

ĐÁNH GIÁ MỐI QUAN HỆ DI TRUYỀN CỦA MỘT SỐ GIỐNG HỒ TIÊU (*Piper nigrum* L.) VÙNG ĐÔNG NAM BỘ BẰNG GEN *MATK*

Đặng Thị Kim Thúy^{1*}, Võ Thị Thanh Tâm¹,

Đỗ Đăng Giáp¹, Trần Trọng Tuấn¹, Nguyễn Thị Huyền Trang¹,

Nguyễn Thị Dược¹, Nguyễn Đức Quang², Lê Thành Long¹

TÓM TẮT

Mối quan hệ di truyền của các giống hồ tiêu thuộc vùng Đông Nam bộ được đánh giá thông qua việc so sánh trình tự gen *matK* của các giống hồ tiêu thu thập được và các trình tự tham chiếu trên nguồn cơ sở dữ liệu NCBI. Kết quả phân tích sự biến đổi trình tự nucleotide gen *matK* của các giống hồ tiêu cho thấy, các giống hồ tiêu Việt Nam có sự biến đổi trình tự nucleotide nhiều so với các giống hồ tiêu trên thế giới, đặc biệt là giống VLDN3 và ADDN có 17 vị trí biến đổi so với nhóm hồ tiêu thế giới. Các vùng biến đổi đặc trưng quan trọng của nhóm hồ tiêu Việt Nam xảy ra ở vị trí 463 (trừ mẫu giống VLDN1) chiếm tỉ lệ 85,71% trên tổng số mẫu hồ tiêu thu thập. Ở vị trí 680, sự biến đổi xuất hiện ở 4 giống hồ tiêu (VLDN2, VLVT2, VLDN3 và ADDN), chiếm 57,14% tổng số mẫu thu thập. Mối quan hệ phát sinh loài giữa các nhóm hồ tiêu Việt Nam cũng được phân tích và kết quả cho thấy, các giống hồ tiêu nhóm VNI (VLDN1, VLDN2, VLDN9, SRDN, VLVT2) có mối quan hệ gần hơn so với các giống hồ tiêu thuộc nhóm VNII (VLDN3 và ADDN). Mối quan hệ phát sinh loài của nhóm hồ tiêu Việt Nam và thế giới cũng được xác định khi kết quả phân tích cho thấy nhóm hồ tiêu VNI có mối quan hệ gần hơn nhóm hồ tiêu East Asia (Trung Quốc, Nhật Bản) và Southeast Asia (Thái Lan, Philipin và Pakistan) so với nhóm hồ tiêu VNII.

Từ khóa: Đông Nam bộ, hồ tiêu, mã vạch DNA, *matK*, quan hệ di truyền.

1. GIỚI THIỆU

Cây hồ tiêu (*Piper nigrum* L.) là một loại cây công nghiệp nhiệt đới lâu năm có nguồn gốc từ vùng Tây Nam Ấn Độ. Từ đây, hồ tiêu được đưa đến Indonesia, Malaysia và sau đó đến các nước trồng hồ tiêu khác [1]. Ở Việt Nam, Đông Nam bộ là một trong những vùng trồng hồ tiêu chính, trong đó, Đồng Nai và Bà Rịa - Vũng Tàu là vùng trồng chủ lực của khu vực [2]. Hiện nay, các giống hồ tiêu được trồng phổ biến trong sản xuất chủ yếu do nông dân tự chọn lọc từ nguồn giống địa phương hoặc du nhập từ địa phương khác, giống thường mang tên địa phương có trồng nhiều hoặc địa phương chọn tạo cây giống, do vậy có khi một giống hồ tiêu được mang nhiều tên khác nhau, nhiều giống/dòng hồ tiêu khác nhau lại mang cùng một tên [3]. Do đó, việc xác định lại nguồn gốc các giống hồ tiêu rất có ý nghĩa trong công tác giống phục vụ cho ngành sản xuất hồ tiêu.

Từ năm 2003, mã vạch DNA được coi là một công cụ phân tử và tin sinh học để phân biệt loài, xác định và phát hiện các loài mới ở cấp độ phân loại phân tử [4]. Trong mã vạch DNA, một chuỗi DNA ngắn được sử dụng như một dấu hiệu phân tử để xác định sự đa dạng tồn tại giữa các loài động thực vật [5]. Nhiều gen lục lạp, ti thể và gen nhân đã được sử dụng để nghiên cứu sự biến đổi trình tự ở cấp độ chi [6]. Trong số các gen này, gen *matK* của lục lạp dài khoảng 1500 bp được sử dụng rộng rãi để nghiên cứu hệ thống hóa và tiến hóa thực vật [7]. Gen này có kích thước lý tưởng và có tính bảo thủ cao nên được sử dụng để nghiên cứu về nguồn gốc tiến hóa, tỷ lệ biến đổi lớn ở mức axit nucleic ở vị trí codon thứ nhất và thứ hai, tỷ lệ chuyển đổi/chuyển đoạn thấp và sự hiện diện của các vùng được bảo tồn đột biến. Những đặc điểm này của gen *matK* được khai thác để giải quyết các mối quan hệ cấp độ loài và dưới loài [8].

Trong nghiên cứu này, gen *matK* được sử dụng để phân tích mối quan hệ di truyền của các giống hồ tiêu đang được canh tác tại vùng Đông Nam bộ, từ đó

¹ Viện Sinh học Nhiệt đới, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

² Hội Nông dân huyện Trảng Bom, tỉnh Đồng Nai

*Email: dtktuy@gmail.com

làm cơ sở cho việc đánh giá và bảo tồn nguồn gen hồ tiêu Việt Nam.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

2.1. Vật liệu

Chọn ngẫu nhiên các cá thể hồ tiêu khỏe mạnh, không nhiễm sâu bệnh hại từ các nhà vườn trồng tiêu ở các tỉnh canh tác hồ tiêu thuộc vùng Đông Nam bộ (Bảng 1, hình 1). Mỗi cá thể được ký hiệu

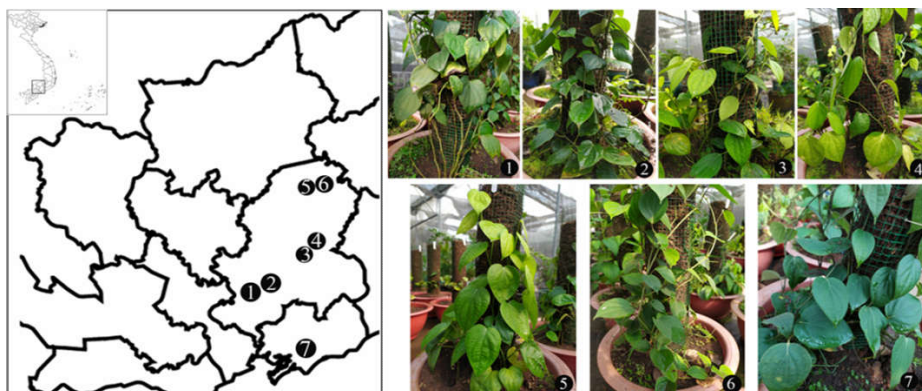
riêng biệt. Các đoạn thân sinh trưởng tốt từ các cá thể này được thu thập để phục vụ cho việc phân tích DNA và bảo tồn nguồn gen. Mẫu thu thập được trồng ở vườn ươm Viện Sinh học Nhiệt đới để lưu trữ và bảo tồn nguồn mẫu. Mẫu lá bánh tẻ của mỗi cá thể được giữ lạnh và chuyển đến phòng thí nghiệm. Mẫu sẽ được trữ lạnh ở -20°C cho đến khi được sử dụng để ly trích DNA.

Bảng 1. Danh sách mẫu và vị trí thu thập mẫu hồ tiêu

STT	Tên giống	Ký hiệu	Nơi thu thập mẫu	Tọa độ địa lý
1	Vĩnh Linh	VLDN1	Xuân Lộc, Đồng Nai	10°57'51"N - 107°20'54"E
2	Vĩnh Linh	VLDN2	Xuân Lộc, Đồng Nai	
3	Vĩnh Linh	VLDN3	Cẩm Mỹ, Đồng Nai	10°42'03"N - 107°19'32"E
4	Vĩnh Linh	VLDN9	Cẩm Mỹ, Đồng Nai	
5	Srilanca	SRDN	Trảng Bom, Đồng Nai	11°03'48"N - 107°05'21"E
6	Ấn Độ	ADDN	Trảng Bom, Đồng Nai	
7	Vĩnh Linh	VLVT2	Xuân Mộc, Bà Rịa – Vũng Tàu	10°33'35"N - 107°25'34"E

Bảng 2. Một số đặc điểm nhận dạng các mẫu giống hồ tiêu thu thập

STT	Tên giống	Ký hiệu	Màu chồi ngọn non	Hình dạng lá	Mép lá	Dạng lá phía cuống
1	Vĩnh Linh	VLDN1	Tím nhạt	Ôvan-elip	Không gợn sóng	Tròn
2	Vĩnh Linh	VLDN2	Tím nhạt	Ôvan-elip	Không gợn sóng	Tròn
3	Vĩnh Linh	VLDN3	Tím nhạt	Ôvan-elip	Không gợn sóng	Tròn
4	Vĩnh Linh	VLDN9	Tím nhạt	Ôvan-elip	Không gợn sóng	Tròn
5	Srilanca	SRDN	Xanh vàng	Ôvan-mũi mác	Không gợn sóng	Dạng tim
6	Ấn Độ	ADDN	Tím nhạt	Hình tim	Không gợn sóng	Dạng tim
7	Vĩnh Linh	VLVT2	Tím nhạt	Ôvan-mũi mác	Không gợn sóng	Dạng tim



Hình 1. Vị trí thu thập mẫu và các giống hồ tiêu thu thập được trồng bảo tồn tại vườn ươm Viện Sinh học Nhiệt đới (1: VLDN2; 2: VNDN2; 3: VLDN3; 4: VLDN9; 5: SRDN; 6: ADDN; 7: VLVT2)

2.2. Ly trích DNA

Các mẫu lá hồ tiêu được ly trích DNA tổng số theo bộ KIT sinh học phân tử nhằm chuẩn hóa quy trình ly trích DNA. Trong nghiên cứu này, bộ KIT Plant/Fungi DNA Isolation Kit (Norgen Biotek,

Canada) được sử dụng để tiến hành ly trích DNA tổng số từ các mẫu hồ tiêu thu thập được.

2.3. Phản ứng PCR

Những mẫu DNA đạt tiêu chuẩn được sử dụng để tiến hành khuếch đại với cặp mồi (5' - 3')

ATCCATCTGGAAATCTTAGTTC và (3' - 5') GTTCTAGCACAAGAAAGTCG) (CBOL Plant Working Group, 2009) của gen *matK* Trong nghiên cứu này, bộ KIT iProof™ High-Fidelity Master Mix (Bio-Rad, Mỹ) được sử dụng để tiến hành thực hiện phản ứng PCR.

Bảng 3. Thông tin cặp mồi của gen *matK*

Vùng gen	Primer	Trình tự primer (5' - 3')	T _a (°C)	Kích thước (bp)	Nguồn
<i>matK</i>	<i>matK</i> -F	ATCCATCTGGAAATCTTAGTTC	52	854	CBOL Plant Working Group, 2009
	<i>matK</i> -R	GTTCTAGCACAAGAAAGTCG			

Điều kiện để thực hiện phản ứng PCR: tiền biến tính 98°C trong 1 phút; 35 chu kỳ: biến tính ở 98°C trong 10 giây; bắt cặp 52°C trong 45 giây; kéo dài 72°C trong 45 giây và hoàn thành phản ứng ở 72°C trong 5 phút. Sản phẩm PCR được kiểm tra điện di trên gel agarose 1,2% trong thời gian 30 phút, nhuộm với ethidium bromide và chụp hình trên máy geldoc.

2.4. Giải trình tự và xử lý dữ liệu

Sản phẩm PCR được giải trình tự bằng máy giải trình tự. Trình tự *matK* của 7 mẫu hồ tiêu Việt Nam được đánh giá mức độ tương đồng và độ bao phủ với trình tự có sẵn một số mẫu hồ tiêu thuộc khu vực Đông Nam Á (Thái Lan, Philippin), Nam Á (Pakistan) và Đông Á (Trung Quốc, Nhật Bản) trên cơ sở dữ liệu NCBI bằng công cụ BLAST (Bảng 3).

Sử dụng phần mềm MEGA 6.0 (The Molecular Evolution Genetics Analysis) để tính khoảng cách di truyền dựa trên mô hình Tamura – Nei và xây dựng

cây phát sinh loài với thuật toán Contrast/Test Test Neighbor - Joining Tree from DNA sequences với hệ số bootstrap 1000.

Bảng 4. Accession number của các mẫu thu thập và trình tự tham chiếu trên NCBI

Accession number	Mẫu thu thập	Accession number	Trình tự tham chiếu
MT465693	VLDN1	AB040153.2	Nhật Bản
MT465694	VLDN2	EF450299.1	Trung Quốc
MT465695	VLDN3	KM074009.1	Thái Lan
MT465696	VLDN9	KM074010.1	Thái Lan
MT465697	SRDN	DQ882215.1	Philippin
MT465698	ADDN	MG947058.1	Pakistan
MT465699	VLVT2		

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Sự biến đổi trong trình tự gen *matK* của các giống hồ tiêu thu thập

Bảng 5. Các vị trí biến đổi của gen *matK* ở hồ tiêu Việt Nam và hồ tiêu thế giới

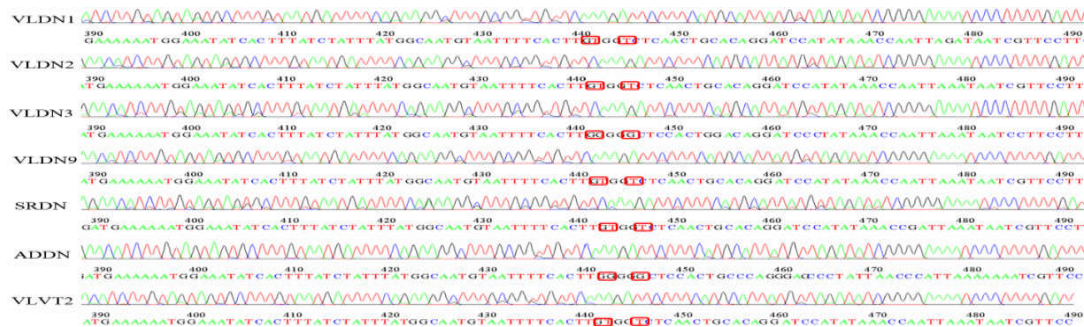
Accession number	Vị trí nucleotide
	1122 2222334444 4444444444 4445555555 5555555555 5555555566 6666666666 6666666666 6666666666 66
	78895902 8889350233 3344455666 7890000122 3333444556 7777888900 0011122244 4445555677 8888999999 99
	4590146449 1292270704 7906938359 0941369814 0123136789 2369046835 6916812834 5782348778 0345802345 67
AB040153.2_Japan	GTAAATCTCC AGTCGGTTA TCATAAAGTC GCTTTGGCTT GTCAGGTTGT AGGCGCAATT CTATAGTGCT ACGCATAGCG ATGTGTCTGA TA
EF450299.1_China	A.....
KM074009.1_Thailand	A.....A.....G.....C.....G.....C.....A.....T
MG947058.1_Pakistan	..TGNA.....A.....A.....N.....
DQ882215.1_Philippine	..TKCATGTT G.CTA.C... C.....A ..C.....A.....G.....C.....C.....
KM074010.1_Thailand	CATGCA.....GA.....A.....A.....A.....A.....
MT465697_SRDN	..TGCA.....GA.....A.....A.....A.....A.....
MT465693_VLDN1	A.....
MT465696_VLDN9	A.....A.....
MT465694_VLDN2	A.....A.....T.....CGC GGTC A.....
MT465699_VLVT2	A.....A.....GA.....G.....ATCTG A..
MT465695_VLDN3	A.....GGC .G..C..A.. CG..GCAT.G A.....AT.A.....G.CTT....T.GG....GGAC..T... ..
MT465698_ADDN	A.....GGC ..CGCTCAA. .G.GG..TGG AA.CAAAG .AATCACTCC A..CTT.ATC TT.GC.C.G. G.T.....TG ..

Sản phẩm khuếch đại vùng gen *matK* của 7 mẫu giống hồ tiêu Việt Nam có kích thước 854 bp. Các trình tự nucleotide của vùng gen này được phân tích cùng một số giống hồ tiêu trong khu vực Đông Nam Á (Thái Lan, Philippin), Nam Á (Pakistan) và Đông Á

(Trung Quốc, Nhật Bản). Kết quả cho thấy có 92 vị trí đa hình (Bảng 5) chiếm 13,18% trình tự DNA tổng số được phân tích. Một số giống hồ tiêu Việt Nam có nhiều vị trí biến đổi, trong đó, nhóm hồ tiêu VNII bao gồm mẫu giống hồ tiêu VLDN3 và ADDN có nhiều vị

trí biến đổi nucleotide nhất so với các giống hồ tiêu thế giới. Vùng biến đổi đặc trưng của hai giống hồ tiêu này xảy ra ở 17 vị trí (427, 430, 434, 449, 463, 489, 503, 518, 524, 530, 573, 616, 618, 621, 647, 652 và 680). Các vùng biến đổi đặc trưng quan trọng của nhóm hồ tiêu Việt Nam xảy ra ở vị trí 463 (trừ mẫu giống VLDN1) chiếm tỉ lệ 85,71% trên tổng số mẫu

hồ tiêu thu thập. Ở vị trí 680, sự biến đổi xuất hiện ở 4 giống hồ tiêu (VLDN2, VLVT2, VLDN3 và ADDN), chiếm 57,14% tổng số mẫu thu thập. Bên cạnh đó, giống hồ tiêu SRDN có các vị trí biến đổi giống với giống hồ tiêu Thái Lan (KM074010.1) ở các vị trí 458, 463, 532, 558, 648 và 678. Điều này cho thấy hai giống này có thể có chung nguồn gốc.



Hình 2. Một đoạn trình tự đối sánh giữa các mẫu hồ tiêu thu thập được

3.2. Mối quan hệ phát sinh loài đối với gen *matK* của các giống hồ tiêu thu thập

Khoảng cách di truyền giữa các nhóm được tính toán dựa trên phương pháp Tamura-Nei model. Kết quả phân tích khoảng cách di truyền giữa các giống hồ tiêu trong từng nhóm cho thấy tất cả các haplotype của các giống hồ tiêu trong nhóm Vietnam I là $0,014 \pm 0,003$ và nhóm Vietnam II là $0,062 \pm 0,010$. Như vậy, các giống hồ tiêu trong nhóm Vietnam I có mối quan hệ gần hơn so với các giống hồ tiêu trong nhóm Vietnam II.

Mối quan hệ về mặt di truyền của các giống hồ tiêu Việt Nam còn được xem xét với một số giống hồ tiêu thuộc khu vực Đông Nam Á và Nam Á (nhóm Southeast Asia - SA) là Thái Lan, Philippin, Pakistan và nhóm hồ tiêu thuộc khu vực Đông Á (East Asia - EA) là Trung Quốc và Nhật Bản. Kết quả phân tích ở bảng 6 cho thấy khoảng cách di truyền của nhóm hồ tiêu VN I và nhóm hồ tiêu VN II là $0,061 \pm 0,008$. Trong khi đó, khoảng cách di truyền của nhóm hồ tiêu EA và nhóm VN I ($0,009 \pm 0,002$), thấp hơn so với khoảng cách di truyền của nhóm EA và nhóm VN II ($0,061 \pm 0,008$). Điều này cho thấy, nhóm hồ tiêu VN I có mối quan hệ gần hơn với nhóm hồ tiêu EA so với nhóm hồ tiêu VN II. Xét mối quan hệ của nhóm hồ tiêu SA với các nhóm hồ tiêu VN, cho thấy nhóm hồ tiêu SA có khoảng cách di truyền với nhóm hồ tiêu VN I là $0,019 \pm 0,003$, thấp hơn so với khoảng cách di truyền của nhóm này với nhóm hồ tiêu VN II ($0,070 \pm 0,008$). Kết quả này cho thấy nhóm hồ tiêu

VN I cũng có mối quan hệ gần hơn với nhóm hồ tiêu SA so với nhóm hồ tiêu VN II. Từ các kết quả trên cho thấy, nhóm hồ tiêu VN I có mối quan hệ gần hơn với cả hai nhóm hồ tiêu EA và SA so với nhóm hồ tiêu VN II.

Bảng 6. Ma trận về khoảng cách di truyền Tamura - Nei giữa hồ tiêu Việt Nam và hồ tiêu thế giới

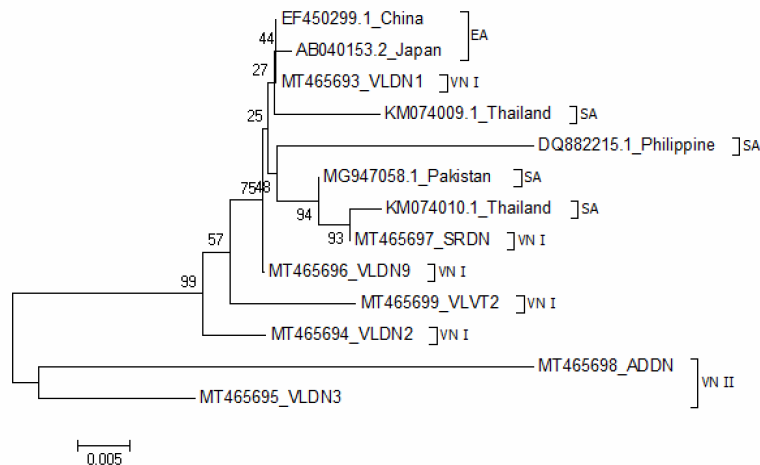
(giá trị ma trận tam giác dưới là khoảng cách di truyền trung bình, giá trị ma trận tam giác trên là sai số chuẩn)

	East Asia	Southeast Asia	Vietnam I	Vietnam II
East Asia		0,003	0,002	0,008
Southeast Asia	0,014		0,003	0,008
Vietnam I	0,009	0,019		0,008
Vietnam II	0,061	0,070	0,061	

Cây phát sinh loài được xây dựng trên phương pháp thống kê Neighbor - joining (Contrust / Test Neighbor - Joining Tree) từ các trình tự DNA *matK* của các giống hồ tiêu Việt Nam và thế giới với hệ số bootstrap 1000 (Hình 3). Kết quả cho thấy có sự tách biệt rõ rệt giữa 2 nhóm hồ tiêu Việt Nam. Nhóm hồ tiêu VN II bao gồm hai giống ADDN và VLDN3 có hệ số bootstrap 99%. Nhóm hồ tiêu VN I có mối quan hệ gần hơn với các nhóm hồ tiêu trong khu vực. Đối với nhóm hồ tiêu thuộc khu vực Đông Nam Á (SA), giống hồ tiêu SRDN (VN I) và Thái Lan (KM074010.1) có hệ số bootstrap 93%. Mức độ tương đồng trình tự gen *matK* của giống hồ tiêu Thái Lan

(KM074010.1) và SRDN là 99,49%. Tỷ lệ này cao hơn so với 6 giống hồ tiêu Việt Nam còn lại. Điều này cho thấy, giống hồ tiêu Việt Nam SRDN có thể có chung nguồn gốc với giống hồ tiêu Thái Lan (KM074010.1). Đối với nhóm hồ tiêu thuộc khu vực Đông Á (EA), chỉ có giống hồ tiêu Việt Nam VLDN1 thuộc nhóm này với mức độ tương đồng về trình tự gen *matK* của

nhóm hồ tiêu EA và VLDN1 là cao nhất (99,75% đối với giống Trung Quốc – EF450299.1 và 99,50% đối với giống Nhật Bản – AB040153.1) so với các trình tự của 6 giống hồ tiêu Việt Nam còn lại. Điều này đồng nghĩa giống hồ tiêu VLDN1 có thể có nguồn gốc từ khu vực này.



Hình 3. Cây phát sinh loài được xây dựng từ trình tự *matK* của các giống hồ tiêu Việt Nam và hồ tiêu thế giới bằng phương pháp phân tích Neighbor – joining

4. KẾT LUẬN

Các giống hồ tiêu Việt Nam có sự biến đổi trình tự nucleotide nhiều so với các giống hồ tiêu trên thế giới, đặc biệt là giống VLDN3 và ADDN có 17 vị trí biến đổi so với nhóm hồ tiêu thế giới. Các vùng biến đổi đặc trưng quan trọng của nhóm hồ tiêu Việt Nam xảy ra ở vị trí 463 (trừ mẫu giống VLDN1) chiếm tỉ lệ 85,71% trên tổng số mẫu hồ tiêu thu thập. Ở vị trí 680, sự biến đổi xuất hiện ở 4 giống hồ tiêu (VLDN2, VLVT2, VLDN3 và ADDN), chiếm 57,14% tổng số mẫu thu thập. Đây là cơ sở để nhận dạng các giống hồ tiêu phục vụ cho công tác bảo tồn và chọn giống. Bên cạnh đó, khi phân tích mối quan hệ phát sinh loài giữa các nhóm hồ tiêu Việt Nam cho thấy, các giống hồ tiêu nhóm VNI (VLDN1, VLDN2, VLDN9, SRDN, VLVT2) có mối quan hệ gần hơn so với các giống hồ tiêu thuộc nhóm VNII (VLDN3 và ADDN). Khi so sánh mối quan hệ này với các nhóm hồ tiêu thế giới, kết quả cho thấy nhóm VNI có mối quan hệ gần hơn nhóm hồ tiêu EA và SA so với nhóm hồ tiêu VNII.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Ravindran, P. N., Babu, K. N., Sasikumar, B., & Krishnamurthy, K. S., 2000. Botany and crop

improvement of black pepper. In Black pepper (pp. 43-164). CRC Press.

2. Nguyễn Mạnh Chính và Nguyễn Đăng Nghĩa, 2007. Bác sĩ cây trồng, quyển 22: Trồng, chăm sóc và phòng trừ sâu bệnh cây hồ tiêu. Nhà xuất bản Nông nghiệp TP. HCM.

3. Phan Quốc Sùng, 2000. Tìm hiểu về kỹ thuật trồng và chăm sóc cây hồ tiêu. Nhà xuất bản Nông nghiệp.

4. Hollingsworth, P. M., Graham, S. W. and Little, D. P., 2011. Choosing and Using a Plant DNA Barcode. PLoS ONE, 6, e19254. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0019254>

5. Kress, W. J., Wurdack, K. J., Zimmer, E. A., Weigt, L. A., & Janzen, D. H., 2005. Use of DNA barcodes to identify flowering plants. Proceedings of the National Academy of Sciences, 102 (23), 8369-8374.

6. Chase, M. W., Soltis, D. E., Olmstead, R. G., Morgan, D., Les, D. H., Mishler, B. D., ... & Albert, V. A., 1993. Phylogenetics of seed plants: an analysis of nucleotide sequences from the plastid gene *rbcl*. Annals of the Missouri Botanical Garden, 528-580.

7. Notredame, C., Higgins, D. G., & Heringa, J., 2000. T-Coffee: A novel method for fast and accurate multiple sequence alignment. *Journal of molecular biology*, 302 (1), 205-217.

8. Wolfe, K. H., Li, W. H., & Sharp, P. M., 1987. Rates of nucleotide substitution vary greatly among plant mitochondrial, chloroplast and nuclear DNAs. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 84(24), 9054-9058.

THE GENETIC RELATIONSHIP OF BLACK PEPPER (*Piper nigrum* L.) OF EASTERN SOUTHERN ASSESSED BY *MATK*

**Dang Thi Kim Thuy, Vo Thi Thanh Tam, Do Dang Giap, Tran Trong Tuan,
Nguyen Thi Huyen Trang, Nguyen Thi Duoc, Nguyen Duc Quang, Le Thanh Long**

Summary

The genetic relationships of black pepper varieties (*Piper nigrum* L.) in the Eastern Southern were evaluated through comparing the *matK* gene sequences of the collected samples and the reference sequences on the NCBI database. Analysis results of the change of *matK* gene nucleotide sequence of black pepper varieties showed that Vietnamese black pepper varieties have many variations in the nucleotide sequence compared to black pepper varieties in the world, especially VLDN3 and ADDN has 17 different positions compared to the world black pepper group. The important characteristic change areas of the Vietnamese pepper group occurred at position 463 (except for VLDN1), accounting for 85.71% of the total collected pepper samples. At position 680, changes appeared in four varieties of pepper (VLDN2, VLVT2, VLDN3, and ADDN), accounting for 57.14% of the total samples collected. Phylogenetic relationships among black pepper groups in Vietnam were also analyzed and the results showed that VNI group had a closer relationship than the East Asia group (China, Japan) and Southeast Asia group (Thailand, Philippines and Pakistan) compared to the VNII group.

Keywords: *Black pepper, DNA barcode, Eastern Southern, genetic relationships, matK.*

Người phản biện: PGS.TS. Khuất Hữu Trung

Ngày nhận bài: 25/02/2021

Ngày thông qua phản biện: 26/3/2021

Ngày duyệt đăng: 02/4/2021