

# Phân tích mối quan hệ di truyền của một số giống tỏi (*Allium sativum* L., Alliaceae) ở Việt Nam bằng kỹ thuật đa hình ADN khuếch đại ngẫu nhiên (RAPD)

Nguyễn Thanh Tô Nhi

Khoa Dược, Đại học Nguyễn Tất Thành  
 ntt nhi@ntt.edu.vn, nandc04@gmail.com

## Tóm tắt

Để đánh giá mức độ khác biệt kiểu gen giữa 8 mẫu tỏi tại Việt Nam, tác giả sử dụng kỹ thuật đa hình ADN khuếch đại ngẫu nhiên (RAPD) với 27 môi, phân nhóm di truyền các mẫu khảo sát bằng phần mềm NTSYS pc2.1. Kết quả cho thấy tổng số băng thu được là 296 băng, số băng đa hình là 215 băng, tỉ lệ băng đa hình từ 50 – 100%, hệ số tương đồng di truyền của các mẫu khá cao, dao động từ 53,4% đến 93,6%. Các kết quả nghiên cứu này sẽ cung cấp cơ sở khoa học cho việc chọn giống, lai tạo giống và bảo tồn nguồn quỹ gen cây tỏi tại Việt Nam.

Nhận 14.05.2019  
 Được duyệt 12.07.2019  
 Công bố 20.09.2019

Từ khóa  
 tỏi, quan hệ di truyền,  
 kỹ thuật đa hình khuếch  
 đại ngẫu nhiên

© 2019 Journal of Science and Technology - NTTU

## 1 Đặt vấn đề

Tỏi là một loài thực vật lưỡng bội (2n=16), sinh sản sinh dưỡng bằng thân hành (nhánh tỏi). Tuy nhiên, loài tỏi đa dạng đáng kể về kiểu dáng, kích thước và màu sắc, chiều dài lá, đặc tính sinh trưởng và các đặc điểm nông học như stress và chịu hạn[1]. Hiện nay, tại Việt Nam có một số giống tỏi nổi tiếng được gọi tên theo vùng địa lí – nơi trồng tỏi, trong đó có huyện đảo Lí Sơn, Phan Rang, Hải Dương, Bắc Giang, Phù Yên - Sơn La, Đà Lạt, Khánh Hòa. Các giống tỏi này có sự khác biệt về hình thái củ tỏi, được bày bán rất nhiều trong các chợ, siêu thị... Tuy nhiên, mối tương quan di truyền giữa các giống tỏi này chưa được biết đến, có thể chúng đa dạng về kiểu gen, cũng có thể trong số chúng có chung kiểu gen.

Trên cơ sở các nghiên cứu về tính đa dạng di truyền của tỏi ở một số nơi trên thế giới, đề tài “Phân tích mối quan hệ di truyền của một số giống tỏi (*Allium sativum* L.) ở Việt Nam bằng kỹ thuật đa hình khuếch đại ADN ngẫu nhiên (RAPD)” được thực hiện, nhằm đánh giá mức độ khác biệt kiểu gen của một số giống tỏi ở Việt Nam, đồng thời định hướng cho việc xác định mối tương quan giữa sự khác biệt kiểu gen và thành phần hóa học, hoạt tính sinh học của một số giống tỏi ở Việt Nam.

## 2 Đối tượng và phương pháp nghiên cứu

### 2.1 Đối tượng nghiên cứu

Tám loại củ tỏi tươi được thu thập tại các hệ thống siêu thị ở TPHCM, bao gồm các mẫu HN, HD, BG, LS, PR, KH, DL, ST, được sử dụng cho phân tích mối quan hệ di truyền.

**Bảng 1** Nguồn gốc tỏi sử dụng trong nghiên cứu

Kí hiệu mẫu	Nguồn gốc
HN	Hà Nội (Công ty TNHH TM DV XNK Trường An)
BG	Bắc Giang (thôn Cao Thượng, xã Tân Hưng, huyện Lạng Giang, tỉnh Bắc Giang)
HD	Hải Dương (Công ty TNHH TM DV Huy Vũ)
LS	Lí Sơn (Công ty Cổ phần Thương mại Dịch vụ Du lịch Lí Sơn)
PR	Phan Rang (Công ty Đình Lợi – Trang trại Quang Ninh)
KH	Khánh Hòa
ĐL	Đà Lạt (Công ty TNHH SXTM Nông sản Phong Thụy)
ST	Sóc Trăng (Hợp tác xã Hành tím Vĩnh Châu – Sóc Trăng)



## 2.2 Phương pháp nghiên cứu

### 2.2.1 Chiết tách DNA

DNA được trích li từ củ tỏi tươi theo qui trình của Doyle & Doyle[2] có cải biên, xử lí 2 lần chloroform - isoamyl alcohol, rửa 2 lần bằng isopropanol và cồn tuyệt đối. Sau đó, nồng độ và độ tinh sạch của DNA được xác định bằng máy đo quang phổ (Gene Quant) ở các bước sóng 260nm, 280nm và 230nm. DNA tinh sạch được bảo quản ở -20°C cho đến khi sử dụng.

### 2.2.2 Thực hiện phản ứng RAPD-PCR

Thực hiện phản ứng RAPD-PCR theo Williams và cộng sự[3] với 40 môi (Bảng 2), mỗi môi được dùng để khuếch đại 3 mẫu tỏi ngẫu nhiên. Các mẫu tỏi ngẫu nhiên dùng

trong sàng lọc môi là HN, BG, ST. Sau bước sàng lọc này, những môi có băng đa hình cao, phân biệt rõ ràng, được chọn để tiến hành phân tích đa hình RAPD-PCR của 8 mẫu khảo sát. Thành phần phản ứng PCR, chu trình nhiệt cho phản ứng PCR như Bảng 3, 4. Kết quả PCR được phân tích bằng phương pháp điện di trên gel agarose 2,5%. Quá trình điện di được thực hiện trong 20 phút đầu với hiệu điện thế 120V và 60 phút sau với hiệu điện thế 90V, sử dụng dung dịch đệm điện di TAE 1X, dung dịch nhuộm gel diamond nucleic acid dye, và thang chuẩn 1kb của hãng Promega. Kết quả điện di được hiển thị dưới đèn UV và được chụp lại bằng máy chụp thông thường.

**Bảng 2** Các môi được sử dụng trong phản ứng RAPD-PCR [4]

STT	Tên môi	Trình tự (5'-3')	Nhà cung cấp	STT	Tên môi	Trình tự (5'-3')
1	A1	CAGGCCCTTC	PHUSA BIOCHEM	21	J13	CCACACTACC
2	B16	TTTGCCCGGA		22	K5	TCTGTGCGAGG
3	B17	AGGGAACGAG		23	K15	CTCCTGCCAA
4	C5	GATGACCGCC		24	K20	GTGTCGCGAG
5	C7	GTCCCGACGA		25	N1	CTCACGTTGG
6	C9	CTCACCGTCC		26	N3	GGTACTCCCC
7	C13	AAGCCTCGTC		27	N8	ACCTCAGCTC
8	D3	GTCGCCGTCA		28	N13	AGCGTCACTC
9	D5	TGAGCGGACA		29	N14	TCGTGCGGGT
10	F5	CCGAATTCCC		30	N16	AAGCGACCTG
11	G2	GGCACTGAGG		31	N17	CATTGGGGAG
12	G11	TGCCCGTCGT		32	N19	GTCCGTACTG
13	G12	CAGCTCACGA		33	O1	GGCACGTAAG
14	G14	GGATGAGACC		34	O4	AAGTCCGCTC
15	G19	GTCAGGCAA		35	O9	TCCCACGCAA
16	G20	TCTCCCTCAG		36	O10	TCAGAGCGCC
17	H3	AGACGTCCAC		37	O18	CTCGCTATCC
18	I5	TGTTCCACGG		38	P13	GGAGTGCCCTC
19	I7	CAGCGACAAG		39	AB18	CTGGCGTGTC
20	J12	GTCCCGTGGT		40	AC2	GTCGTCGTCT

**Bảng 3** Thành phần phản ứng RAPD-PCR [2]

Thành phần phản ứng	Nồng độ đầu	Nồng độ cuối / phản ứng
PCR buffer	10X	1 X
MgCl <sub>2</sub>	50mM	2,5mM
dNTPs	10mM	0,2mM
Môi	100µM	0,4µM
Taq polymerase	5U/µl	1U
ADN khuôn		25ng
H <sub>2</sub> O		Vừa đủ 25µl

**Bảng 4** Chu trình nhiệt trong phản ứng RAPD-PCR [2]

Bước	Nhiệt độ (°C)	Thời gian	Số chu kì
1	94	2 phút	1
2	94	45 giây	45
	36	1 phút	
	72	2 phút	
3	72	2 phút	1

**2.2.3 Phân tích kết quả đa hình từ RAPD-PCR**

Thiết lập ma trận nhị phân từ kết quả RAPD – PCR với nguyên tắc “1” nghĩa là có sự xuất hiện vạch khuếch đại, “0” là không có vạch khuếch đại. Chỉ các băng rõ, ổn định, và lặp lại có kích thước 150-2500bp, được dùng trong phân tích dữ liệu. Các vạch quá mờ được loại bỏ. Để hiển thị mối quan hệ di truyền giữa các mẫu khảo sát, một sơ đồ hình cây được xây dựng dựa trên chỉ số tương ứng đơn giản SM (Simple matching coefficient) và xếp nhóm các mẫu theo phương pháp UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetic mean) sử dụng phần mềm NTSYS-pc 2.1.

**3 Kết quả và thảo luận**

**3.1 Chiết tách DNA**

Các mẫu khảo sát đã được tách chiết DNA tổng số bằng phương pháp Doyle & Doyle có cải tiến, đồng thời được xác định nồng độ và độ tinh sạch bằng phương pháp đo quang phổ. Kết quả thu được ở Bảng 5 cho thấy DNA tổng số thu được có nồng độ DNA khá cao, dao động từ 315ng/μl đến 1405ng/μl, đạt độ tinh sạch (tỉ số A<sub>260/280</sub> từ 1,8 – 2). DNA tổng số được pha loãng với TE<sub>0,1</sub> tới một nồng độ nhất định và được sử dụng cho phản ứng phân tích RAPD

**Bảng 5** Nồng độ và độ tinh sạch của các mẫu khảo sát

Mẫu	A230	A260	A280	A260/280	A260/230	Nồng độ (ng/μl)
HN	0,153	0,246	0,127	1,937	1,608	1230
BG	0,155	0,254	0,136	1,868	1,639	1270
HD	0,05	0,076	0,042	1,809	1,542	380
LS	0,152	0,281	0,149	1,886	1,849	1405
PR	0,035	0,083	0,046	1,804	2,371	415
KH	0,067	0,111	0,058	1,914	1,657	555
DL	0,046	0,101	0,056	1,804	2,196	505
ST	0,041	0,063	0,035	1,8	1,537	315

**3.2 Sàng lọc môi**

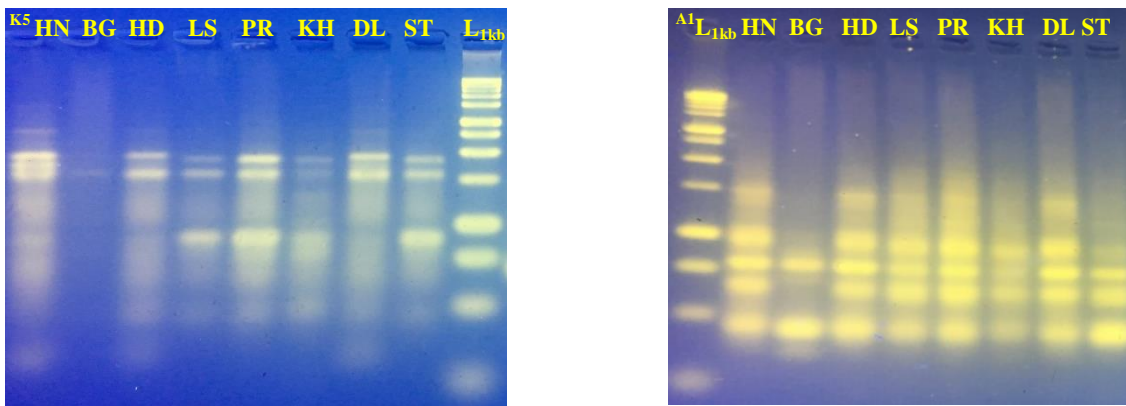
Trong 40 môi 10-mer oligonucleotit được sử dụng với 3 mẫu ngẫu nhiên để sàng lọc môi cho phản ứng RAPD-PCR, chọn ra 27 môi (ngoại trừ các môi OPC5, OPD5, OPG2, OPG19, OPH3, OPI5, OPI7, OPJ13, OPK15, OPK20, OPN14, OPN16, OPO18) cho kết quả các băng đa hình phân biệt rõ, chúng được sử dụng cho phản ứng RAPD-PCR trên toàn bộ 8 mẫu khảo sát.

**3.3 Kết quả khuếch đại DNA với môi ngẫu nhiên**

27 môi sau sàng lọc lần lượt được tiến hành phản ứng RAPD-PCR với các mẫu tòi khảo sát và chạy điện di trên gel agarose nhằm đánh giá sự đa dạng giữa chúng. Sản phẩm PCR của 2 môi điển hình được trình bày trong

Hình 1. Kết quả phân tích đa hình kiểu gen dựa trên cơ sở điện di được trình bày trong Bảng 6 và Bảng 7. Kết quả cho thấy số băng khuếch đại được từ mỗi môi dao động trong khoảng 6 – 16 băng; tỉ lệ băng đa hình của từng môi dao động trong khoảng 50% - 100%. Theo Bảng 7, tổng số băng thu được sau phản ứng PCR là 296 băng, trung bình mỗi môi khuếch đại được khoảng 11 băng, trong đó số băng đa hình là 215, chiếm 72,6% trong tổng số băng là 296.

Tuy tỉ lệ băng đa hình cao, nhưng không môi nào có thể được sử dụng như là marker để nhận diện 8 mẫu tòi khảo sát. Tuy nhiên, đối với một số môi, có sự phân biệt giữa một hoặc một số mẫu so với 8 mẫu tòi nghiên cứu.



**Hình 1** Sản phẩm RAPD-PCR môi K5, A1

HN–Hà Nội, BG–Bắc Giang, HD–Hải Dương, LS–Lí Sơn, PR–Phan Rang, KH–Khánh Hòa, DL–Đà Lạt, ST–Sóc Trăng, L<sub>1kb</sub>-thang 1kb

**Bảng 6** Số sản phẩm khuếch đại, số băng đa hình và tỉ lệ băng đa hình của mỗi môi

Mẫu Môi	HN	BG	HD	LS	PR	KH	DL	ST	Σ băng	Băng đa hình	% băng đa hình
A1	7	6	8	6	6	4	7	5	10	7	70
B16	6	6	6	6	6	4	6	1	8	8	100
B17	6	4	6	6	7	5	6	6	8	6	75
C7	9	9	9	12	12	11	9	7	14	8	57
C9	9	9	9	10	11	11	9	7	13	7	54
C13	8	7	8	7	7	6	7	7	10	6	60
D3	11	9	11	13	11	13	8	6	16	12	75
F5	3	3	3	3	3	3	5	5	7	4	57
G11	7	6	6	9	7	9	8	3	12	10	83
G12	8	7	8	8	9	8	9	6	10	4	40
G14	4	2	4	4	4	4	4	5	6	5	83
G20	4	2	3	6	6	5	3	6	7	6	86
J12	9	7	9	7	7	7	10	7	10	6	60
K5	8	2	7	5	6	7	6	6	10	8	80
N1	9	8	9	8	8	7	9	9	11	6	55
N3	11	8	11	11	11	9	9	5	16	13	81
N8	6	4	9	9	9	5	7	4	11	10	91
N13	10	10	10	9	10	9	8	7	13	9	69
N17	10	6	8	8	8	8	10	7	12	8	67
N19	7	3	4	10	11	5	7	10	12	10	83
O1	8	5	9	6	6	5	6	5	10	9	90
O4	7	5	7	10	11	9	11	8	14	11	79
O9	8	4	6	7	8	8	7	2	10	8	80
O10	7	9	8	9	7	7	6	10	10	6	60
P13	4	4	4	3	3	3	3	5	9	8	89
AB18	9	7	7	11	11	8	9	9	12	6	50
AC2	8	7	8	9	10	8	8	2	14	13	93

3.4 Phân tích mối quan hệ di truyền bên trong loài tòi  
Tương quan di truyền giữa các mẫu được tính toán bằng phần mềm NTSYS-pc 2.1 dựa trên hệ số tương ứng đơn giản SM (Simple matching coefficient). Kết quả có 28 cặp được tạo nên từ 8 mẫu khảo sát, với hệ số tương quan di truyền từng cặp nằm trong khoảng 53,4% – 93,6%. Cặp mẫu BG và PR là cặp có hệ số tương quan di truyền thấp

nhất (53,4%) trong khi cặp mẫu LS và PR là cặp có hệ số tương quan di truyền cao nhất (93,6%). Trung vị (median) tính được là 68,4%, trong đó 18/28 cặp có hệ số tương quan thấp hơn 68,4% và 10/28 cặp có hệ số tương quan từ 68,4% trở lên.

Ma trận hệ số tương quan di truyền tức Bảng 8, được dùng làm cơ sở dữ liệu để xây dựng một sơ đồ hình cây, nhằm

phân nhóm di truyền cho 8 mẫu khảo sát. Sơ đồ này xếp nhóm dựa trên thuật toán UPGMA, theo phương pháp SAHN. Kết quả ở Hình 2 cho thấy có 3 nhóm lớn được hình thành nếu xét ở mức độ 69% tương quan di truyền, trong đó nhóm I chỉ gồm mẫu ST, nhóm II chứa mẫu KH, LS, PR và được chia thành hai phân nhóm A (mẫu KH) và

B (LS và PR có mức độ tương quan di truyền cao nhất, khoảng 94%) khi xét ở mức độ 88,6% tương quan di truyền, nhóm III gồm 4 mẫu còn lại, và được chia thành hai phân nhóm A (mẫu BG), B (mẫu DL) và C (mẫu HN, HD với mức độ tương quan di truyền của chúng là 92,2%) khi xét ở mức độ 85% tương quan di truyền.

**Bảng 7** Số sản phẩm khuếch đại, số băng đa hình và tỉ lệ băng đa hình trên tổng số 8 mỗi sử dụng

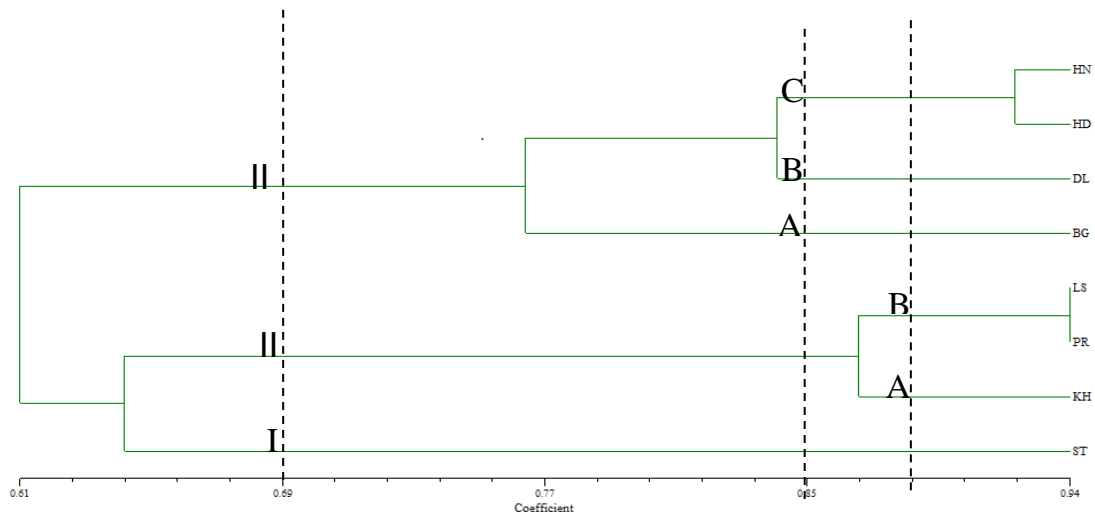
Mẫu	Trình tự (5' - 3')	Σ băng	Băng đa hình	% băng đa hình
A1	CAGGCCCTTC	10	7	70
B16	TTTGCCCGGA	8	8	100
B17	AGGGAACGAG	8	6	75
C7	GTCCCGACGA	14	8	57
C9	CTCACCGTCC	13	7	54
C13	AAGCCTCGTC	10	6	60
D3	GTCGCCGTCA	16	12	75
F5	CCGAATTCCC	7	4	57
G11	TGCCCCGTCGT	12	10	83
G12	CAGCTCACGA	10	4	40
G14	GGATGAGACC	6	5	83
G20	TCTCCCTCAG	7	6	86
J12	GTCCCGTGGT	10	6	60
K5	TCTGTGAGG	10	8	80
N1	CTACGTTGG	11	6	55
N3	GGTACTCCCC	16	13	81
N8	ACCTCAGCTC	11	10	91
N13	AGCGTCACTC	13	9	69
N17	CATTGGGGAG	12	8	67
N19	GTCCGTACTG	12	10	83
O1	GGCACGTAAG	10	9	90
O4	AAGTCCGCTC	14	11	79
O9	TCCCACGCAA	10	8	80
O10	TCAGAGCGCC	10	6	60
P13	GGAGTGCCTC	9	8	89
AB18	CTGGCGTGTC	12	6	50
AC2	GTCGTCGTCT	14	13	93
<b>Tổng cộng</b>		296	215	
<b>Số băng trung bình</b>		11	8	

Qua kết quả trên có thể thấy, tuy 8 mẫu tôi khảo sát có tương quan di truyền cao, nhưng vẫn có sự phân nhóm giữa chúng, chứng tỏ có sự khác biệt di truyền đáng kể

giữa một số mẫu tôi đại diện thuộc Miền Bắc, Miền Trung, Tây Nguyên và Miền Nam.

**Bảng 8** Tỉ lệ tương đồng giữa 24 mẫu tôi dựa trên hệ số tương ứng đơn giản (SM coefficient)

Địa phương	HN	BG	HD	LS	PR	KH	DL	ST
HN	1							
BG	0.79	1						
HD	0.92	0.8	1					
LS	0.64	0.55	0.66	1				
PR	0.64	0.53	0.65	0.94	1			
KH	0.62	0.56	0.63	0.88	0.86	1		
DL	0.85	0.7	0.84	0.69	0.68	0.66	1	
ST	0.54	0.58	0.55	0.66	0.65	0.61	0.55	1



**Hình 2** Sơ đồ hình cây thể hiện mối tương quan di truyền giữa 8 mẫu tòi trên cơ sở kiểu gen

Theo kết quả xếp nhóm 8 mẫu tòi khảo sát, có thể thấy có sự phân nhóm di truyền theo từng khu vực địa lí, các mẫu cùng khu vực thì có mối quan hệ di truyền gần và ngược lại các mẫu ở khác khu vực thì có mối quan hệ di truyền xa. Trong đó, mẫu ST là đại diện duy nhất của tòi ở miền Nam được xếp độc lập thành một nhóm, các mẫu đại diện cho tòi ở miền Bắc như HN, HD, BG được xếp thành một nhóm và một nhóm gồm các mẫu đại diện cho tòi miền Trung là LS, PR, KH. Tuy nhiên, mẫu DL thuộc khu vực Tây Nguyên lại được xếp chung một nhóm với các mẫu tòi ở miền Bắc, điều này lại phù hợp với nghiên cứu của Baghalian và cộng sự (2005) cho rằng việc phân loại các kiểu gen theo các đặc điểm hình thái và tế bào học không tương ứng với việc phân nhóm địa lí của các kiểu gen tòi Iran[5]. Nguyên nhân có thể do sự trao đổi giống tòi giữa những người nông dân ở các vùng khác nhau, bởi nếu xét theo mối quan hệ di truyền thì mẫu DL có tương quan kiểu gen khá cao với mẫu HN và HD với hệ số tương quan di truyền lần lượt là 85% và 84%, mặc dù khu vực địa lí, khí hậu và điều kiện môi trường, thổ nhưỡng của Đà Lạt khác xa so với Hà Nội và Hải Dương. Trong tổng số 28 cặp mẫu khảo sát, cặp mẫu LS và PR có quan hệ di truyền gần nhất với hệ số tương quan di truyền khoảng 94%, việc này có thể do các nhà vườn mua giống về trồng ở 2 nơi khác nhau, bởi sự du nhập các nguyên liệu thực vật cũng góp phần làm các cá thể có khoảng cách địa lí xa lại có mức độ tương đồng cao về kiểu gen.

Sử dụng kĩ thuật RAPD để xây dựng sơ đồ hình cây nhằm thể hiện mức độ tương đồng về di truyền giữa các cá thể thuộc loài tòi cũng đã được thực hiện ở nhiều nghiên cứu trước đây: năm 2003, Meryem Ipek và cộng sự đã cho thấy rằng sự đa hình của tòi ở ngân hàng giống tòi bằng chỉ thị AFLP rất đa dạng mà phương pháp RAPD hay isozyme không phân biệt được[6] hay nghiên cứu của Mario Paredes và cộng sự (2008) khi phân tích mối quan hệ di truyền của các loại tòi ở Chile, cho thấy 65 giống tòi được chia thành 2 nhóm, trong đó 46 giống tòi đều nằm trong một nhóm với hệ số tương quan di truyền trong khoảng 94 – 98%. Điều này cho thấy các giống tòi ở Chile có tính đa dạng di truyền thấp khi sử dụng chỉ thị RAPD – PCR[7].

#### 4 Kết luận và đề xuất

Nghiên cứu đã phân nhóm di truyền 8 mẫu tòi khảo sát thành công, nhờ phần mềm NTSYS pc2.1. Hệ số tương quan di truyền của các mẫu khá cao, dao động từ 53,4% đến 93,6%. Điều này cho thấy tính đa dạng di truyền của 8 mẫu tòi này khá thấp. Mặt khác, có mối liên hệ giữa phân nhóm di truyền với khu vực địa lí của 8 mẫu tòi. Với kết quả đạt được như trên, một số định hướng nghiên cứu tiếp theo được đề xuất là nghiên cứu mối quan hệ di truyền của tòi bằng phương pháp RAPD với số lượng mẫu lớn và nguồn thu thập đa dạng trong cả nước, kết hợp RAPD và phân tích giải trình tự ADN các vùng nhân hay lục lạp để đánh giá tương quan di truyền của tòi thêm phần chính xác hơn.

## Tài liệu tham khảo

1. Pooler MR and Simon PW. Characterization and classification of isozyme and morphological variation in a diverse collection of garlic clones. *Euphytica*. 1993; 68 (1, 2): 121 - 30.
2. Doyle, J.J., J.L. Doyle(1987), "A rapid DNA isolation procedure for small quantities from fresh leaf tissue", *Phytochemistry Bulletin*, 19, p. 11-15.
3. Williams, J. G., A. R. Kubelik, K. J. Livak, et al.(1990), "DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers", *Nucleic Acids Res*, 18(22), p. 6531-5.
4. M. Al-Zahim, H.J. Newbury, B.V. Ford- Lloyd (1997), "Classification of Genetic Variation in Garlic (*Allium sativum* L.) Revealed by RAPD", *Hort Science*, 32(6): 1102-1104.
5. Abdoli M, Baghalian K (2009), "Classification of Iranian Garlic (*Allium sativum* L.) using RAPD marker", *Journal of Medicine Plants*, 8(5): p. 45-51.
6. Meryem Ipek, Ahmet Ipek, Philipp W. Simon (2003), "Comparison of AFLPs, RAPD markers, and Isozymes for Diversity Assessment of Garlic and Detection of Putative Duplicates in Germplasm Collections", *Journal American Society for Horticultural Science*, 128(2):246-252.
7. Mario Paredes C, Viviana Becerra V., María I. González A. (2008), "Low genetic diversity among garlic (*Allium sativum* L.) accessions detected using Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)", *Chilean Journal of Agricultural Research*, 68(1): 3-12.

## Analysis on Genetic relations of some garlic varieties in Vietnam using random amplification polymorphism (RAPD)

Nguyen Thanh To Nhi

Faculty of Pharmacy, Nguyen Tat Thanh University  
ntnhi@ntt.edu.vn, nandc04@gmail.com

**Abstract** In order to assess the level of genotype differences between 8 garlic samples in Vietnam, random amplification DNA polymorphism technique (RAPD) with 27 primers, genetic grouping of survey samples by NTSYS pc2.1 software was used in this study. The results showed that the total number of DNA fragments was 296 bands, that of polymorphic bands was 215, the rate of polymorphic bands was from 50 to 100%, and the genetic similarities of the samples were quite high, ranging from 53.4 % to 93.6%. The results of this study will provide a scientific basis for selecting breeds, hybridizing, and for the conservation of garlic gene fund in Vietnam.

**Keywords** garlic, *Allium sativum* L., RAPD, genetic analysis