



Ảnh hưởng của yếu tố địa lý đến đa dạng di truyền của loài Vàng sè ở miền trung Việt Nam

Nguyễn Duy Ngọc Tân¹, Trần Minh Đức¹, Nguyễn Hồ Lam², Phạm Thành³

¹Trường Đại học Nông lâm, Đại học Huế

²Viện Nghiên cứu phát triển Kinh tế - Xã hội, Đại học Huế

³Trường Đại học Sư phạm, Đại học Huế

THÔNG TIN BÀI BÁO

Quá trình xử lý:

Ngày nhận bài: 03/4/2024

Ngày nhận bản chỉnh sửa: 20/6/2024

Ngày nhận đăng: 24/6/2024

Ngày xuất bản: 20/4/2026

Từ khóa:

Vàng sè;

Jasminum nervosum;

Jasminum subtriplinerve;

rbcl;

trnH-psbA.

TÓM TẮT

Chúng tôi sử dụng các chỉ thị *rbcl* và *trnH-psbA* để đánh giá đa dạng di truyền loài Vàng sè từ 4 điểm phân bố (Quảng Trị, Thừa Thiên Huế, Đà Nẵng và Quảng Nam). Kết quả nghiên cứu cho thấy sản phẩm PCR của vùng gene *rbcl* có kích thước khoảng 620 bp, trong khi sản phẩm PCR của gene *trnH-psbA* có kích thước khoảng từ 500 đến 550 bp. Kết quả phân tích trình tự nucleotide giữa các mẫu cho thấy sự tương đồng cao, khẳng định rằng các mẫu này thuộc cùng một loài. Tuy nhiên, có sự khác biệt ở vị trí nucleotide 75-102 của vùng gene *trnH-psbA* giữa các mẫu từ Đà Nẵng và Quảng Nam so với các mẫu từ Thừa Thiên Huế và Quảng Trị, phản ánh ảnh hưởng của điều kiện địa lý đến đa dạng di truyền. Sự khác biệt này có thể là dấu hiệu của biến đổi gene do thích nghi với môi trường sống khác nhau hoặc biến động ngẫu nhiên trong quần thể. Khoảng cách di truyền giữa các mẫu nghiên cứu và các loài công bố trên GenBank đối với vùng gene *trnH-psbA* dao động từ 0,0157 đến 0,0342, trong đó các mẫu nghiên cứu có giá trị tương đồng cao nhất với loài *Jasminum nervosum* (tên đồng nghĩa: *J. subtriplinerve*), đạt mức 98,43%. Đối với vùng gene *rbcl*, khoảng cách di truyền dao động từ 0,0028 đến 0,0099, và các mẫu nghiên cứu có giá trị tương đồng cao nhất với loài *J. nervosum*, đạt mức 99,72%. Cây phát sinh chủng loại, được xây dựng bằng phương pháp Neighbor-Joining trên phần mềm MEGA X, thể hiện mối quan hệ di truyền chặt chẽ giữa các mẫu được định danh đối với cả hai vùng gene *trnH-psbA* và *rbcl*. Kết quả này cho thấy sự đồng nhất và mối quan hệ di truyền chặt chẽ giữa các mẫu từ các địa phương khác nhau, đồng thời nêu bật những ảnh hưởng của yếu tố địa lý đến đa dạng di truyền, cho thấy sự biến đổi gene có thể xảy ra do thích nghi với môi trường sống khác nhau hoặc các biến động ngẫu nhiên trong quần thể.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Chi *Jasminum* (họ Oleaceae) phân bố rộng rãi ở vùng nhiệt đới và cận nhiệt đới châu Á và các đảo Thái Bình Dương và được biết đến gồm hai phần là *Trifoliolata* DC. và *Unifoliolata* DC., với tổng số 40 loài ở Việt Nam, bao gồm cả những ghi nhận gần đây (Quang et al., 2021; Quang et al., 2017). Trong đó, loài Vàng sè (chè Vàng) được biết đến và sử dụng rộng rãi vì có nhiều tác dụng tốt cho sức khỏe (Võ, 1997; Bích et al., 2004; Lợi, 2004).

Hiện nay, việc phân loại, xác định các loài thực vật dựa chủ yếu vào phương pháp truyền thống về hình thái học, thường phụ thuộc vào kinh nghiệm của nhà phân loại và dễ gây nhầm lẫn. Phương pháp phân loại, xác định loài bằng phương pháp sinh học phân tử đang được sử dụng phổ biến trên thế giới và cung cấp một cách tiếp cận

Tác giả liên hệ: Phạm Thành;

Địa chỉ e-mail: phamthanh@dhsphue.edu.vn

DOI: <https://doi.org/10.26459/jse.060.2026>

khách quan hơn các phương pháp truyền thống. Một số mã vạch DNA có hiệu quả, thường được sử dụng để phân biệt các loài thực vật như *rbcL*, *trnH-psbA* thuộc hệ gen lục lạp, hay *ITS* (internal transcribed spacer) ở hệ gen nhân (Dhivya et al., 2020; Jamdade et al., 2022; Dong et al., 2012). Bên cạnh đó, đối với các loài cây được liệu, việc xác định chính xác loài là cực kỳ quan trọng để đảm bảo an toàn và hiệu quả của các vật liệu thực vật được sử dụng trong điều trị (Jamdade et al., 2022). Tuy nhiên, hiện nay, một số sản phẩm chè Vằng được bán ra thị trường có thể đã bị pha trộn hoặc do nhầm lẫn về hình thái giữa các loài này. Chính vì vậy, việc áp dụng các kỹ thuật phân tử có thể giải quyết được vấn đề và điều này rất quan trọng cho sự an toàn của người tiêu dùng.

Theo các nghiên cứu trước đây, chè Vằng tại khu vực miền Trung có 02 loài được gọi tên thông thường là Vằng sẻ và Vằng trâu (Anh et al., 2011; Dai et al., 2005). Trong đó, loài Vằng sẻ được sử dụng nhiều vì có nhiều công dụng tốt cho sức khỏe. Tuy nhiên, danh pháp khoa học của các loài này vẫn chưa được thống nhất và có hai quan điểm trái chiều về tên khoa học của loài Vằng sẻ. Cụ thể, nhiều nghiên cứu cho rằng Vằng sẻ có tên khoa học là *Jasminum subtriplinerne* với tên đồng nghĩa là *Jasminum nervosum* (Quang, 2020; The Plant List, 2013; Green, 2006). Trong khi đó, theo Phạm Hoàng Hộ (1999) cùng Trần Ngọc Toàn và cộng sự (2018) đều cho rằng đây là hai loài khác nhau, riêng với Trần Ngọc Toàn định danh loài Vằng sẻ là *Jasminum pentaneurum* và Vằng trâu là *Jasminum nervosum*. Các nghiên cứu này đều dựa trên phương pháp phân loại bằng hình thái, rất dễ gây nhầm lẫn do sự biến đổi hình thái do môi trường hoặc lai tạp.

Khu vực Trung Trung Bộ, trải dài từ Quảng Bình đến Ninh Thuận, có đặc điểm địa hình chia cắt phức tạp bởi dãy Trường Sơn chạy theo hướng Bắc-Nam và các dãy núi phụ đâm ngang ra biển. Trong đó, đèo Hải Vân thuộc dãy Bạch Mã tạo ranh giới tự nhiên giữa hai vùng khí hậu Bắc và Nam Trung Bộ. Chính vì đặc điểm địa hình chia cắt này có thể dẫn đến sự sai khác về mặt di truyền giữa các quần thể sinh vật cùng một loài ở khu vực này.

Nghiên cứu này nhằm mục tiêu (1) Định danh loài Vằng sẻ đang được sử dụng phổ biến tại khu vực Trung Trung Bộ bằng phương pháp sinh học phân tử, (2) Xác định vị trí chính xác của Vằng sẻ trong cây tiến hóa, mối quan hệ với các loài trong cùng chi *Jasminum* và (3) Ảnh hưởng của các vùng địa lý đến đa dạng di truyền của loài. Các kết quả của nghiên cứu này sẽ cung cấp cơ sở khoa học vững chắc cho việc nghiên cứu, ứng dụng loài Vằng sẻ.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu

Bảng 1. Vị trí thu mẫu

STT	X	Y	Địa điểm
1	16.2665	107.7876	Huyện Phú Lộc, tỉnh Thừa Thiên Huế
2	16.7886	106.9987	Huyện Cam Lộ, tỉnh Quảng Trị
3	16.1007	108.3020	Quận Sơn Trà, thành phố Đà Nẵng
4	17.0817	107.0520	Huyện Thăng Bình, tỉnh Quảng Nam

Mẫu lá cây Vằng sẻ được thu hái tại 4 địa điểm thuộc 4 tỉnh/thành phố khu vực Trung Trung Bộ gồm: Thừa Thiên Huế, Quảng Trị, Đà Nẵng và Quảng Nam (bảng 1).

2.2. Tách chiết DNA

DNA tổng số chiết xuất từ lá của các mẫu Vằng sẻ được thực hiện theo quy trình hướng dẫn của bộ kit Plant RNA/DNA Purification Kit, Norgen Biotek. Chất lượng DNA sau đó được kiểm tra bằng phương pháp điện di trên gel agarose 1% trong dung dịch đệm TAE Tris-Acetate-EDTA 1X và nhuộm bằng thuốc nhuộm Gelred (Biotium, Mỹ).

2.3. Phản ứng khuếch đại PCR và giải trình tự gene

Vùng gene Ribulose-1,5-Bisphosphate Carboxylase (*rbcL*) và vùng gene *trnH-psbA* được khuếch đại bằng cách sử dụng thành phần phản ứng PCR như sau với các cặp mồi tương ứng được trình bày ở bảng 2. Các cặp mồi sử dụng trong nghiên cứu được thiết kế dựa trên các công trình trước đây của Dong và cộng sự (2012) và dữ liệu sẵn có trên GenBank.

Bảng 2. Trình tự nucleotide của các cặp mồi

Tên mồi	Trình tự nucleotide (3' → 5')
<i>rbcLF</i>	5'-ATGTCACCACAAACAGAAAC-3'
<i>rbcLR</i>	5'-TCGCATGTACCTGCAGTAGC-3'
<i>trnH</i>	5'-ACTGCCTTGATCCACTTGGC-3'
<i>psbA</i>	5'-CGAAGCTCCATCTACAAATGG-3'

Thành phần phản ứng PCR: 25 μ L GoTaq® Green Master Mix, 2X (Promega), 1 μ L mồi xuôi (10 pmol/ μ L, IDT, Mỹ), 1 μ L mồi ngược (10 pmol/ μ L, IDT, Mỹ), 100 ng DNA khuôn mẫu và bổ sung nước cất vô trùng cho đủ tổng thể tích 50 μ L. Chu trình nhiệt cho phản ứng khuếch đại các đoạn gen: 95°C/5phút; sau đó 30 chu kỳ tiếp

theo với (95°C/45 giây, 55°C/45 giây, 72°C/60 giây) và cuối cùng 72°C/10 phút để hoàn thành phản ứng.

Tất cả các phản ứng đều được thực hiện trong máy luân nhiệt Máy luân nhiệt SimpliAmp™ Thermal Cycler (ThermoFisher, Mỹ). Các sản phẩm PCR được điện di bằng cách sử dụng gel agarose 1% và so sánh với thang chuẩn 1kb (Bioline, UK) để xác định kích thước của sản phẩm khuếch đại. Các sản phẩm khuếch đại PCR sau đó được tinh sạch bằng cách sử dụng ISOLATE II PCR và Gel Kit (Bioline, UK) và sau đó được thực hiện phản ứng giải trình tự gene trên máy ABI 3100 (Applied Biosystems, Mỹ) tại Công ty 1st Base-Malaysia (<https://base-asia.com/>).

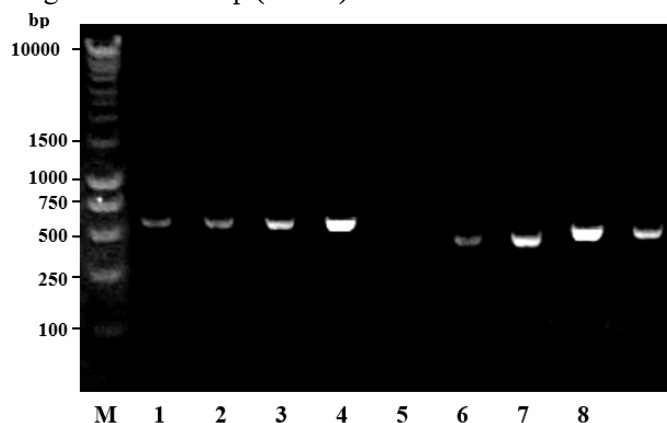
2.4. Phân tích so sánh kết quả trình tự nucleotide

Kết quả giải trình tự được xử lý bằng phần mềm BioEdit và công cụ Blast trên cơ sở dữ liệu ngân hàng gene Mỹ (GenBank) (www.ncbi.nlm.nih.gov) để xác định tên loài. Trong đó so sánh với các trình tự tương đồng trong chi *Jasminum*. Khoảng cách di truyền theo từng cặp mẫu và cây phát sinh chủng loại được xây dựng bởi phương pháp Neighbor-Joining bằng phần mềm MEGA X (Kumar et al., 2018; Tamura et al., 2004).

3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

3.1. Kết quả PCR và giải trình tự các vùng gene

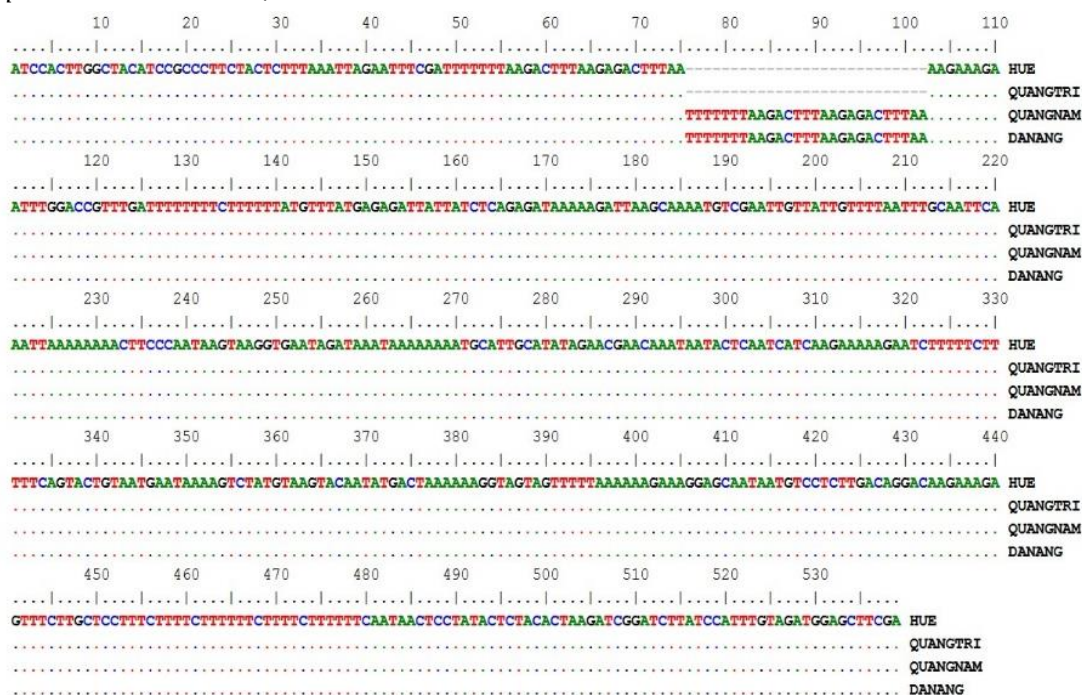
Kết quả điện di sản phẩm PCR cho thấy sản phẩm PCR của vùng gene *rbcL* khoảng 620 bp, đối với đoạn gene *trnH-psbA* vào khoảng 500 đến 550 bp (hình 1).



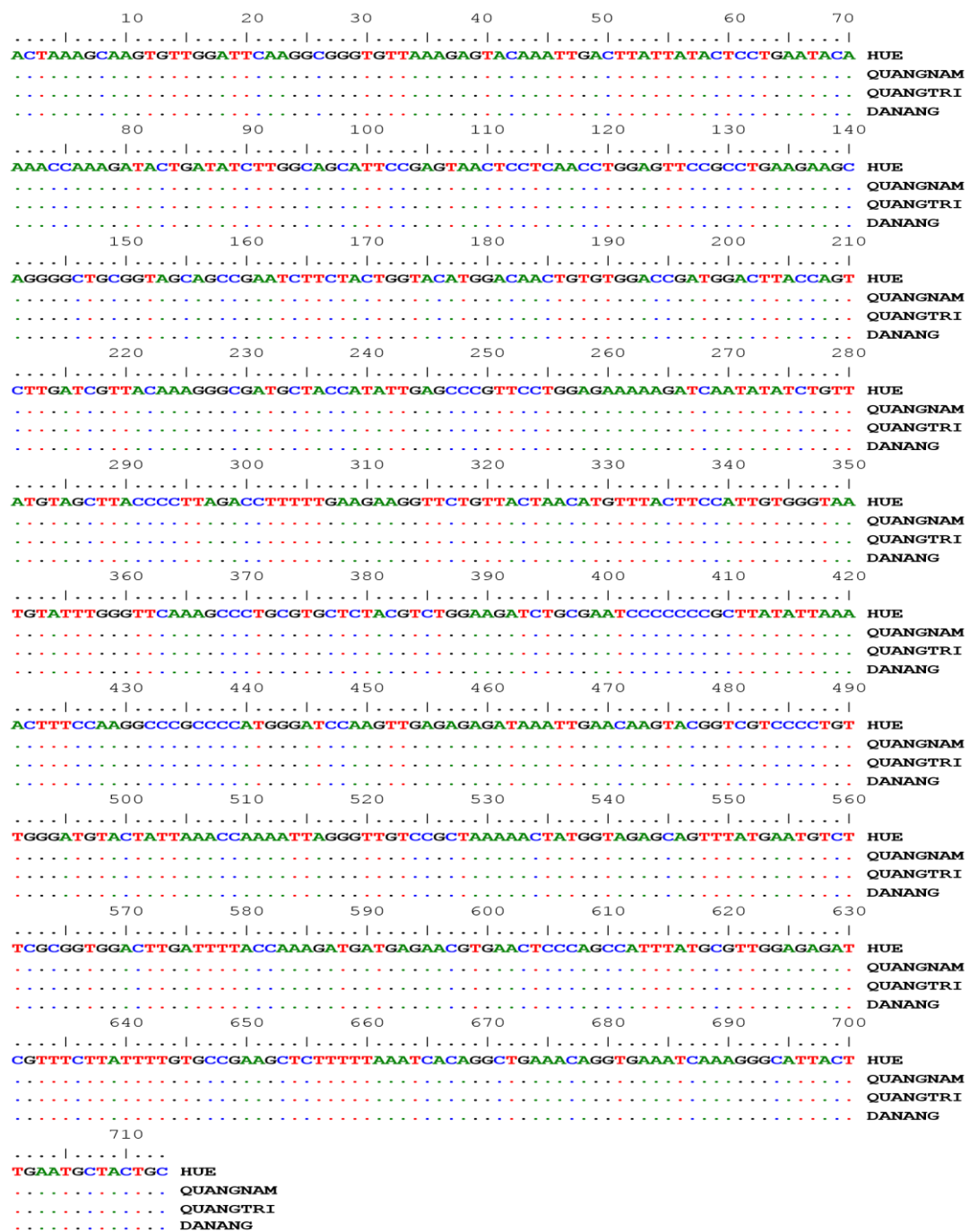
Hình 1. Kết quả điện di sản phẩm PCR.

Ghi chú: Giếng M: Khối lượng thang chuẩn DNA (100 -10.000 bp, Bioline), Giếng 1 đến 4 là sản phẩm PCR đối với vùng gene *rbcL*; giếng 5 đến 8 là sản phẩm PCR đối với vùng gene *trnH-psbA*

3.2. Kết quả canh chỉnh trình tự nucleotide



Hình 2. Kết quả canh chỉnh trình tự nucleotide giữa các mẫu đối với vùng gene *trnH-psbA*.



Hình 3. Kết quả canh chỉnh trình tự nucleotide giữa các mẫu đối với vùng gene *rbcL*.

Theo kết quả canh chỉnh trình tự nucleotide giữa các mẫu đối với vùng gene *trnH-psbA* (hình 2) và *rbcL* (hình 3) cho thấy sự tương đồng cao giữa các mẫu từ các địa phương khác nhau và có thể khẳng định chúng thuộc cùng một loài. Tuy nhiên, đối với vùng gene *trnH-psbA*, mẫu DANANG và QUANGNAM có sự sai khác với mẫu HUE và QUANGTRI tại vị trí nucleotide 75 -102. Sự khác biệt có thể phản ánh sự ảnh hưởng của điều kiện địa lý đến đa dạng di truyền của các mẫu. Điều này có thể là dấu hiệu của biến đổi gene do thích nghi với môi trường sống khác nhau hoặc biến động ngẫu nhiên trong quần thể.

3.3. Khoảng cách di truyền giữa các mẫu nghiên cứu và các loài công bố trên GenBank

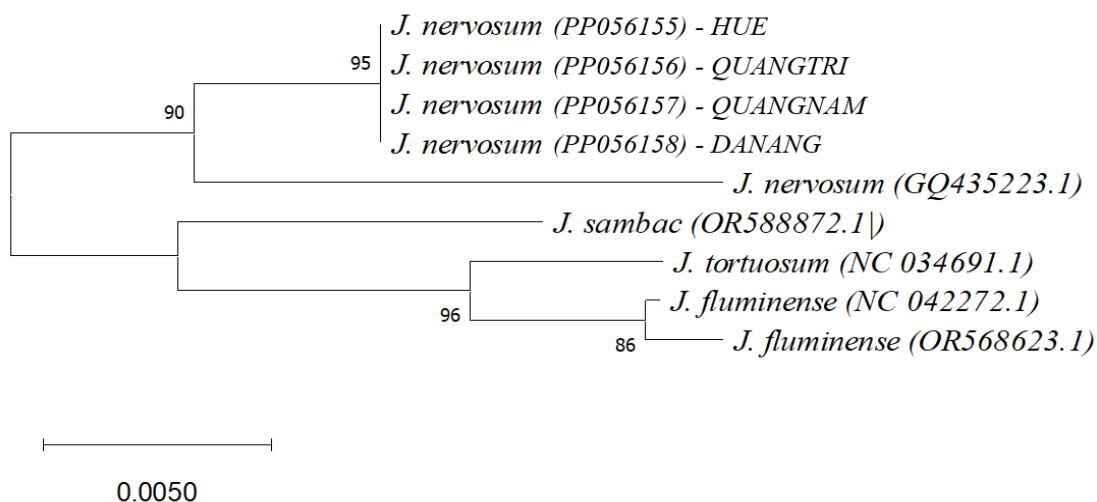
Theo bảng 3 và bảng 4, chỉ số biến thiên trung bình của khoảng cách di truyền trong các loài trong chi *Jasminum* ở các vùng gene *trnH-psbA* và *rbcL* dao động trong khoảng 0,0157 - 0,0342 và 0,0028-0,0099. Trong đó, các mẫu có giá trị tương đồng cao với loài *J. nervosum* đối với cả hai vùng gen lần lượt là 98,43% và 99,72%. Toàn bộ trình tự nucleotide của các vùng gene thu được đã được đăng ký trên GenBank, với các mã số tương ứng: PP056155 – PP056158 (*trnH-psbA*) và OR995273 - OR995276 (*rbcL*), với tên khoa học là *J. nervosum* (tên đồng nghĩa là *J. subtripplinerve*) (hình 4, hình 5).

Bảng 3. Khoảng cách di truyền giữa các mẫu nghiên cứu và các loài công bố trên GenBank đối với vùng gene *trnH-psbA*

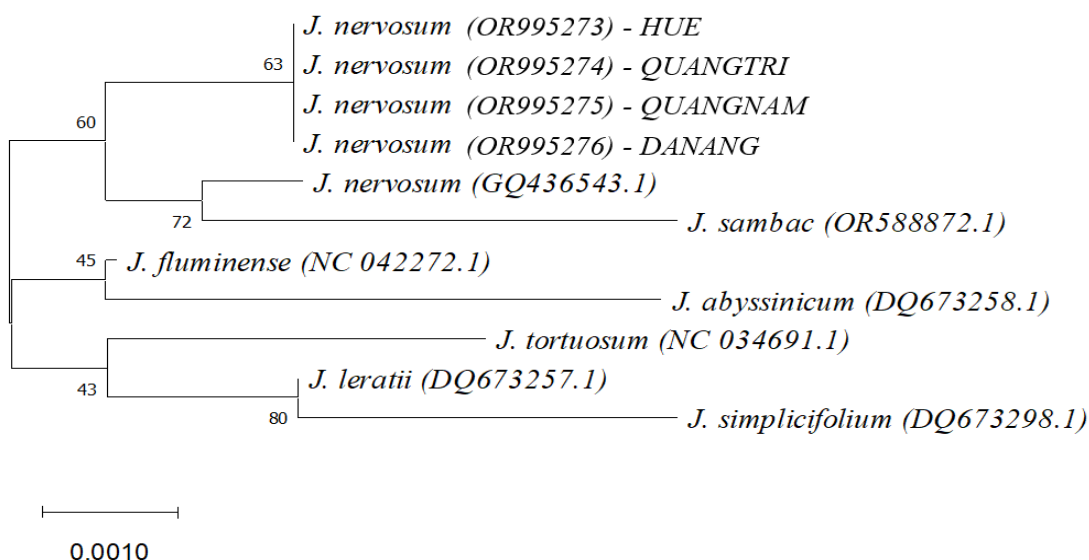
	Hue	Quang Tri	Quang Nam	Da Nang	<i>J. fluminense</i> (NC_042272.1)	<i>J. tortuosum</i> (NC_034691.1)	<i>J. fluminense</i> (OR568623.1)	<i>J. sambac</i> (OR588872.1)	<i>J. nervosum</i> (GQ435223.1)
Hue									
Quang Tri	0,0000								
Quang Nam	0,0000	0,0000							
Da Nang	0,0000	0,0000	0,0000						
<i>J. fluminense</i> (NC_042272.1)	0,0221	0,0221	0,0221	0,0221					
<i>J. tortuosum</i> (NC_034691.1)	0,0221	0,0221	0,0221	0,0221	0,0080				
<i>J. fluminense</i> (OR568623.1)	0,0227	0,0227	0,0227	0,0227	0,0020	0,0102			
<i>J. sambac</i> (OR588872.1)	0,0204	0,0204	0,0204	0,0204	0,0184	0,0183	0,0210		
<i>J. nervosum</i> (GQ435223.1)	0,0157	0,0157	0,0157	0,0157	0,0318	0,0318	0,0342	0,0252	

Bảng 4. Khoảng cách di truyền giữa các mẫu nghiên cứu và các loài công bố trên GenBank đối với vùng gene *rbcL*

	Hue	Quang Nam	Quang Tri	Da Nang	<i>J. fluminense</i> (NC_042272.1)	<i>J. leratii</i> (DQ673257.1)	<i>J. tortuosum</i> (NC_034691.1)	<i>J. sambac</i> (OR588872.1)	<i>J. abyssinicum</i> (DQ673258.1)	<i>J. simplicifolium</i> (DQ673298.1)	<i>J. nervosum</i> (GQ436543.1)
Hue											
Quang Nam	0,0000										
Quang Tri	0,0000	0,0000									
Da Nang	0,0000	0,0000	0,0000								
<i>J. fluminense</i> (NC_042272.1)	0,0028	0,0028	0,0028	0,0028							
<i>J. leratii</i> (DQ673257.1)	0,0042	0,0042	0,0042	0,0042	0,0028						
<i>J. tortuosum</i> (NC_034691.1)	0,0056	0,0056	0,0056	0,0056	0,0056	0,0042					
<i>J. sambac</i> (OR588872.1)	0,0056	0,0056	0,0056	0,0056	0,0056	0,0071	0,0085				
<i>J. abyssinicum</i> (DQ673258.1)	0,0070	0,0070	0,0070	0,0070	0,0042	0,0070	0,0070	0,0099			
<i>J. simplicifolium</i> (DQ673298.1)	0,0070	0,0070	0,0070	0,0070	0,0056	0,0028	0,0070	0,0099	0,0099		
<i>J. nervosum</i> (GQ436543.1)	0,0029	0,0029	0,0029	0,0029	0,0029	0,0043	0,0057	0,0043	0,0071	0,0072	



Hình 4. Cây phát sinh chủng loại thể hiện mối quan hệ di truyền giữa các mẫu định danh dựa trên phương pháp Neighbor-Joining trên phần mềm MEGA X đối với vùng gene *trnH-psbA*.



Hình 5. Cây phát sinh chủng loại thể hiện mối quan hệ di truyền giữa các mẫu định danh dựa trên phương pháp Neighbor-Joining trên phần mềm MEGA X đối với vùng gene *rbcL*.

4. KẾT LUẬN

Kết quả nghiên cứu đã chỉ ra rằng các mẫu Vàng sè từ các địa phương khác nhau ở miền Trung Việt Nam có sự tương đồng cao về trình tự nucleotide ở cả hai vùng gene *rbcL* và *trnH-psbA*, khẳng định chúng thuộc cùng một loài. Tuy nhiên, sự khác biệt ở vị trí nucleotide 75-102 của vùng gene *trnH-psbA* giữa các mẫu từ Đà Nẵng và Quảng Nam so với các mẫu từ Huế và Quảng Trị cho thấy ảnh hưởng của điều kiện địa lý đến đa dạng di truyền. Những khác biệt này có thể phản ánh sự biến đổi gene do thích nghi với môi trường sống khác nhau hoặc biến động ngẫu nhiên trong quần thể. Phân tích khoảng cách di truyền và cây phát sinh chủng loại cũng xác nhận mối quan hệ di truyền chặt chẽ giữa các mẫu nghiên cứu, đặc biệt là sự tương đồng cao với loài *J. nervosum* (tên đồng nghĩa *J. subtripplinerve*). Kết luận, nghiên cứu đã nêu bật được vai trò của yếu tố địa lý trong việc định hình đa dạng di truyền và sự biến đổi gene trong các quần thể thực vật, đồng thời cung cấp thông tin quan trọng cho việc bảo tồn và nghiên cứu sâu hơn về loài ở khu vực này.

Lời cảm ơn: Nghiên cứu này được tài trợ bởi đề tài nhóm nghiên cứu mạnh giảng viên cấp Trường, Mã số: NCM.T22-01

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Anh, T. T., Bình, N. T., Hoài, H. T. C., Hương, B. Đ. T., & Mai, N. T. T. (2011). Khảo sát thành phần hóa học và hoạt tính kháng oxy của cao chiết axetat etyl cây vàng trâu (*Jasminum undulatum* Ker Gawl.). *Tạp chí Phát triển Khoa học và Công nghệ*, 14(2), 50–57.

- Bích, Đ. H., Chung, Đ. Q., Chương, B. X., Dong, N. T., Đàm, Đ. T., Hiền, P. V., ... (2004). *Cây thuốc và động vật làm thuốc ở Việt Nam* (Tập I). Nhà xuất bản Khoa học và Kỹ thuật.
- Dai, H. N., Hoài, H. T. C., Hương, L. M., Hansen, P. E., & Jäger, A. K. (2005). *Bioactivities and chemical constituents of a Vietnamese medicinal plant Che Vang (Jasminum subtriplinerve Blume) (Oleaceae)* (Master's thesis). Roskilde University, Denmark.
- Dhivya, S., Ashutosh, S., Gowtham, I., Baskar, V., Harini, A. B., & Mukunthakumar, S. (2020). Molecular identification and evolutionary relationships between the subspecies of *Musa* by DNA barcodes. *BMC Genomics*, 21, 1–11. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-07032-2>
- Dong, W., Liu, J., Yu, J., Wang, L., & Zhou, S. (2012). Highly variable chloroplast markers for evaluating plant phylogeny at low taxonomic levels and for DNA barcoding. *PLoS ONE*, 7(4), e35071. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0035071>
- Green, P. S. (2006). *World checklist of Oleaceae* (Unpublished manuscript). Royal Botanic Gardens, Kew.
- Hộ, P. H. (1999). *Cây cỏ Việt Nam*. Nhà xuất bản Trẻ.
- Jamdade, R., Mosa, K. A., El-Keblawy, A., Al Shaer, K., Al Harthi, E., Al Sallani, M., Al Jasmi, M., Gairola, S., Shabana, H., & Mahmoud, T. (2022). DNA barcodes for accurate identification of selected medicinal plants (Caryophyllales): Toward barcoding flowering plants of the United Arab Emirates. *Diversity*, 14(4), 260. <https://doi.org/10.3390/d14040260>
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Lợi, Đ. T. (2004). *Những cây thuốc và vị thuốc Việt Nam*. Nhà xuất bản Y học.
- Quang, B. H. (2020). *Nghiên cứu phân loại họ Nhài (Oleaceae Hoffmanns. & Link) ở Việt Nam* (Luận án tiến sĩ Sinh học). Học viện Khoa học và Công nghệ, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam.
- Quang, B. H., Choudhary, R. K., & Lee, J. (2021). Nomenclatural notes and typification of nine names related to *Jasminum* (Oleaceae). *PhytoKeys*, 183, 55–68. <https://doi.org/10.3897/phytokeys.183.71212>
- Quang, B. H., Linh, T. M., Nuraliev, M. S., Kuznetsov, A. N., & Kuznetsova, S. P. (2017). Three new records of *Jasminum* (Oleaceae) for the flora of Vietnam. *Wulfenia*, 24, 134–142.
- Tamura, K., Nei, M., & Kumar, S. (2004). Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 101(30), 11030–11035. <https://doi.org/10.1073/pnas.0404206101>
- The Plant List. (2013). *Jasminum subtriplinerve* Blume is a synonym of *Jasminum nervosum* Lour. Retrieved from <http://www.theplantlist.org/tpl1.1/record/kew-351696>
- Toàn, T. N., Tuấn, B. V., Vỹ, T. H., Huy, H. Q., Hương, N. T. T., & Yến, N. T. K. (2018). Đặc điểm đa dạng thành phần loài thực vật bậc cao trên cạn tại đảo Hòn Lao thuộc Khu dự trữ sinh quyển thế giới Cù Lao Chàm, thành phố Hội An, tỉnh Quảng Nam. *Tạp chí Khoa học Lâm nghiệp*, (4), 3–14.
- Võ, V. C. (1997). *Từ điển cây thuốc Việt Nam*. Nhà xuất bản Y học.

The influence of geographic factors on the genetic diversity of Vang se species in central Vietnam

Nguyen Duy Ngoc Tan¹, Tran Minh Duc¹, Nguyen Ho Lam², Pham Thanh³

¹University of Agriculture and Forestry, Hue University

²Institute of Socio-Economic Development Research, Hue University

³University of Education, Hue University

ARTICLE INFO

Article history:

Received: 03 April 2024

Received in revised form: 20 June 2024

Accepted: 24 June 2024

Published: 20 April 2026

Keywords:

Vang se;

Jasminum nervosum;

Jasminum subtriplinerve;

rbcL;

trnH-psbA.

Corresponding author:

Pham Thanh

E-mail address:

phamthanh@dhsphue.edu.vn

ABSTRACT

This research employed the *rbcL* and *trnH-psbA* markers to assess the genetic diversity of *Jasminum nervosum* populations collected from four localities in central Vietnam: Quang Tri, Thua Thien Hue, Da Nang, and Quang Nam. PCR amplification of the *rbcL* gene yielded a product of approximately 620 bp, while the *trnH-psbA* gene produced a fragment of around 500-550 bp. Sequence alignment revealed high similarity among the samples, confirming that they belonged to the same species. However, nucleotide variations were observed at positions 75-102 of the *trnH-psbA* gene between samples from Da Nang and Quang Nam compared to those from Thua Thien Hue and Quang Tri, suggesting the influence of geographic factors on genetic diversity. These variations might be attributed to genetic adaptations to different habitats or random genetic drift within populations. Genetic distances between our samples and those available on GenBank for the *trnH-psbA* gene ranged from 0.0157 to 0.0342, with the highest similarity (98.43%) to *Jasminum nervosum* (synonym: *J. subtriplinerve*). For the *rbcL* gene, genetic distances ranged from 0.0028 to 0.0099, and our samples showed the highest similarity (99.72%) to *J. nervosum*. Phylogenetic analysis using the Neighbor-Joining method in MEGA X revealed a close genetic relationship among the studied samples for both the *trnH-psbA* and *rbcL* genes. These results indicate a high level of genetic homogeneity and a close genetic relationship among samples from different localities, while also highlighting the impact of geographic factors on genetic diversity, suggesting potential genetic variations due to adaptations to different habitats or random genetic drift within populations.
