (100%), while OPK03 showed the lowest (64.23%). Genetic distance coefficients ranged from 0.11 to 0.47, with an average value of 0.29. Cluster analysis using UPGMA in NTSYSp 2.1 software classified the cultivars into five distinct groups, reflecting the level of genetic diversity among them and providing a valuable basis for strawberry conservation and breeding programmes in the future.

Keywords: *Fragaria × ananassa*, genetic diversity, RAPD molecular markers, strawberry.

Classification numbers: 1.6, 4.6

*Tác giả liên hệ: Email: ngocai@tvu.edu.vn

1. Đặt vấn đề

Cây dâu tây thuộc họ Hoa hồng (*Rosaceae*), có khoảng 3000 thành viên. Theo báo cáo của Tổ chức lương thực và Nông nghiệp liên hợp quốc thế giới (FAO) năm 2023, sản lượng dâu tây đạt hơn 9,18 triệu tấn. Châu Á là khu vực sản xuất dâu tây lớn nhất (4,53 triệu tấn), theo sau là Mỹ (2,18 triệu tấn), châu Âu (1,76 triệu tấn), châu Phi (634,29 nghìn tấn) và châu Đại Dương (60,31 nghìn tấn). Cây dâu tây là một loại cây ăn quả có giá trị kinh tế và giá trị dinh dưỡng cao [1]. Kết quả nghiên cứu cũng chỉ ra trong 100 g quả dâu tây có chứa 33 kilocalories, giàu vitamin C, mangan và cung cấp một số loại vitamin cùng khoáng chất thiết yếu khác [2]. Các giống dâu tây khác nhau về kích thước quả, màu sắc, mùi vị, hình dạng quả, thời vụ chín, mức độ sinh sản và khả năng chống chịu bệnh [3].

Bạch tuyết trắng là giống dâu tây có nguồn gốc từ Nam Mỹ, từng gần như tuyệt chủng trên thế giới. Năm 2010, loại dâu này được người dân Hà Lan, Bỉ hồi sinh thành giống dâu thương mại và được người Nhật Bản nhập giống để trồng và phát triển chúng cho đến ngày nay. Giống có vỏ ngoài màu trắng, có vị ngọt, mùi thơm như dứa. Nhật Sky (Skyberry) và Hana là hai giống dâu tây cao cấp từ tỉnh Tochigi, Nhật Bản. Skyberry có kích thước quả to, độ mọng nước, màu sắc tươi sáng và có vị chua ngọt đặc trưng [4]. New Zealand là một trong các giống dâu tây cao cấp tại Đà Lạt và nguồn gốc từ châu Mỹ, sau này được lai tạo và được trồng rộng rãi từ nửa cuối thế kỷ XVIII. Giống New Zealand có màu đỏ rực rỡ, thịt giòn ngọt và đặc biệt tỏa ra hương thơm quyến rũ [5]. Giống dâu tây Pháp, Mara des Bois là một giống dâu tây, được lai tạo vào những năm 80 của thế kỷ XX bởi các nhà lai tạo người Pháp của công ty Andre, dựa trên (Gento x Ostara) x (Red Gauntlet x Korona) [5]. Trái dâu tây Pháp có kích thước trung bình đến lớn, thịt dày, quả mọng nước, có vị ngọt thanh, chua nhẹ, mùi thơm dịu và hậu vị kéo dài [6]. Giống Albion là giống được lai tạo từ giống "Diamante" với giống Cal 94.16-1. Giống Albion có khả năng kháng bệnh *Phytophthora cactorum*; tương tự với giống "Aromas", nhưng quả to hơn, chất lượng cao hơn, độ cứng và hương thơm tốt hơn [7]. Giống Monterey, được lai tạo từ giống Albion (mã số giống 97.85-6), được đưa vào thị trường năm 2002. Monterey là cây cho quả quanh năm, năng suất cao và khả năng kháng bệnh tốt, thân cây rộng và thẳng, quả có hương vị nổi bật với hậu vị ngọt [8]. Tại Hàn Quốc, giống dâu Hàn Samgong và Hàn King là hai đại diện tiêu biểu cho xu hướng lai tạo nội địa với mục tiêu nâng cao chất lượng và sản lượng. Dâu tây Hàn Quốc có kích thước trái lớn, màu đỏ tươi, quả mọng và rất ngọt. Giống Nhật Lùn, loại dâu có chiều cao thấp, dễ chăm sóc và phù hợp với không gian trồng nhỏ và mô hình nông nghiệp đô thị. Trái to, mọng nước,

màu đỏ tươi, vị ngọt thanh xen lẫn chua nhẹ, thơm ngon [9]. Giống Úc cũng được lai tạo rất đa dạng, với các giống phổ biến như Albion, Ruby Gem, Gamarosa và Festival, vốn có nguồn gốc từ Mỹ, Israel và Nhật Bản. Giống có màu đỏ tươi, vị ngọt thanh mát, hương thơm nhẹ [10]. Sabrian cũng là một giống dâu tây có nguồn gốc từ châu Mỹ, có quả to [11]. Hà Lan là một quốc gia nổi tiếng trong việc lai tạo và phát triển các giống dâu tây, đặc biệt là từ thế kỷ 20. Giống HLHH có thể là một biến thể được phát triển tại Hà Lan, với đặc điểm nổi bật là khả năng chịu nhiệt tốt và hoa có màu hồng đậm, gợi liên tưởng đến hoa hồng (thuộc cùng họ *Rosaceae* với dâu tây) [12].

Có nhiều chương trình nhân giống được thực hiện, nhằm tạo ra các giống dâu tây mới cải thiện hương vị hoặc kéo dài thời gian thu hoạch và bảo quản [13]. Theo truyền thống, việc xác định các giống dâu tây được thực hiện bằng cách kiểm tra sự khác biệt về đặc điểm hình thái hoặc sinh lý như các thông số về lá, hoa, quả và thời gian ra hoa [11]. Tuy nhiên, những phương pháp đó không phù hợp với dâu tây vì sự khác biệt di truyền và kiểu hình giữa các giống là rất nhỏ. Các đặc điểm kiểu hình có hạn chế là chúng bị ảnh hưởng bởi các yếu tố môi trường và các giai đoạn phát triển của thực vật, đặc biệt là các nghiên cứu mức độ đa hình về kiểu hình vẫn chưa được đánh giá đầy đủ [14]. Ngược lại, các chỉ thị phân tử được dựa trên tính đa hình của trình tự DNA thì không phụ thuộc vào điều kiện môi trường và đưa ra mức độ đa hình cao. Do đó, chỉ thị phân tử DNA được phát triển để phân tích đa dạng di truyền, lập bản đồ liên kết và xác định giống dâu tây [15]. Phân tích đa dạng di truyền trong quần thể thông qua Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) cho thấy, sự đa dạng cao của các chỉ thị và tiềm năng ứng dụng của các chỉ thị phân tử trong các nghiên cứu quần thể. So sánh với phương pháp phân tích allozyme, AFLP, SSR và RFLP, phương pháp RAPD cung cấp số lượng mẫu nhiều hơn và được xem là phương pháp đơn giản, hiệu quả trong việc phát hiện đa dạng di truyền [16]. Kỹ thuật RAPD, một phương pháp nhanh và chi phí tương đối thấp, được sử dụng rộng rãi để phân tích sự biến đổi di truyền của vi khuẩn, nấm và thực vật [17], được mô tả như một kỹ thuật khá mạnh để đánh giá sự đa dạng di truyền nhằm phát hiện điểm tương đồng giữa và bên trong loài mà không cần biết trước trình tự DNA. Mặc dù khả năng tái tạo thấp hơn, phương pháp RAPD thường được mong muốn hơn do các nghiên cứu về hiệu quả chi phí liên quan đến số lượng mẫu nhỏ hơn. Công nghệ RAPD đã được sử dụng để nghiên cứu sự đa dạng di truyền trong và giữa các quần thể, đã được áp dụng cho nhiều loài thực vật quý hiếm hoặc bị đe dọa như ở cây huệ trắng (*Polianthes tuberosa* L.) [18], cây ớt [19-21], nấm sò [22], cây dâu tây [23], cà tím [24] và cây chuối [25].

Phạm vi biến đổi di truyền được kiểm soát bởi hệ thống sinh sản, từ đó kiểm soát sự thay đổi thích nghi [26]. Đa dạng di truyền tương đối giữa các cá thể hoặc quần thể có thể được xác định bằng cách sử dụng các chỉ thị kiểu hình và phân tử.

Đà Lạt được xem là địa điểm lý tưởng cho quá trình canh tác các giống dâu tây như Bạch tuyết trắng, HLHH, Monterey, Úc, Pháp, Nhật lùn, Albion, Nhật Sky, Hàn Samgong, Hàn King, New Zealand, Hana, Sabrian, nhưng có rất ít nghiên cứu về sự đa dạng di truyền cũng như sự tương đồng của các giống dâu tây trên được thực hiện. Mục tiêu trong nghiên cứu này là sử dụng 10 chỉ thị phân tử RAPD để phân tích đa dạng di truyền của 13 giống dâu tây thương mại được trồng phổ biến tại Đà Lạt. Kết quả nghiên cứu có thể được sử dụng cho các nghiên cứu tiếp theo như bảo tồn đa dạng di truyền, các chương trình nhân giống và nghiên cứu di truyền hoặc bộ gen của các giống dâu tây.

2. Vật liệu và phương pháp nghiên cứu

2.1. Vật liệu

Mười ba mẫu dâu tây được cung cấp từ phòng nuôi cấy mô GoodSeed (Thánh Mẫu, Langbiang, Đà Lạt). Cây con được thuần tại trang trại giống (Nguyên Tử Lực, phường Lâm Viên, Đà Lạt) và được trình bày ở bảng 1, hình 1. Mẫu lá dâu tây thu tại trang trại giống được bỏ vào túi zip, bảo quản lạnh và được chuyển về phòng thí nghiệm thuộc Viện Công nghệ Sinh học, Trường Đại học Trà Vinh để tiến hành ly trích DNA. Thời gian thu mẫu là tháng 5/2025.

Bảng 1. Danh sách các giống dâu được thu thập tại Đà Lạt.

STT	Tên mẫu	Mã hóa mẫu	Nguồn gốc
1	Bạch tuyết trắng	BTT	Nam Mỹ
2	Nhật Sky	NS	Nhật Bản
3	Hà Lan hoa hồng	HLHH	Hà Lan
4	New Zealand	NEW	Châu Mỹ
5	Hana	HN	Nhật Bản
6	Pháp	P	Pháp
7	Hàn Samgong	HS	Hàn Quốc
8	Úc	U	Dâu Mỹ x dâu Chile
9	Albion	ALB	California, Mỹ
10	Hàn King	HK	Hàn Quốc
11	Monterey	MON	California, Mỹ
12	Nhật lùn	NL	Nhật Bản
13	Sabrian	SAB	Châu Mỹ



Hình 1. Đặc điểm quả, lá và hoa của 13 giống dâu tây được dùng trong nghiên cứu.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Tách chiết DNA và phản ứng RAPD: 0,1 g mẫu lá được tách chiết theo quy trình của DNeasy® Plant Pro Kit (Qiagen - Hà Lan). Mẫu DNA sau khi tách chiết được tiến hành kiểm tra nồng độ bằng máy Nanodrop (Thermo Scientific) và điện di trên gel 1% agarose.

Tổng thể tích của một phản ứng PCR - RAPD là 10 µl bao gồm: 5 µl Phanta flash master mix 1X, 2 µl DNA khuôn (100 ng/µl), 1 µl mỗi RAPD (100 pmol) và 2 µl nước siêu sạch khử ion. Trình tự mỗi được trình bày ở bảng 2. Mỗi mỗi được lặp lại 2 lần. Phản ứng PCR được thực hiện trên máy PCR (Mastercycler® X50s, Eppendorf) với các thông số chu trình nhiệt như sau: Chương trình gia nhiệt cho phản ứng PCR khởi đầu bằng giai đoạn biến tính DNA ở nhiệt độ 94°C trong 5 phút, theo sau là 45 chu kỳ gia nhiệt với các giai đoạn: biến tính DNA ở 94°C trong 15 giây, gắn mỗi ở 32-34°C (tùy loại mỗi) trong 60 giây, tổng hợp DNA ở 72°C trong 15 giây và kết thúc phản ứng PCR bằng giai đoạn ổn định sản phẩm ở 72°C trong 5 phút và lưu trữ ở 4°C.

Bảng 2. Các primer sử dụng cho kỹ thuật RAPD dùng để đánh giá 13 giống dâu tây.

STT	Tên primer	Trình tự primer (5'-3')	Tm (°C)	Tài liệu tham khảo
1	OPA16	AGCCAGCGAA	32	[27]
2	OPA17	GACCGCTTGT	32	[27]
3	OPA20	GTTGCGATCC	32	[27]
4	OPG09	CTGACGTCAC	32	[23]
5	OPG11	TGCCCCGTCGT	34	[27]
6	OPG14	GGATGAGACC	32	[27]
7	OPG18	GGCTCATGTG	32	[27]
8	OPK01	TGC CGA GCT G	34	[23]
9	OPK02	GTG AGG CGT C	34	[23]
10	OPK03	CCC TAC CGA C	34	[23]

Phân tích và xử lý số liệu: Dữ liệu thu được từ phản ứng PCR với chỉ thị RAPD trên gel sẽ được chuyển đổi thành một ma trận nhị phân trong Excel. Cách mã hóa dữ liệu sẽ như sau: Số 1 đại diện cho sự hiện diện của băng DNA, trong khi số 0 cho thấy không có băng DNA.

Dữ liệu này sau đó sẽ được dùng để xây dựng cây phân loại di truyền cho các giống dâu tây dựa vào phần mềm NTSYSpc 2.1 theo phương pháp phân nhóm đôi các giá trị trung bình số học UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean). Biểu đồ cây phân loại di truyền sẽ được tạo ra thông qua phương pháp SAHN (Sequential Agglomerative Hierarchical Non-overlapping) trong phần mềm NTSYSpc 2.1.

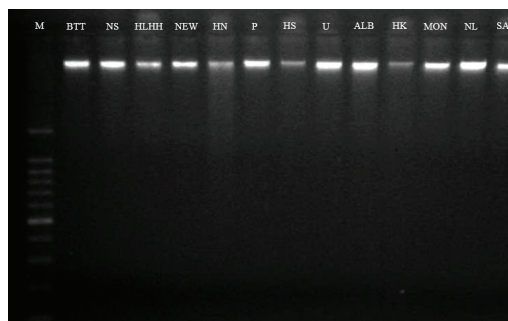
Thực hiện tính toán chỉ số đa hình PIC (Polymorphic Information Content) của mỗi băng RAPD được tính theo công thức: $PIC(i) = 1 - \sum P_{ij}^2$ [28]. Chỉ số sai khác giữa các cấp mỗi R_p (resolving power) được tính theo công thức: $R_p = \sum I_p$, trong đó, I_p là giá trị đại diện cho thông tin của đoạn, $I_p = 1 - (2 \times |0,5 - p|)$, p là tỷ lệ các mẫu xuất hiện băng vạch [29].

3. Kết quả và bàn luận

3.1. Kết quả tách chiết DNA tổng số

Trong nghiên cứu này, tổng số DNA được ly trích từ mẫu lá của 13 giống dâu tây đều đạt chất lượng tốt, đáp

ứng đủ điều kiện cho các thí nghiệm đánh giá đa dạng di truyền dựa vào chỉ thị RAPD (hình 2).

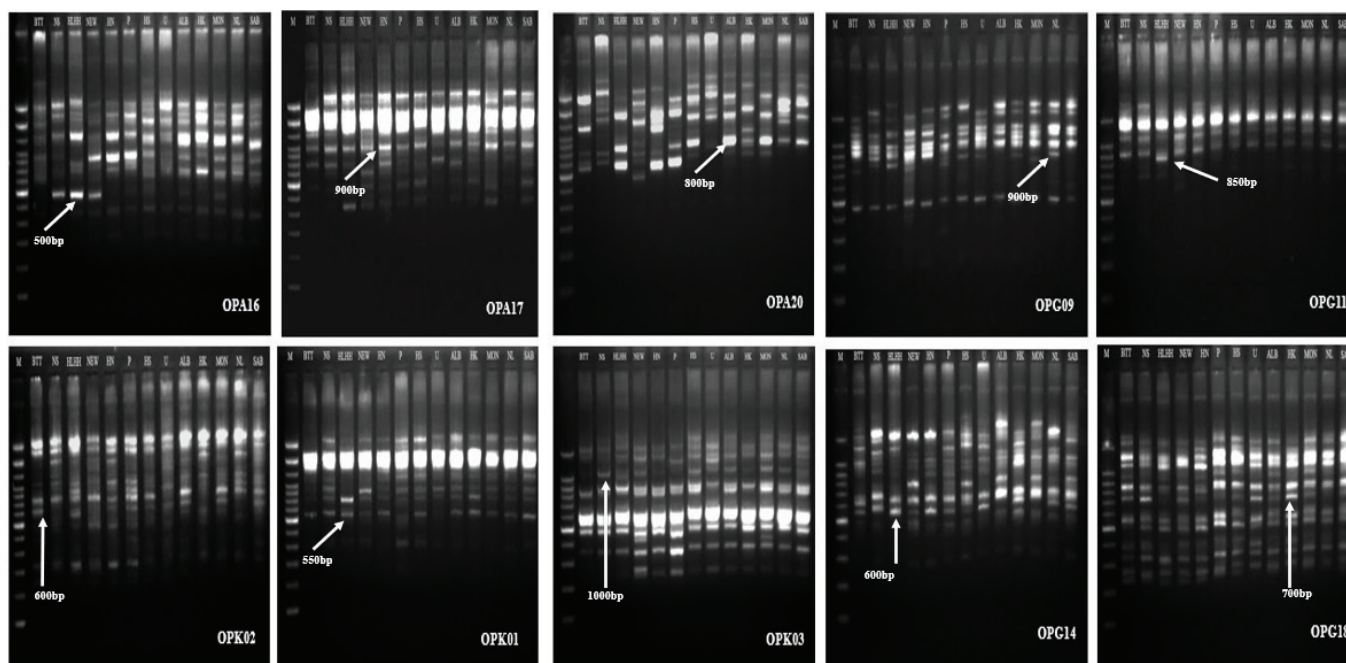


Hình 2. Kết quả điện di DNA tổng số. M là thang chuẩn (1 kb).

3.2. Đa dạng di truyền dựa trên chỉ thị RAPD

Kết quả nghiên cứu cho thấy, tất cả 10 mồi RAPD được dùng để đánh giá đa dạng di truyền của 13 giống dâu tây đều tạo ra sản phẩm khuếch đại. Tuy nhiên, có sự khác biệt rõ về số lượng băng được khuếch đại, tỷ lệ đa hình ở các mồi khác nhau (hình 3).

Kết quả bảng 3 cho thấy, tất cả các mồi đều tạo ra sản phẩm khuếch đại với số lượng băng dao động từ 11 đến 16, tỷ lệ băng đa hình từ 64,23 đến 100%, phản ánh mức độ đa dạng di truyền giữa 13 giống dâu tây được khảo sát. Trong đó, mồi OPA20 thể hiện hiệu suất vượt trội với 100% băng đa hình, kích thước từ 300 đến 2500 bp, trong khi mồi OPK03 có tỷ lệ thấp nhất (64,23%)



Hình 3. Kết quả điện di với 10 chỉ thị RAPD. M là thang chuẩn (1kb). Các băng đa hình rõ nét (300-2600 bp) được dùng để phân tích RAPD. Mũi tên chỉ ra các băng đa hình của mồi.

và 5 băng đồng hình tại kích thước 220, 350, 550, 850 và 1500 bp. Trong nghiên cứu của R.G.F. Morales và cs (2011) [27], chỉ ghi nhận một băng đa hình trong chín băng (tương đương 12,5%), nghiên cứu hiện tại cho thấy khả năng vượt trội của mỗi OPA20 trong việc phát hiện sự đa hình di truyền của các giống dâu tây. Kết quả cũng chỉ ra, mỗi OPK03 cho kết quả tốt hơn so với nghiên cứu của H.A.M. Khalil và cs (2019) [30], trong đó chỉ phát hiện 1 băng đa hình trong 4 băng tương đương 25%. Việc gia tăng số lượng và tỷ lệ băng đa hình cho thấy sự tối ưu trong điều kiện phản ứng và độ đa dạng của các giống khảo sát.

Một số mồi như OPA16, OPG09, OPG14 và OPK02 có tỷ lệ đa hình cao (trên 85%), cùng với chỉ số PIC (0,35, 0,33, 0,38 và 0,45) và Rp (13,38, 12,31, 15,23 và 10,15) đạt mức tương đối cho thấy độ phân giải tốt và mức độ đa hình cao của các mồi trong đánh giá sự đa dạng di truyền. Mỗi OPA16 tạo ra 12 băng, trong đó có 11 băng đa hình, chiếm tỷ lệ 91,67% và một băng đồng hình tại vị trí 500 bp. Kích thước các băng dao động 300-2000 bp. Kết quả tương tự được tìm thấy trong nghiên cứu của G.R. Aristya và cs (2019) [23] ở giống dâu tây và một số giống mâm xôi. Điều này cho thấy, mỗi OPA16 có tính ổn định và độ nhạy cao trong việc phát hiện đa hình ở giống dâu tây. Mỗi OPG09 nghiên cứu trên cây nghệ tây cho tổng số băng là 10, với số băng đa hình là 7, chiếm tỷ lệ 70%. Chỉ số PIC là 0,27 và chỉ số sai khác Rp là 4,41. Trong nghiên cứu của M.A. Mir và cs (2021) [31] cho thấy, mỗi OPG09 cho kết quả đa hình khá cao các chỉ số Rp và PIC đều đạt ở mức trên trung bình. Mỗi OPG14 khuếch đại được 16 băng, trong đó có 13 băng đa hình, chiếm tỷ lệ 81,25% và 3 băng đồng hình tại các vị trí 300, 450 và 650 bp. So

sánh với nghiên cứu của H.M. Kwon và cs (2020) [32], chỉ phát hiện 6 băng đa hình trong 8 băng, tương đương 75% và chỉ số PIC là 0,38. Kết quả hiện tại không chỉ ghi nhận số lượng băng cao gấp đôi mà còn đạt cùng chỉ số PIC, khẳng định tính phân biệt di truyền mạnh hơn của mỗi OPG14. Mỗi OPK02 tạo ra tổng cộng 15 băng, trong đó có 13 băng đa hình, chiếm tỷ lệ 86,67% và 2 băng đồng hình tại kích thước 1800 và 2100 bp. Tại vị trí 320 bp, băng xuất hiện ở tất cả các giống khảo sát, ngoại trừ giống U, cho thấy khả năng phân biệt tốt giữa các giống. Trong nghiên cứu của M.S.H. Bir và cs (2018) [33], mỗi OPK02 tạo ra 10 băng, trong đó có 9 băng đa hình, chiếm tỷ lệ 90% khi phân tích 18 biến thể soma của cây dâu tây. Mặc dù số lượng băng được phát hiện trong nghiên cứu hiện tại nhiều hơn (15 so với 10), tỷ lệ đa hình nhìn chung tương đương. Điều này cho thấy mỗi OPK02 có độ tin cậy và khả năng ứng dụng cao trong việc phân tích đa dạng di truyền ở nhiều loài cây khác nhau.

Ngoài ra, các mồi như OPG18 và OPK01, dù có số lượng băng đồng hình cao hơn, vẫn phát hiện được sự phân biệt rõ giữa các giống, phản ánh sự khác biệt về vật chất di truyền, có thể do điều kiện canh tác hoặc lai tạo. So sánh với một số nghiên cứu trước cho thấy, hầu hết các mồi trong nghiên cứu hiện tại cho hiệu suất cao hơn, khẳng định tính ổn định và khả năng ứng dụng thực tiễn của chúng [23, 27, 28, 32].

Phân tích hệ số PIC của 10 mồi RAPD cho thấy, mỗi OPK02 có chỉ số PIC cao nhất (0,45), chứng tỏ OPK02 được sử dụng phổ biến trong nghiên cứu đa dạng di truyền. Hệ số PIC của các mồi OPA20 (0,40), OPG14 (0,38), OPA17 (0,36), OPA16 (0,35), OPG18 (0,33), OPG09 (0,33) và OPK03 (0,32) cho thấy chúng có khả

Bảng 3. Hệ số khoảng cách di truyền của 13 giống dâu tây dựa trên 10 mồi RAPD.

Mẫu	BTT	NS	HLHH	NEW	HN	P	HS	U	ALB	HK	MON	NL	SAB	Trung bình
BTT	0,00													
NS	0,27	0,00												
HLHH	0,40	0,39	0,00											
NEW	0,34	0,29	0,47	0,00										
HN	0,29	0,24	0,35	0,24	0,00									
P	0,38	0,33	0,40	0,30	0,34	0,00								
HS	0,38	0,30	0,34	0,28	0,26	0,24	0,00							
U	0,31	0,30	0,41	0,36	0,32	0,35	0,24	0,00						
ALB	0,41	0,33	0,37	0,35	0,31	0,29	0,18	0,25	0,00					
HK	0,41	0,23	0,44	0,36	0,27	0,34	0,24	0,19	0,22	0,00				
MON	0,41	0,31	0,40	0,34	0,29	0,27	0,17	0,27	0,11	0,24	0,00			
NL	0,44	0,29	0,41	0,37	0,31	0,39	0,26	0,26	0,24	0,21	0,22	0,00		
SAB	0,41	0,43	0,40	0,41	0,33	0,37	0,24	0,30	0,22	0,29	0,28	0,24	0,00	
Trung bình	0,37	0,31	0,40	0,33	0,30	0,32	0,22	0,25	0,20	0,25	0,25	0,24		0,29

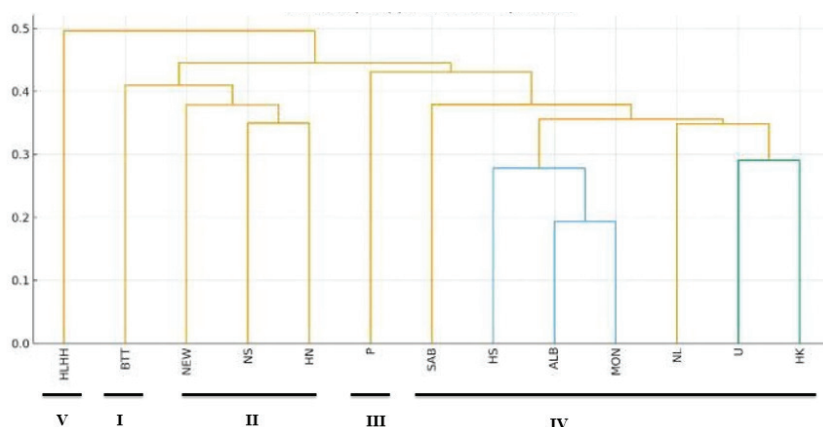
năng phân biệt đa dạng di truyền khá tốt. Các mẫu như OPG11 (0,28) và OPK01 (0,24) có chỉ số PIC thấp, điều này cho thấy chúng có khả năng phân biệt kém hơn và có thể ít hiệu quả trong việc phát hiện sự đa dạng di truyền trong các mẫu (bảng 3).

Chỉ số sai khác giữa các cặp mẫu (Rp) cho thấy sự tương quan giữa kiểu gen với chỉ thị phân tử DNA, chỉ số Rp càng cao chứng tỏ chỉ thị đó hiệu quả trong việc phân nhóm kiểu gen. Chỉ số Rp trung bình của 10 mẫu RAPD là 11,12. Mẫu OPK01, có chỉ số Rp thấp nhất là 6,15. Mẫu OPA20 và OPG14 có chỉ số Rp cao nhất là 15,23. Hai mẫu OPA14 và OPA20 có chỉ số Rp cao nhất là 15,23, cho thấy hai mẫu này có khả năng phân biệt rất mạnh mẽ giữa các mẫu và có thể tạo ra nhiều băng đặc trưng. Các mẫu OPK02, OPG09, OPA16, OPG18 có chỉ số Rp lần lượt là 10,15, 12,31, 13,38, 13,85, cũng khá cao, cho thấy khả năng phân biệt tốt. Các mẫu như OPK01 (6,15), OPG11 (7,08), OPA17 (8,31), OPK03 (9,54) có chỉ số Rp thấp hơn, cho thấy khả năng phân giải của chúng là yếu, và các kết quả thu được có thể ít rõ ràng hơn.

3.3. Phân nhóm di truyền của các giống dâu tây

Khoảng cách di truyền càng nhỏ thì hai mẫu càng tương đồng, ít khác biệt về mặt di truyền và đứng gần nhau trong cây phát sinh loài. Kết quả cho thấy, hệ số khoảng cách di truyền của 13 giống dâu tây nằm trong khoảng 0,11-0,47 với giá trị trung bình là 0,29. Hai giống dâu tây là ALB và MON có mối quan hệ di truyền gần nhau nhất, với hệ số khoảng cách di truyền là 0,11. Trong khi đó, giữa các giống như HLHH và NEW có mối quan hệ di truyền khá xa nhau với hệ số khoảng cách di truyền là 0,47.

Tính hữu hiệu của các mẫu RAPD trong việc giải quyết các liên kết di truyền đã được xác nhận bởi cây phân nhóm di truyền (hình 4), cho thấy sự biến đổi di truyền giữa các giống dâu tây với 2 cụm chính và 5 nhóm riêng biệt.



Hình 4. Cây phân nhóm di truyền 13 giống dâu tây dựa vào 10 mẫu RAPD.

Sơ đồ phân nhóm di truyền của 13 giống dâu tây được phân thành 5 nhóm chính, các nhóm 1 giống bao gồm nhóm I chỉ có sự hiện diện của một giống là giống BTT, nhóm III có sự hiện diện của giống Pháp và nhóm V có sự hiện diện của giống HLHH. Giống BTT có nguồn gốc từ Nam Mỹ, trái màu trắng, trong khi đó, giống HLHH có hoa màu hồng. Điều này chứng tỏ giống này có sự khác biệt di truyền so với các giống còn lại và được chia riêng lẻ thành một nhóm. Kết quả nghiên cứu phù hợp với nghiên cứu của T.T.Y. Nhu và cs (2025) [34], kết quả đánh giá đa dạng di truyền của sáu giống dâu tây bằng mẫu rbcL marker chỉ ra giống HLHH được tách ra thành nhóm riêng thông qua phương pháp phân tích maximum parsimony.

Nhóm II có hệ số khoảng cách di truyền nằm trong khoảng 0,23-0,27, tương ứng với hệ số tương đồng di truyền là 0,73-0,77. Nhóm II được chia thành hai nhóm phụ, nhóm phụ II.1 có 2 giống NS và HN, nhóm phụ II.2 có giống NEW. Trong đó, Nhật Sky hay Skyberry và Hana là hai giống dâu tây có chung nguồn gốc từ Nhật Bản (bảng 1). Trong khi đó, giống NEW lại có nguồn gốc từ châu Mỹ nên chúng tách biệt với giống HN và HS.

Nhóm IV bao gồm 7 giống, có hệ số khoảng cách di truyền là 0,11-0,27 tương ứng với hệ số tương đồng di truyền là 0,73-0,89, được chia thành ba nhóm bên trong. Nhóm phụ IV.1 bao gồm các giống HS, ALB và MON. Hai giống là Albion và Monterey được phát triển tại Đại học California, có hệ số khoảng cách là 0,11, điều này có thể chứng minh hai giống ALB và MON có thể cùng chung bố mẹ với nhau. Mặc dù các giống dâu tây được lai tạo từ các chương trình nhân giống khác nhau, việc trao đổi nguồn gen cũng có thể xảy ra trong các giống [35]. Các giống trong nhóm IV.2 có nguồn gốc từ nhiều quốc gia khác nhau như Úc, Hàn Quốc và Nhật Bản. Các giống được phân loại nhóm phụ IV.2 bao gồm U, HK và NL,

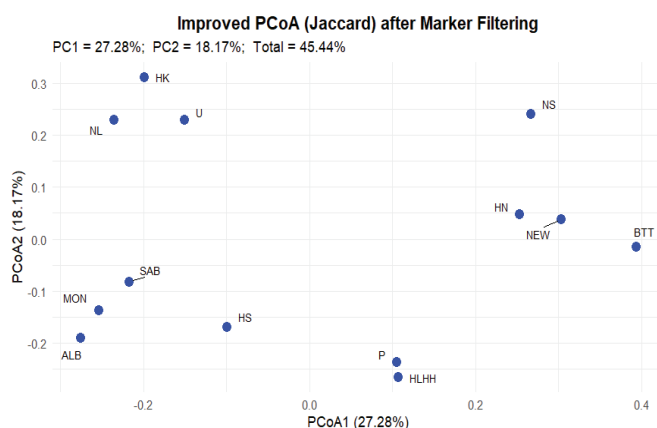
được phân loại theo chất lượng trái (trái ngọt) [9] cho thấy có mối quan hệ gần với nhau. Nhóm phụ IV.3 phân thành nhóm nhỏ, chỉ tồn tại giống SAB. Giống SAB mặc dù có cùng nguồn gốc với NEW, nhưng có vẻ chúng được lai tạo từ các kiểu gen khác nhau.

Việc đa dạng hóa nguồn giống từ nhiều quốc gia góp phần nâng cao chất lượng sản phẩm dâu tây và vì thế, khả năng chia sẻ nguồn gene giữa chúng là rất cao, góp phần tạo nên mối quan hệ di truyền giữa chúng. Mặt khác, có những giống có nguồn gốc

khác nhưng lại có quan hệ di truyền gần với nhau, có thể do điều kiện sinh trưởng khắc nghiệt dẫn đến sự biến đổi trong bộ gene. Ngoài ra, việc trồng ở các trang trại tại Đà Lạt có thể xảy ra hiện tượng lẫn giống hoặc chia sẻ nguồn vật liệu nhân giống, dẫn đến lẫn tạp trong bộ gene của các giống, tạo nên sự tương đồng di truyền giữa chúng.

3.4. Phân tích thành phần chính

Để phản ánh tốt mối quan hệ di truyền của 13 giống dâu tây dựa trên ma trận tương đồng di truyền, phân tích thành phần chính (PCoA) được tiến hành. Trong mô hình PCoA, hai thành phần chính đóng góp 27,28 và 18,17% (tổng 45,44%) (hình 5). Các mẫu được chia thành 3 nhóm chính. Nhóm thứ nhất (NL, HK, U, MON, SAB, ALB, HS) tập trung về phía âm của trục PCoA1, thể hiện sự tương đồng di truyền cao, có thể đại diện cho nhóm bản địa hoặc cùng nguồn gốc tiến hóa. Nhóm thứ hai gồm P và HLHH nằm ở vị trí trung gian, có khả năng là kết quả của quá trình lai tạo hoặc giao thoa giữa hai nhóm còn lại. Nhóm thứ ba (NEW, HN, NS, BTT) phân bố về phía dương của trục PCoA1, thể hiện sự sai khác di truyền lớn hơn, trong đó BTT và NS là hai mẫu tách biệt rõ rệt, có thể mang đặc điểm gen đặc thù hoặc nguồn gốc ngoại lai. Tổng thể, kết quả phản ánh sự đa dạng di truyền tương đối cao giữa các mẫu, đồng thời chứng minh hiệu quả của quá trình lọc marker trong việc cải thiện chất lượng dữ liệu. Sự phân bố các nhóm di truyền này có ý nghĩa quan trọng trong chọn giống, bảo tồn nguồn gen và đánh giá quan hệ di truyền, đặc biệt khi lựa chọn các mẫu khác biệt di truyền để lai tạo nhằm tăng tính đa dạng trong quần thể. Kết quả tương tự cũng được ghi nhận trong nghiên cứu của M. Paul và cs (2018) [36] và O. Prakash và cs (2019) [37], đã sử dụng chỉ thị phân tử để đưa ra sự khác biệt di truyền trong số các giống cà chua dựa vào kết quả phân tích của PCoA.



Hình 5. Phân tích thành phần chính (PCoA analysis) của chỉ thị RAPD cho thấy sự đa dạng phân tử giữa 13 kiểu gen dâu tây.

4. Kết luận

Nghiên cứu sử dụng 10 mồi RAPD để đánh giá tính đa hình di truyền của 13 giống dâu tây, ghi nhận tổng cộng 113 băng đa hình, với trung bình 11,3 băng trên mỗi mồi. Giá trị PIC trung bình đạt 0,34, phản ánh mức độ đa dạng di truyền nhất định giữa các giống được khảo sát. Chỉ số sai khác Rp trung bình đạt 11,2 thể hiện hiệu quả cao trong việc phân nhóm kiểu gen của các mồi. Cây phân nhóm di truyền chia 13 giống dâu tây thành năm nhóm, với khoảng cách di truyền trung bình là 0,29. Trong đó, các nhóm I, III và V, mỗi nhóm chỉ gồm một giống, do sự khác biệt về nguồn gốc. Nhóm IV bao gồm phần lớn các giống, cho thấy sự tương đồng di truyền và phản ánh mối quan hệ lai tạo giữa chúng. Kết quả này góp phần làm rõ thêm về tính đa dạng di truyền của các giống dâu tây tại Việt Nam, là cơ sở quan trọng cho việc bảo tồn và chọn tạo giống mới trong tương lai.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu được tài trợ bởi Trường Đại học Trà Vinh thông qua Hợp đồng số 34/2025/HĐ.HĐKH&ĐT-ĐHTV. Các tác giả xin trân trọng cảm ơn.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] J.V.W. Corrêa, G.G. Weber, A.R. Zeist, et al. (2021), "ISSR analysis reveals high genetic variation in strawberry three-way hybrids developed for tropical regions", *Plant Molecular Biology Reporter*, **39**(3), pp.566-576, DOI: 10.1007/s11105-020-01270-7.
- [2] F. Giampieri, S. Tulipani, J.M.A. Suarez, et al. (2012), "The strawberry: Composition, nutritional quality, and impact on human health", *Nutrition*, **28**(1), pp.9-19, DOI: 10.1016/j.nut.2011.08.009.
- [3] M.K. Biswas, M. Dutt, U.K. Roy, et al. (2009), "Development and evaluation of *in vitro* somaclonal variation in strawberry for improved horticultural traits", *Scientia Horticulturae*, **122**(3), pp.409-416.
- [4] Tromboncino Squash (2025), *Tochiotome Strawberries Information and Facts*, https://www.specialtyproduce.com/produce/Tochiotome_Strawberries_15084.php, accessed 15 October 2025.
- [5] I. Lewis (1989), "Strawberry production in New Zealand", *Acta Hort.*, **265**, pp.719-722, DOI: 10.17660/ActaHortic.1989.265.114.
- [6] P. Roudeillac, P. Creach, A. Fourel (1989), "Evolution of French strawberry production during the last years", *Acta Hort.*, **265**, pp.679-688, DOI: 10.17660/ActaHortic.1989.265.105.
- [7] V. Douglas, D. Shaw, I. Kirk, et al. (2006), "Strawberry plant name 'Albion'", *The Regents of The University of California, Oakland, CA (US) United States Patent*, 8pp.
- [8] V. Douglas, D. Shaw, I. Kirk, et al. (2009), *Strawberry Plant Named MONTEREY*, U.S.P. Patent, 7pp.
- [9] H.E. Minori (2020), "Improvement in the shelf-life of japanese strawberry fruits by breeding and post-harvest techniques", *The Horticulture Journal*, **89**(2), pp.115-123, DOI: 10.2503/hortj.UTD-R008.

- [10] M. Gallace (1989), "Strawberry culture in the state of Victoria, Australia", *Acta Hortic.*, **265**, pp.755-755, DOI: 10.17660/ActaHortic.1989.265.123.
- [11] J. Nielsen, P. Lovell (2000), "Value of morphological characters for cultivar identification in strawberry (*Fragaria × ananassa*)", *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*, **28**, pp.89-96, DOI: 10.1080/01140671.2000.9514128.
- [12] E.J. Meulenbroek, C.P.J. Lindeloof, W.E. Weg (1993), "Strawberry breeding in the Netherlands", *Acta Hortic.*, **348**, pp.277-277, DOI: 10.17660/ActaHortic.1993.348.52.
- [13] F. Capocasa, J. Diamanti, S. Tulipani, et al. (2008), "Breeding strawberry (*Fragaria × ananassa* Duch) to increase fruit nutritional quality", *Biofactors*, **34(1)**, pp.67-72, DOI: 10.1002/biof.5520340107.
- [14] V. Tatineni, R.G. Cantrell, D.D. Davis (1996), "Genetic diversity in elite cotton germplasm determined by morphological characteristics and RAPDs", *Crop Science*, **36(1)**, pp.186-192, DOI: 10.2135/cropsci1996.0011183X003600010033x.
- [15] A. Chambers, S. Carle, W. Njuguna, et al. (2013), "A genome-enabled, high-throughput, and multiplexed fingerprinting platform for strawberry (*Fragaria* L.)", *Molecular Breeding*, **31(3)**, pp.615-629, DOI: 10.1007/s11032-012-9819-3.
- [16] M.C. Neel, N.C. Ellstrand (2003), "Conservation of genetic diversity in the endangered plant *Eriogonum ovalifolium* var. *vineum* (Polygonaceae)", *Conservation Genetics*, **4(3)**, pp.337-352, DOI: 10.1023/A:1024017029933.
- [17] H. Nybom, I.V. Bartish (2000), "Effects of life history traits and sampling strategies on genetic diversity estimates obtained with RAPD markers in plants", *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics*, **3(2)**, pp.93-114, DOI: 10.1078/1433-8319-00006.
- [18] P.D. Quynh, N.T. Giang, L.T.T. Hang (2020), "Genetic diversity of some *Polianthes tuberosa* L. by using ISSR and RAPD markers", *Biotechnology Conference*, **6**, pp.105-111 (in Vietnamese).
- [19] N.N. Tuyen, N.Q. Co, N.T. Tam, et al. (2021), "Analysing genetic diversity of local Xiem Chili of Quang Ngai province by RAPD markers", *HUAF Journal of Agricultural Science & Technology*, **5(1)**, pp.2237-2242, DOI: 10.46826/huaf-jasat.v5n1y2021.382 (in Vietnamese).
- [20] A.N. Nowak, D. Olszewska (2018), "Molekularna identyfikacja ustalonych i mieszańcowych form *Capsicum annuum* L. z wykorzystaniem markerów RAPD", *Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych*, **592**, DOI: 10.22630/ZPPNR.2018.592.6.
- [21] S. Rasphone, T.H. N. Ho, T.L. Dang, et al. (2022), "Genetic diversity analysis of black pepper (*Piper* spp.) with RAPD markers", *Hue University Journal of Science: Natural Science*, **131(1D)**, pp.49-59, DOI: 10.26459/hueunijns.v131i1D.6715.
- [22] D.T. Son, N.T.N. Anh, N.T. Hang, et al. (2023), "Genetic diversity analysis of 10 oyster mushrooms (*Pleurotus* spp.) accessions by RAPD and ISSR markers", *Vietnam J. Agri. Sci.*, **21(12)**, pp.1612-1621, DOI: 10.31817/tckhnnvn.2023.21.12 (in Vietnamese).
- [23] G.R. Aristya, R.S. Kasiamdari, R. Setyoningrum, et al. (2019), "Genetic variations of strawberry cultivars of *Fragaria x ananassa* and *Fragaria vesca* based on RAPD", *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, **20(3)**, pp.770-775, DOI: 10.13057/biodiv/d200322.
- [24] R.A. Arafa, J. Prohens, S.Ø. Solberg, et al. (2022), "Breeding and genome mapping for resistance to biotic stress in eggplant", *Genomic Designing for Biotic Stress Resistant Vegetable Crops*, pp.147-187, DOI: 10.1007/978-3-030-97785-6_4.
- [25] S. Slameto (2023), "Genetic diversity and molecular analysis using RAPD markers of banana cultivars in the five regions of East Java, Indonesia", *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, **24(9)**, DOI: 10.13057/biodiv/d240947.
- [26] N.W. Simmonds (1962), "Variability in crop plants, its use and conservation", *Biological Reviews*, **37**, pp.422-65.
- [27] R.G.F. Morales, J.T.V. Resende, M.V. Faria, et al. (2011), "Genetic similarity among strawberry cultivars assessed by RAPD and ISSR markers", *Scientia Agricola*, **68**, pp.665-670, DOI: 10.1590/S0103-90162011000600010.
- [28] R.R. Sokal, C.D. Michener (1958), "A statistical method for evaluating systematic relationships", *University of Kansas*, **28**, pp.1409-1438.
- [29] A. Prevost, M.J. Wilkinson (1999), "A new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars", *Theoretical and Applied Genetics*, **98(1)**, pp.107-112, DOI: 10.1007/s001220051046.
- [30] H.A.M. Khalil, M.A.I. Khalil, H.M.E. Arish, et al. (2019), "Effect of cultivars, growth regulator and sub-culture on the plantlet shoots formation and rapid analysis of strawberry cultures *in vitro*", *The Future Journal of Biology*, **3**, pp.12-25.
- [31] M.A. Mir, S. Mansoor, M. Sugapriya, et al. (2021), "Deciphering genetic diversity analysis of saffron (*Crocus sativus* L.) using RAPD and ISSR markers", *Saudi Journal of Biological Sciences*, **28(2)**, pp.1308-1317, DOI: 10.1016/j.sjbs.2020.11.063.
- [32] H.M. Kwon, M.J. Lee, J.H. Nam, et al. (2020), "Assessing the genetic similarity of F1 strawberry plants (*Fragaria × ananassa* Duch.) using RAPD markers", *European Journal of Horticultural Science*, **85(6)**, pp.447-454, DOI: 10.17660/ejHS.2020/85.6.9.
- [33] M.S.H. Bir, M.S. Haque, M. Haque, et al. (2018), "Analysis of genetic polymorphisms in somaclonal variants of strawberry by RAPD markers", *Bioscience Research*, **15(3)**, pp.2840-2847.
- [34] T.T.Y. Nhu, N.K. Nhu, T.T.K. Nhu, et al. (2025), "Phylogenetic tree analysis of six strawberry (*Fragaria* spp.) cultivars using DNA barcode", *Hue University Journal of Science: Natural Science*, **134(1S-2)**, pp.59-70, DOI: 10.26459/hueunijns.v134i1S-2.7990.
- [35] G.M. Darrow, G.F. Waldo, C.E. Schuster (1933), "Twelve years of strawberry breeding. A summary of the strawberry breeding work of the United States Department of Agriculture", *J. Hered.*, **24(10)**, pp.391-402, DOI: 10.1093/oxfordjournals.jhered.a103683.
- [36] M. Paul, S.R. Saha (2018), "Assessment of genetic diversity of different tomato genotypes using RAPD markers", *Progressive Agriculture*, **29(4)**, pp.276-283, DOI: 10.3329/pa.v29i4.41341.
- [37] O. Prakash, S. Choudhary, S. Kumar, et al. (2019), "Genetic divergence studies in tomato (*Solanum lycopersicum* L.)", *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, **8(3)**, pp.4486-4488, DOI: 10.20546/ijcmas.2018.709.276.