

XÁC ĐỊNH MÃ VẠCH DNA CHO HAI LOÀI NGHỆ MỎI (*CURCUMA*) Ở VIỆT NAM

VĂN HỒNG THIÊN¹, TRẦN ĐÌNH THẮNG¹, LÊ VĂN SƠN², NGUYỄN PHI NGÀ^{3,4}, LƯU HỒNG TRƯỜNG⁵, TRẦN HỮU ĐĂNG⁵, TRỊNH NGỌC NAM^{6*}

¹Viện Công nghệ Sinh học và Thực Phẩm, Trường Đại học Công nghiệp Thành phố Hồ Chí Minh

²Khu Bảo tồn Thiên nhiên Bình Châu-Phước Bửu, xã Bưng Riềng, huyện Xuyên Mộc, tỉnh Bà Rịa-Vũng Tàu

³Bộ Môn Sinh thái-Sinh học Tiến hóa, Trường Đại học Khoa học Tự nhiên Thành phố Hồ Chí Minh, Đại học Quốc Gia Thành phố Hồ Chí Minh

⁴Đại học Quốc Gia Thành phố Hồ Chí Minh

⁵Viện Sinh thái học Miền Nam, Viện Hàn Lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

⁶Phòng Quản lý Khoa học và Hợp tác quốc tế, Trường Đại học Công nghiệp Thành phố Hồ Chí Minh

* Tác giả liên hệ: trinhngocnam@iuh.edu.vn

DOIs: <https://doi.org/10.46242/jstiuh.v59i05.4590>

Tóm tắt. *Curcuma xanthella* và *C. cotuana* là hai loài mới được mô tả gần đây với mẫu vật thu tại Việt Nam. Nghiên cứu này đã khuếch đại và giải trình tự thành công vùng trình tự ITS, *trnL-F* và *matK* cho loài *C. xanthella* cũng như vùng ITS2, *trnL-F* và *matK* cho loài *C. cotuana*. Kết quả từ nghiên cứu này đã bổ sung một số vị trí nucleotide chưa rõ ràng trên vùng ITS của mẫu *C. xanthella* chuẩn (Lý 348) hiện có trên cơ sở dữ liệu GenBank. Ngoài ra, thông qua các vùng trình tự, nghiên cứu này cũng cho thấy sự khác biệt về đặc điểm di truyền giữa 2 loài nghiên cứu với các loài có đặc điểm hình thái tương tự thuộc chi *Curcuma*.

Từ khóa. *Curcuma xanthella*, *Curcuma cotuana*, ITS, *trnL-F*, *matK*.

1. MỞ ĐẦU

Họ Gừng (Zingiberaceae) là một họ lớn trong bộ Zingiberales với khoảng 53 chi và hơn 1400 loài phân bố rộng khắp vùng nhiệt đới trên thế giới [1,2]. Các loài của họ Gừng đã được sử dụng nhiều trong y học cổ truyền ở nhiều nước Châu Á để chữa các bệnh như ho, đau họng, cải thiện tiêu hóa, giảm đau, chữa lành vết thâm và sẹo, ... [3]. Ngoài ra, nhiều loài họ Gừng còn được sử dụng trong các lĩnh vực như y học, dược, thực phẩm cũng như là thành phần trong các sản phẩm tự nhiên khác [3-5].

Nghệ (*Curcuma* L.) là một trong những chi có số lượng loài lớn của họ Gừng. Chi này được ghi nhận với khoảng 108 loài phân bố rộng khắp ở các khu vực nhiệt đới Đông Nam Á, phía nam Trung Quốc, Ấn Độ, Tân Ghi Nê, Úc cũng như một số nước Châu Phi và Trung Mỹ [6]. Ở Việt Nam, có khoảng 29 loài *Curcuma* đã được ghi nhận bởi nhiều nhà thực vật học [7-11]. Ở nhiều nước châu Á như Bangladesh, Malaysia, Ấn Độ, Nepal, Thái Lan và Việt Nam, một số loài *Curcuma* được sử dụng để điều trị các bệnh về phế quản, tiêu chảy, viêm phổi, côn trùng cắn hay điều trị vết thương nhiễm trùng [12]. Ngoài ra, thành phần hóa học và nhiều hoạt tính sinh học của các loài thuộc chi *Curcuma* đã được khảo sát [13].

Curcuma xanthella Škorničk. là loài đặc hữu của Việt Nam, được Leong-Skornickova và Tran mô tả lần đầu tiên vào năm 2013 với mẫu chuẩn thu ở Khu bảo tồn Thiên nhiên (KBTTN) Takou, tỉnh Bình Thuận. Ngoài ra, *C. xanthella* còn được phát hiện có ở Bảo Lộc, Lâm Đồng [9]. Tương tự, *Curcuma cotuana* Luu, Skornick. & H.D. Tran được Luu và cộng sự mô tả lần đầu vào năm 2017 với vùng phân bố rất hẹp ở huyện Tây Giang, Quảng Nam [14]. Cho đến thời điểm này, chỉ có duy nhất thông tin về đặc điểm di truyền của vùng gen ITS của loài *C. xanthella* (mẫu chuẩn) được công bố trên cơ sở dữ liệu của NCBI. Tuy nhiên, đoạn gen được công bố này có một số nucleotide chưa được xác định. Do đó, nghiên cứu này góp phần hoàn thiện vùng trình tự ITS cũng như lần đầu công bố thêm vùng trình tự *matK* và *trnL-F* cho loài *C. xanthella*. Ngoài ra, nghiên cứu này cũng lần đầu công bố vùng trình tự ITS2, *matK* và *trnL-F* cho loài *C. cotuana*.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu

Mẫu vật của loài *C. xanthella* được thu tại KBTTN Bình Châu-Phước Bửu trong khi mẫu của loài *C. cotuana* được thu tại bộ sưu tập mẫu vật tươi của Viện Sinh thái học Miền Nam. Tiêu bản của loài *C.*

xanthella và *C. cotuana* được lưu tại phòng mẫu Trường Đại học Khoa học Tự nhiên Tp. HCM (PHH) và Viện Sinh thái học Miền Nam (SGN) với số hiện lần lượt là Van HT 132a và Van HT 132b. Ngoài ra, một số vùng trình tự nucleotide của các loài *Curcuma* từ cơ sở dữ liệu NCBI cũng được sử dụng trong nghiên cứu này (Bảng 1).

Bảng 1. Vùng trình tự nucleotide của các loài *Curcuma* từ cơ sở dữ liệu NCBI được sử dụng trong nghiên cứu này

Tên loài	Mã số tương ứng (vùng ITS/ <i>matK</i> / <i>trnL-F</i>)
<i>C. xanthella</i> (Lý 348)	JQ409875/ - / -
<i>C. flaviflora</i>	DQ395335/ KC441234/ KJ803066
<i>C. singularis</i>	JQ409872/ JQ409716/ JQ409846
<i>C. rhomba</i>	JQ409880/ JQ409713/ JQ409802
<i>C. vitellina</i>	JQ409873/ JQ409667/ JQ409801

2.2. Phương pháp định loại loài

Phương pháp hình thái so sánh được sử dụng để xác định tên khoa học của các loài nghiên cứu. Dựa trên đặc điểm hình thái của cơ quan sinh dưỡng, sinh sản cũng như so sánh với các công bố trước đây, chúng tôi tiến hành xác định chính xác tên khoa học của 2 loài nghiên cứu [9, 14].

2.3. Phương pháp tách chiết DNA và PCR

Quá trình tách chiết và tinh sạch DNA được thực hiện theo bộ Kit (Gene JET Plant Genomic DNA Purification Mini Kit) của Hãng Thermo Scientific (Hoa Kỳ) theo quy trình của nhà sản xuất cung cấp. Phản ứng PCR được thực hiện với các thành phần gồm 12,5 μ L Gotaq Green Master Mix (Promega, Mỹ); 1,25 μ L mỗi mỗi xuôi và ngược (nồng độ 10 μ M) (Bảng 2); 9,5 μ L nước khử ion; 0,5 μ L DNA mẫu. Chu kỳ nhiệt cho phản ứng PCR gồm: 5 phút ở 95°C; 35 chu kỳ gồm: biến tính (1 phút ở 94°C), bắt cặp mồi (1 phút 30 giây ở 55°C) và tổng hợp mạch mới (1 phút 30 giây ở 72°C); hoàn thiện phản ứng ở 72°C trong 10 phút. Kết quả điện di sản phẩm PCR được kiểm tra trên gel agarose 0.8%. Sản phẩm PCR được tinh sạch và giải trình tự bằng máy ABI 3130 XL Sequencer.

Bảng 2. Trình tự mồi được sử dụng trong nghiên cứu này

Tên mồi	Trình tự mồi (5' - 3')	Tài liệu tham khảo
<i>matK1</i>	ACCCAGTCCATCTGGAAATCTTGGTTC	[15]
<i>matK2</i>	CGTACAGTACTTTTGTGTTTACGAG	[15]
<i>trnL-F1</i>	CGAAATCGGTAGACGCTACG	[15]
<i>trnL-F2</i>	ATTTGAAGTGGTGACACGAG	[15]
ITS1	TCCGTAGGTGAACCTGCGG	[16]
ITS3	GCATCGATGAAGAACGCAGC	[16]
ITS4	TCCTCCGCTTATTGATATGC	[16]

2.3. Phương pháp hiệu chỉnh và so sánh trình tự của các loài nghiên cứu

Kết quả giải trình tự 2 chiều của các mẫu nghiên cứu được hiệu chỉnh bằng phần mềm FinchTV và Seaview. Trình tự các mẫu nghiên cứu được so sánh bằng phần mềm Bioedit với phương pháp sắp giống toàn cục (global Alignment).

3. KẾT QUẢ VÀ BÀN LUẬN

3.1. Kết quả định loại loài

Dựa trên phương pháp hình thái so sánh, chúng tôi xác định 2 mẫu nghiên cứu với số hiệu là Van HT 132a và Van HT 132b chính là *Curcuma xanthella* và *C. cotuana* với các thông tin cụ thể dưới đây.

Curcuma xanthella Škorničk., 2013. Gardens' Bulletin Singapore 65: 169.

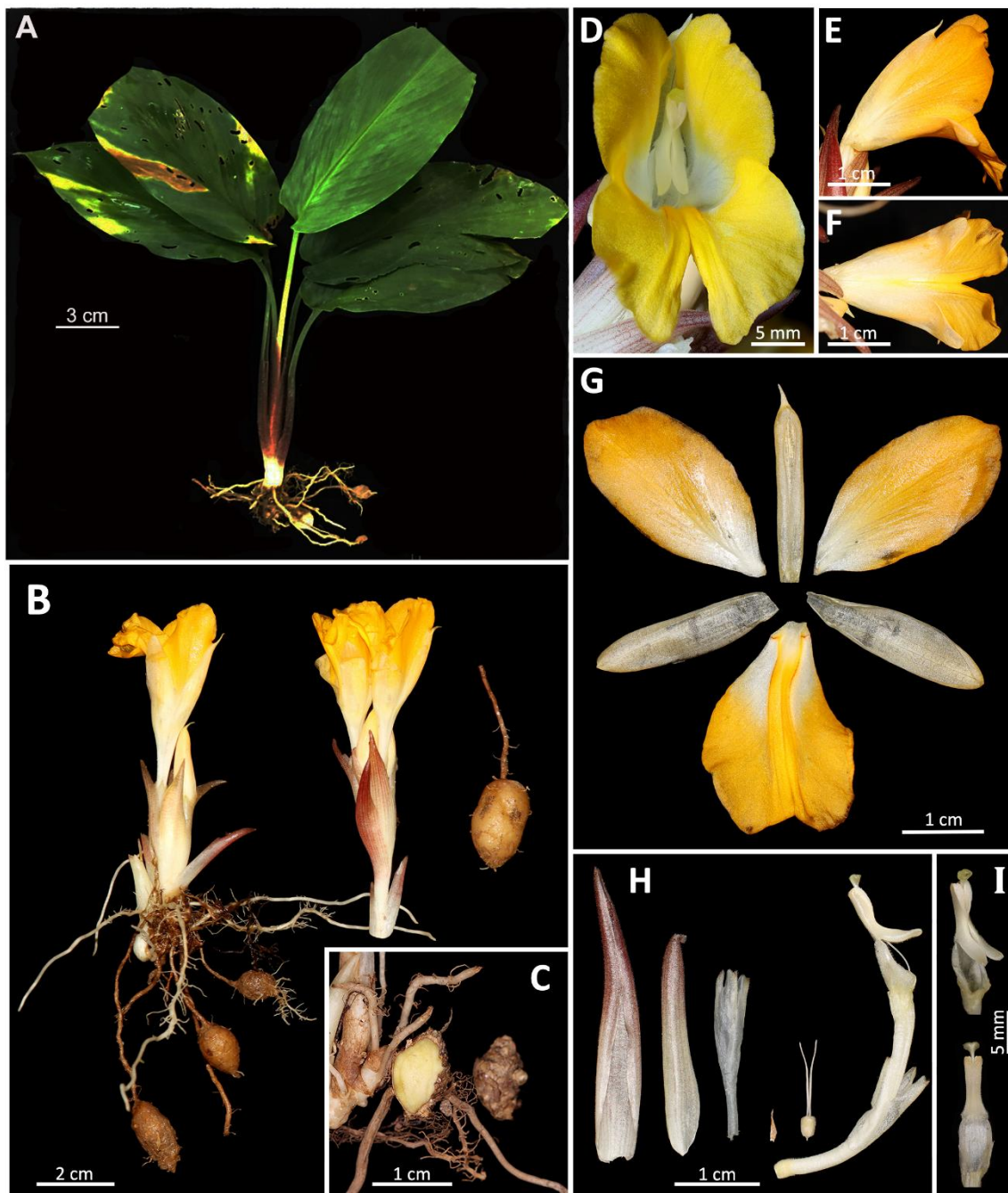
Mẫu chuẩn: Lý 348 (SING, VNMN), thu tại KBTTN Takou, huyện Hàm Thuận Nam, tỉnh Bình Thuận, Việt Nam.

Mẫu nghiên cứu: Van HT 132a (SGN, PHH), thu ngày 25 tháng 6 năm 2021, thu tại KBTTN Bình Châu-Phước Bửu, huyện Xuyên Mộc, tỉnh Bà Rịa-Vũng Tàu (**hình 1**).

Phân bố: Hàm Thuận Nam, Bình Thuận; Bảo Lộc, Lâm Đồng; Xuyên Mộc, Bà Rịa-Vũng Tàu.

Đặc điểm Sinh thái: *Curcuma xanthella* thường mọc dưới tán rừng hỗn giao rụng lá hoặc thường xanh.

Ra hoa: cây ra hoa vào khoảng tháng 5 đến tháng 8.



Hình 1. *Curcuma xanthella*. A) Dạng cây; B) Phát hoa và dạng cây bao gồm thân củ; C) Cắt ngang thân ngầm; D, E, F) Chi tiết hoa với các góc nhìn; G, H) Giải phẫu các bộ phận của hoa; I) Nhị đực. Ảnh: A: Văn Hồng Thiện, B-I: Nguyễn Phi Nga.

Curcuma cotuana Luu, Škorničk. & H.Đ.Trần., 2017. Nord. J. Bot. 35: 522.

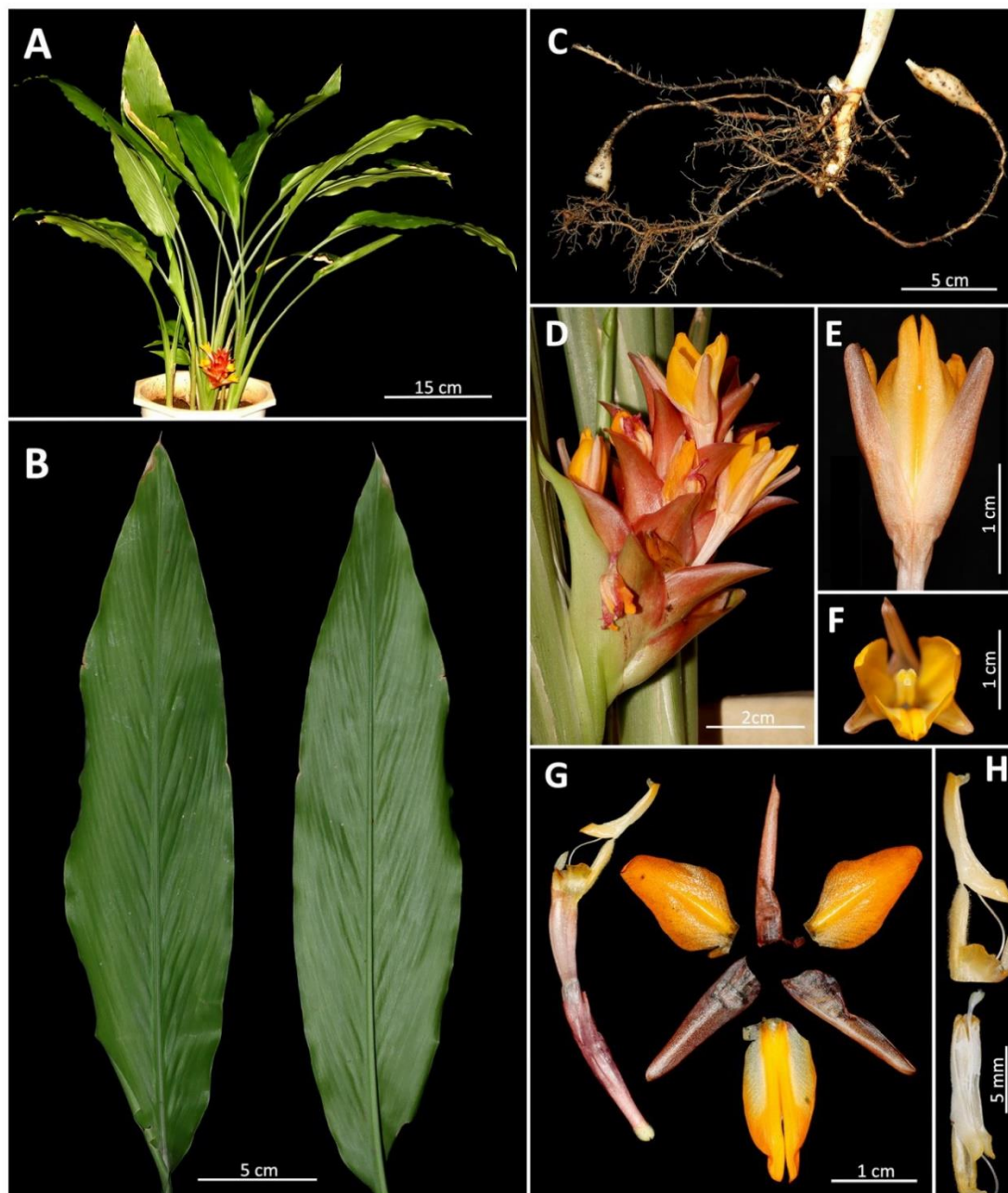
Mẫu chuẩn: Lư et al. TG-009 (SGN, SING, VNMN), huyện Tây Giang, tỉnh Quảng Nam.

Mẫu nghiên cứu: Van HT 132b (SGN, PHH), thu ngày ngày 14 tháng 7 năm 2021, thu tại Bộ sưu tập mẫu vật, Viện Sinh thái học Miền Nam (mẫu thu tại huyện Tây Giang, tỉnh Quảng Nam) (**hình 2**).

Phân bố: mới chỉ phát hiện có ở huyện Tây Giang, Tỉnh Quảng Nam, Việt Nam.

Đặc điểm Sinh thái: *Curcuma cotuana* mọc dưới tán rừng thường xanh.

Ra hoa: cây ra hoa vào khoảng tháng 7 đến tháng 8.



Hình 2. *Curcuma cotuana*. A) Dạng cây; B) Lá; C) Thân ngầm và củ chứa tinh bột; D) Phát hoa; E, F) Chi tiết hoa với các góc nhìn; G) Giải phẫu một số bộ phận của hoa; H) nhị đực. Ảnh: Nguyễn Phi Nga.

3.2. Kết quả khuếch đại các vùng trình tự nghiên cứu

Kết quả PCR các vùng trình tự nghiên cứu tương ứng với kích thước chuẩn tham chiếu của đoạn mồi tương ứng [15,16]. Kích thước sau khi hiệu chỉnh của các vùng trình tự ITS, *matK* và *trnL-F* của loài *C. xanthella* tương ứng là 571, 639 và 754 bp trong khi vùng ITS2, *matK* và *trnL-F* của loài *C. cotuana* có kích thước tương ứng là 228, 639 và 814 bp. Sáu vùng gen của 2 loài nghiên cứu đã được đăng ký thành công trên cơ sở dữ liệu NCBI. Theo đó, mã số NCBI của vùng trình tự ITS, *matK* và *trnL-F* của loài *C. xanthella* tương

ứng là ON545840, ON600880 và ON564475 trong khi vùng trình tự ITS2, *matK* và *trnL-F* của loài *C. cotuana* có mã số tương ứng là ON545846, ON600879 và ON564474.

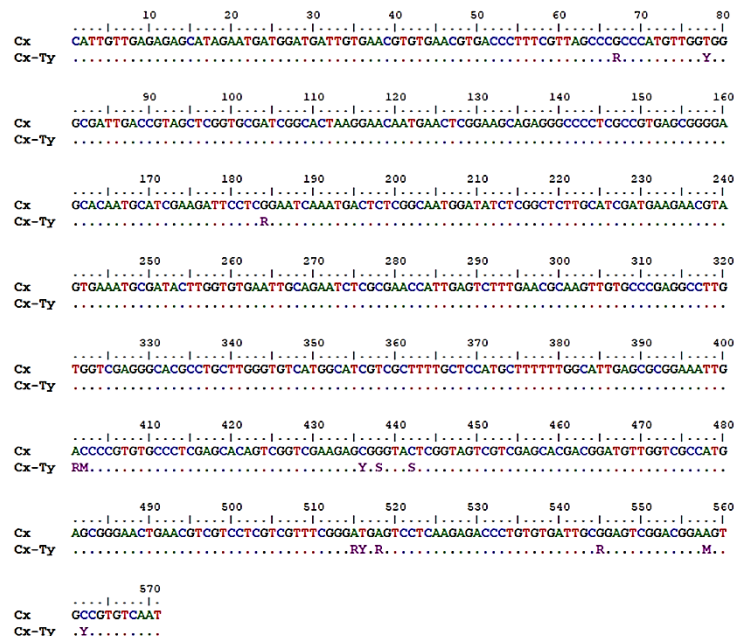
3.3. Kết quả so sánh vùng trình tự các loài nghiên cứu

Sản phẩm PCR của 6 vùng trình tự nghiên cứu của 2 loài *C. xanthella* và *C. cotuana* đã được giải trình tự thành công bằng kỹ thuật Sanger. Dựa trên các kết quả này, chúng tôi tiến hành so sánh chi tiết đặc điểm di truyền của của 2 loài nghiên cứu với các loài có đặc điểm hình thái tương tự trên cơ sở dữ liệu NCBI. Kết quả được trình bày dưới đây.

3.3.1. *Curcuma xanthella*

Như đã trình bày ở phần mở đầu, *C. xanthella* là một loài hiếm và đặc hữu của Việt Nam. Cho đến thời điểm này, chỉ có duy nhất thông tin về đặc điểm di truyền của vùng trình tự ITS của mẫu chuẩn loài *C. xanthella* (số hiệu mẫu: Lý 348-mã số NCBI: JQ409875) được công bố trên cơ sở dữ liệu của NCBI. Tuy nhiên, đoạn gen được công bố này có một số nucleotide chưa được nhận biết một cách rõ ràng và được ký hiệu bởi các ký tự khác với các ký tự thường dùng cho các purin và pyrimidine là A, T, G và C [17]. Chẳng hạn, ký tự R (Adenine hoặc Guanine) được sử dụng cho các vị trí nucleotide thứ 67, 184, 401, 515, 518 và 545; Y (Thymine hoặc Cytosine) ở các vị trí nucleotide thứ 78, 436, 516 và 562; M (Adenine hoặc Cytosine) ở các vị trí 402 và 558; S (Guanine hoặc Cytosine) ở các vị trí là 438 và 442 (**hình 3**). Trong nghiên cứu này, vùng trình tự ITS của 2 cá thể loài *C. xanthella* thu tại KBTTN Bình Châu-Phước Bửu đã được giải trình tự thành công. Kết quả so sánh cho thấy, vùng trình tự ITS của 2 cá thể này có độ tương đồng là 100%. Quá trình so sánh vùng trình tự ITS giữa mẫu *C. xanthella* từ nghiên cứu này và mẫu *C. xanthella* chuẩn (Lý 348) cho thấy cũng có sự tương đồng 100% ngoại trừ các vị trí chưa được nhận biết rõ ràng trên chuỗi trình tự của mẫu chuẩn (**hình 3**). Kết quả này thêm một lần nữa khẳng định quá trình định loại mẫu vật thu tại KBTTN Bình Châu-Phước Bửu chính là loài *C. xanthella*.

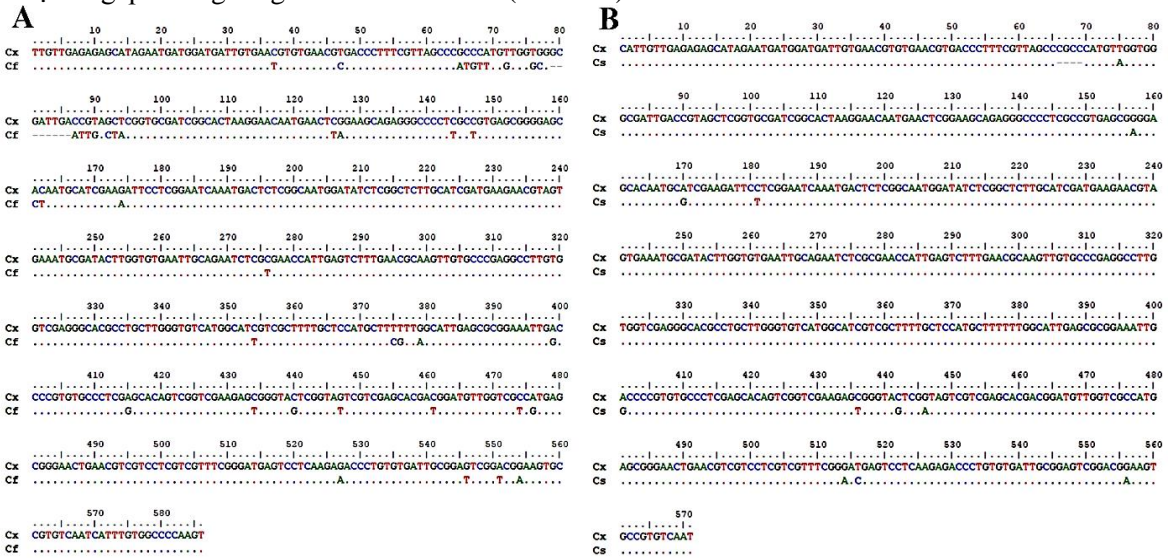
Kết quả từ việc giải trình tự vùng ITS của loài *C. xanthella* từ nghiên cứu này đã bổ sung cho nhiều nucleotide còn chưa được xác định trên chuỗi trình tự của mẫu *C. xanthella* chuẩn (Lý 348). Cụ thể, ký tự R ở vị trí nucleotide 67, 184 và 545 được xác định là Guanine trong khi Adenine tương ứng ở vị trí 401, 515 và 518. Ký tự Y ở các vị trí nucleotide thứ 78 và 516 được xác định là Thymine trong khi vị trí 436 và 562 là Cytosine. Ký tự M ở các vị trí 402 và 558 được xác định tương ứng là Cytosine và Adenine. Sau cùng, ký tự S ở các vị trí là 438 và 442 được xác định Guanine và Cytosine (**hình 3**).



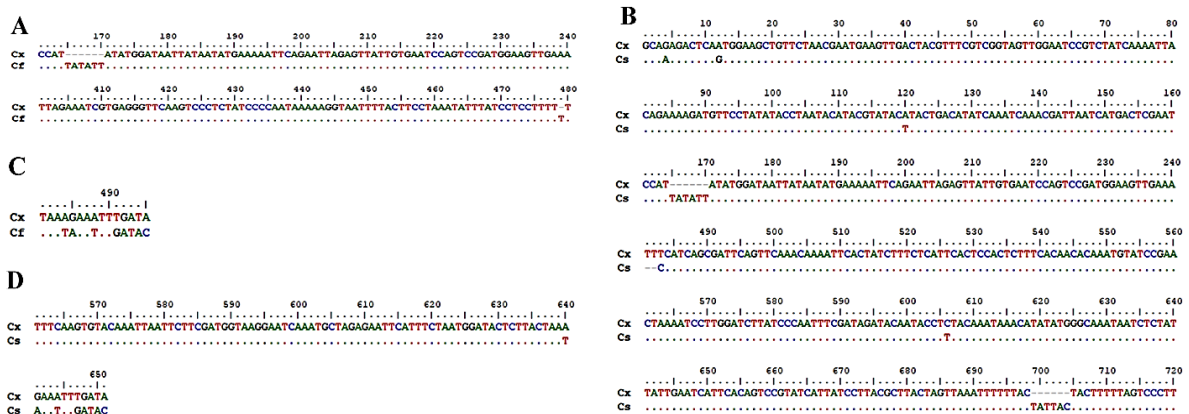
Hình 3. Kết quả so sánh chi tiết vùng trình tự ITS giữa *C. xanthella* và mẫu *C. xanthella* chuẩn (Lý 348) Ghi chú: Cx) *C. xanthella*; Cx-Ty) mẫu *C. xanthella* chuẩn; các dấu (.) thể hiện sự tương đồng giữa các trình tự.

Ngoài ra, nghiên cứu này cũng lần đầu cung cấp thêm 2 vùng trình tự thuộc hệ DNA lục lạp cho loài *C. xanthella* là *matK* và *trnL-F*, qua đó so sánh với một số loài có đặc điểm hình thái tương tự là *C. flaviflora* và *C. singularis*. Theo Leong-Škorničková và H.Đ. Trần, *C. xanthella* có đặc điểm hình thái tương tự với

với *C. flaviflora*, đặc biệt ở các đặc điểm là có vài lá bắc, hoa và có bao phấn hình chữ L [9]. Ngoài ra, *C. xanthella* cũng được xác định có hình thái tương tự với loài *C. singularis* chủ yếu ở đặc điểm là phát hoa kéo dài từ lá bắc và bao phấn hình chữ L [9]. Kết quả so sánh 3 vùng trình tự ITS, *matK* và *trnL-F* giữa loài *C. xanthella* từ nghiên cứu này và *C. flaviflora* từ cơ sở dữ liệu Genbank cho thấy có một số điểm khác biệt. Cụ thể, vùng ITS giữa 2 loài này có 34 vị trí khác biệt và 8 vị trí “gap” trong tổng số 586 nucleotide được so sánh (hình 4A); vùng *matK* có 8 vị trí khác biệt trong tổng số 495 nucleotide (hình 5C); vùng *trnL-F* có 8 vị trí “gap” trong tổng số 761 nucleotide (hình 5A). Trong khi đó, vùng trình tự ITS giữa *C. xanthella* và *C. singularis* có 10 điểm khác biệt và 4 vị trí “gap” trong tổng số 571 nucleotide được so sánh (hình 4B); vùng *matK* có 8 vị trí khác biệt trong tổng số 651 nucleotide (hình 5D); vùng *trnL-F* có 4 sự khác biệt và 12 vị trí “gap” trong tổng số 769 nucleotide (hình 5B).



Hình 4. Kết quả so sánh sự khác biệt vùng trình tự ITS giữa *C. xanthella* và các loài gần trên cơ sở dữ liệu NCBI. Ghi chú: Cx) *C. xanthella*; Cs) *C. singularis*; Cf) *C. flaviflora*; các dấu (.) thể hiện sự tương đồng giữa các trình tự.



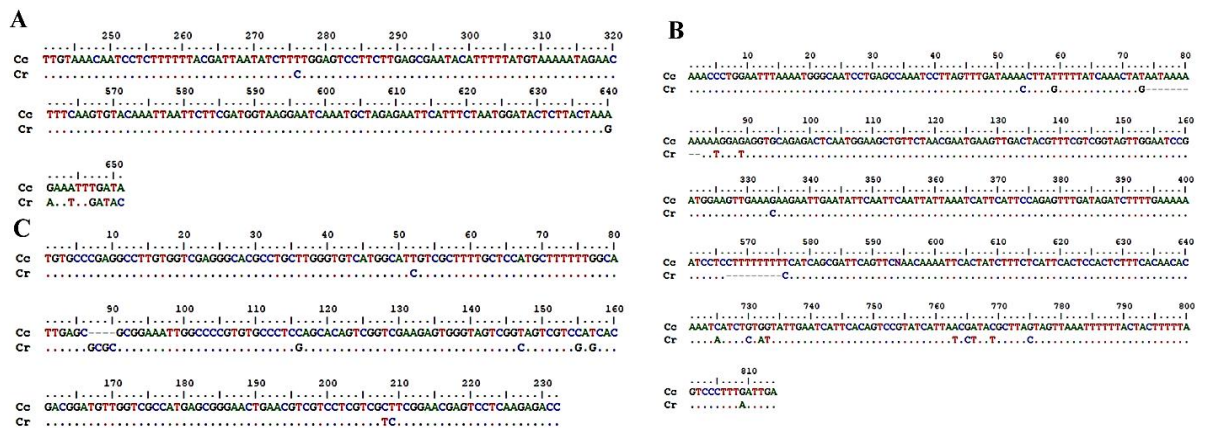
Hình 5. Kết quả so sánh sự khác biệt trong vùng trình tự *trnL-F* (A, B) và *matK* (C, D) giữa *C. xanthella* và các loài có đặc điểm hình thái tương tự trên cơ sở dữ liệu NCBI. Ghi chú: Cx) *C. xanthella*; Cs) *C. singularis*; Cf) *C. flaviflora*; các dấu (.) thể hiện sự tương đồng giữa các trình tự.

3.3.1. *Curcuma cotuana*

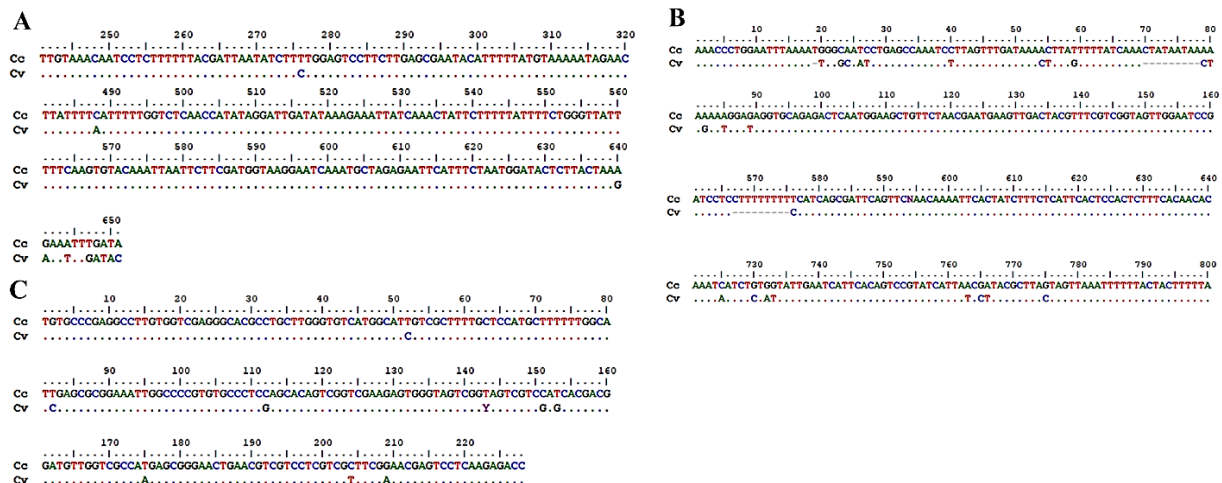
Như đã trình bày ở phần mở đầu, *C. cotuana* là một loài mới được mô tả vào năm 2017 và chỉ được phát hiện có ở huyện Tây Giang, Quảng Nam [14]. Do đó, nghiên cứu này lần đầu cung cấp cho thấy đặc điểm di truyền ở 3 vùng trình tự ITS2, *matK* và *trnL-F* cho loài *C. cotuana*. *Curcuma cotuana* đã được xác định là có môi trường sống tương tự với 2 loài khác là *C. rhomba* và *C. vitelline*. Ngoài ra, cả 3 loài cùng có hoa màu vàng đậm đến cam [14]. Kết quả so sánh vùng trình tự ITS2, *matK* và *trnL-F* giữa loài *C. cotuana* so với *C. rhomba* và *C. vitelline* cho thấy có một số điểm khác biệt. Chẳng hạn, vùng *matK* của *C. cotuana* và

XÁC ĐỊNH MÃ VẠCH DNA CHO...

C. rhomba có 9 vị trí khác biệt trong tổng số 651 nucleotide được so sánh (hình 6A); vùng *trnL-F* của 2 loài này có 17 điểm khác biệt trên tổng số 814 nucleotide (hình 6B) trong khi vùng ITS2 có 6 khác biệt và 4 “gap” trên tổng số 228 nucleotide (hình 6C). Tương tự, vùng *matK* của *C. cotuana* và *C. vitellina* có 9 vị trí khác biệt trong tổng số 651 nucleotide được so sánh (hình 7A); vùng *trnL-F* của 2 loài này có 20 điểm khác biệt trên tổng số 808 nucleotide (hình 7B) trong khi vùng ITS2 có 7 sự khác biệt và 4 “gap” trên tổng số 228 nucleotide (hình 7C).



Hình 6. Kết quả so sánh sự khác biệt trong vùng trình tự *matK* (A) *trnL-F* (B) và ITS2 (C) giữa *C. cotuana* và *C. rhomba* trên cơ sở dữ liệu NCBI. Ghi chú: Cc) *C. cotuana*; Cr) *C. rhomba*; các dấu (.) thể hiện sự tương đồng giữa các trình tự.



Hình 7. Kết quả so sánh sự khác biệt trong vùng trình tự *matK* (A) *trnL-F* (B) và ITS2 (C) giữa *C. cotuana* và *C. vitellina* trên cơ sở dữ liệu NCBI. Ghi chú: Cc) *C. cotuana*; Cv) *C. vitellina*; các dấu (.) thể hiện sự tương đồng giữa các trình tự.

Nhiều nghiên cứu gần đây đã cho thấy tính hiệu quả của các chỉ thị phân tử trong việc phân biệt các loài thực vật có hình thái tương tự. Chẳng hạn, 2 loài *Camellia* có đặc điểm hình thái tương tự nhau là *C. tamdaoensis* và *C. petelotii* đã được Hà Văn Huân và Nguyễn Văn Phong (2015) phân biệt bằng vùng trình tự *matK* [18]. Tương tự, Nguyễn Tiến Dũng và cộng sự (2018) đã giải trình tự vùng *psbA-trnH* và ITS của loài *Paris vietnamensis* nhằm phân biệt loài này với các loài khác thuộc chi *Paris* [19]. Ton và cộng sự (2019) đã sử dụng vùng trình tự *matK* và ITS để phân biệt 2 loài có đặc điểm hình thái tương tự là *Rothmannia wittii* và *R. daweishanensis* [20]. Bùi Thị Ngân Hà và cộng sự (2019) đã sử dụng vùng trình tự *trnL-F* và ITS để phân biệt 2 loài địa Lan có hình thái tương tự là *Geodorum attenuatum* và *G. recurvum* [21]. Van và cộng sự (2019) đã sử dụng vùng trình tự *trnL* intron và *trnL-trnF* IGS nhằm phân biệt một số loài thuộc chi Thiên niên kiện gồm *Homalomena occulta*, *H. aromatica* và *H. pierreana* [22].

4. KẾT LUẬN

Nghiên cứu này lần đầu tiên khuếch đại và giải trình tự thành công vùng trình tự ITS, *trnL-F* và *matK* cho 2 loài *Curcuma* đặc hữu của Việt Nam là *C. xanthella* và *C. cotuana*. Kết quả nghiên cứu đã bổ sung 14 vị trí còn chưa được xác định trên chuỗi trình tự vùng ITS của mẫu *C. xanthella* chuẩn (Lý 348) hiện có trên cơ sở dữ liệu GenBank. Ngoài ra, nghiên cứu này cũng cho thấy sự khác biệt về đặc điểm di truyền ở các vùng gen ITS, *trnL-F* và *matK* giữa 2 loài nghiên cứu với các loài có đặc điểm hình thái tương tự trong chi *Curcuma* là *C. singularis*, *C. flaviflora*, *C. vitellina* và *C. rhomba*.

LỜI CẢM ƠN

Kết quả của bài báo này là một phần nội dung của đề tài nghiên cứu cấp cơ sở với mã số 21.2SHTP02. Do đó, chúng tôi xin chân thành cảm ơn Trường đại học Công nghiệp Tp. Hồ Chí Minh đã tài trợ kinh phí cho nghiên cứu này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] W. J. Kress, L. M. Prince and K. J. Williams, The phylogeny and a new classification of the gingers (Zingiberaceae): Evidence from molecular data, *American Journal of Botany*, vol. 89, pp. 1682–1696, 2002. DOI: 10.3732/ajb.89.10.1682
- [2] J. Leong-Škornicková and M. Newman, *Gingers of Cambodia, Laos and Vietnam*, Singapore Botanic Gardens, National Parks Board, 2015.
- [3] I. B. Jantan, M. S. M. Yassin, C. B. Chin, L. L. Chen and N. L. Sim, Antifungal Activity of the Essential Oils of Nine Zingiberaceae Species, *Pharmaceutical Biology*, vol. 41, pp. 392–397, 2003. DOI: 10.1076/phbi.41.5.392.15941.
- [4] A. Y. Koga, F. L. Beltrame and A. V. Pereira, Several aspects of Zingiber zerumbet: A review, *Revista Brasileira de Farmacognosia*, vol. 26, pp. 385–391, 2016. DOI: 10.1016/j.bjp.2016.01.006.
- [5] M. Zahara, M. Hasanah and R. Zalianda, Identification of Zingiberaceae as medicinal plants in Gunung Cut Village, Aceh Barat Daya, Indonesia, *Journal of Tropical Horticulture*, vol. 1, pp. 24, 2018. DOI: 10.33089/jthort.v1i1.9
- [6] J. Leong-Škornicková, N. Q. Bình, T. H. Đăng, O. Šída, R. Rybková and T. B. Vương, Nine new Zingiber species (Zingiberaceae) from Vietnam, *Phytotaxa*, vol. 219, pp. 201–220, 2015. DOI: 10.11646/phytotaxa.219.3.1.
- [7] H. H. Pham, *Araceae*, in: *Pham-hoang, H. (Ed.) Cây cỏ Việt Nam: An Illustrated Flora of Vietnam*, vol. 3. Youth Publishing House, Ho Chi Minh City, 2000.
- [8] J. Leong-Škornicková and N. S. Ly, *Curcuma pambrosima* sp. nov. (Zingiberaceae) from central Vietnam, *Nordic Journal of Botany*, vol. 28, pp. 652–655, 2010. DOI: 10.1111/j.1756-1051.2010.00861.x
- [9] J. Leong-Škornicková and H. Đ. Tran, Two new species of *Curcuma* subgen. *Ecomata* (Zingiberaceae) from southern Vietnam, *Gardens' Bulletin Singapore*, vol. 65, pp. 169–180, 2013.
- [10] J. Leong-Škornicková and H. T. Luu, *Curcuma leonidii*, a new species from southern Vietnam, *Phytotaxa*, vol. 126, pp. 37, 2013. DOI: 10.11646/phytotaxa.126.1.4.
- [11] Q. B. Nguyen, *Zingiberaceae-Flora of Vietnam*. Hà Nội, Vietnam: Publishing House for Science and Technology, 2017.
- [12] N. Akarchariya, S. Sirilun, J. Julsrigival, and S. Chansakaowa, Chemical profiling and antimicrobial activity of essential oil from *Curcuma aeruginosa* Roxb., *Curcuma glans* K. Larsen & J. Mood and *Curcuma* cf. *xanthorrhiza* Roxb. collected in Thailand, *Asian Pacific Journal of Tropical Biomedicine*, vol. 7, pp. 881–885, 2017. DOI: 10.1016/j.apjtb.2017.09.009.
- [13] N. S. Dosoky and W. N. Setzer, Chemical composition and biological activities of essential oils of curcuma species, *Nutrients*, vol. 10, 2018. DOI: 10.3390/nu10091196.
- [14] H. T. Luu, H. Đ. Tran, T. Q. T. Nguyen and J. Leong-Škornicková, *Curcuma cotuana* sp. nov. (Zingiberaceae: Zingiberaceae) from central Vietnam, *Nordic Journal of Botany*, vol. 35, pp. 552–556, 2017. DOI: 10.1111/njb.01594.
- [15] P. Taberlet, L. Gielly and G. Patou, Universal primers for amplification of three non-coding regions of chloroplast DNA, *Plant Molecular Biology*, vol. 17, pp. 1105–1109, 1991.
- [16] T. White, T. Bruns, S. Lee and J. Taylor, *Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics*. In: *Innis M.A., Gelfand D.H., Sninsky J.J. & White T.J. (eds) PCR Protocols: A Guide to methods and Applications*. Academic Press, New York, 1990.
- [17] A. C. Bowden, Nomenclature for incompletely specified bases in nucleic acid sequences, *European Journal of Biochemistry*, vol. 150, pp.1-5, 1985.
- [18] H. V. Huân and N. V. Phong, Xác định đoạn mã vạch DNA cho trà hoa vàng tam đảo (*Camellia tamdaoensis*): loài cây đặc hữu của Việt Nam, *Tạp Chí Nông Nghiệp và Phát triển nông thôn*, vol. 5, pp. 123–130, 2015.

- [19] N. T. Dũng, N. Q. Nga, T. N. Lân, N. T. Thu, N. T. Phíp, Đ. T. T. Nhân, L. T. T. Hiền and N. N. Linh, Đặc điểm hình thái và mã vạch DNA của loài cây Bảy lá một hoa *Paris Vietnamensis* (Takht.) H.Li ở Việt Nam, *Tạp chí khoa học nông nghiệp Việt Nam*, vol. 16, pp. 282–289, 2018.
- [20] T. H. T. Ton, T. T. Nguyen, T. K. T. Dinh, V. S. Le, G. B. Tran and H. T. Van, new distribution records of *Rothmannia wittii* (Rubiaceae) in Vietnam and identification of DNA barcode sequence for *R. wittii*, *Journal of Science, Ho Chi Minh City University of Education*, vol. 16, pp. 190–199, 2019.
- [21] B. T. N. Hà, M. Y. Hòa, N. M. N. Hào, N. N. Thuận, L. V. Sơn, T. N. Nam and V. H. Thiện, Ghi nhận vùng phân bố mới ở Việt Nam và xác định mã vạch DNA cho loài *Geodorum attenuatum*, *Tạp chí khoa học nông nghiệp Việt Nam*, vol. 5, pp. 67–73, 2019.
- [22] V. H. Thiện, L. H. Trường, N. P. Ngà and T. N. Nam, Xác định mã vạch DNA cho hai loài thuộc chi *Homalomena* (họ Araceae) ở Việt Nam, *Tạp chí Khoa học và Công nghệ, Đại học Công Nghiệp Tp. HCM* vol. 39B, pp. 39–49, 2019. DOI: 10.46242/jst-iuh.v39i03.451

DNA BARCODE OF TWO *CURCUMA* SPECIES NEWLY DESCRIBED FROM VIETNAM

HONG THIEN VAN¹, TRAN DINH THANG¹, VAN SON LE², NGA NGUYEN-PHI^{3,4}, HONG TRUONG LUU⁵, HUU DANG TRAN⁵, NGOC NAM TRINH^{6,*}

¹*Institute of Biotechnology and Food Technology, Industrial University of Ho Chi Minh City*

²*Binh Chau-Phuoc Buu Nature Reserve, Bung Rieng Ward, Xuyen Moc District, Ba Ria-Vung Tau Province, Vietnam.*

³*Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Science, Vietnam National University-HCMC*

⁴*Vietnam National University-HCMC*

⁵*Southern Institute of Ecology, Vietnam Academy of Science and Technology*

⁶*Office of Science Management and International Affairs, Industrial University of Ho Chi Minh City*

*Corresponding: trinhngocnam@iuh.edu.vn

Abstract. *Curcuma xanthella* and *Curcuma cotuana* were recently described as the new species for the flora of Vietnam. The present study successfully amplified and sequenced the ITS, *trnL-F* và *matK* regions of *C. xanthella* as well as provided for the first time, the sequences of ITS2, *trnL-F* and *matK* regions of *C. cotuana*. The results of this study helped to determine several ambiguous nucleotides on the GenBank ITS sequence of *C. xanthella* (Lý 348) specimen. In addition, based on these molecular markers, the present study also provided the differences in the ITS, *trnL-F* and *matK* sequences among these two species and the other *Curcuma* plants, *C. singularis*, *C. flaviflora*, *C. vitellina* and *C. rhomba* that were similar in morphological characteristics.

Keywords. *Curcuma xanthella*, *Curcuma cotuana*, ITS, *trnL-F*, *matK*.

Ngày gửi bài: 30/05/2022

Ngày chấp nhận đăng: 12/07/2022