

## ĐÁNH GIÁ ĐỘ THUẦN 10 GIỐNG Tằm (*BOMBYX MORY L.*) BẰNG CHỈ THỊ RAPD

### Assessment of the Genetic Homogeneity of 10 Silkworm Genotypes (*Bombyx mory L.*) by RAPD Markers

Đinh Thị Phòng<sup>1</sup>, Nguyễn Thị Đảm<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Bảo tàng Thiên nhiên, Viện Khoa học và Công nghệ Việt Nam

<sup>2</sup>Trung tâm Nghiên cứu dâu tằm tơ

Địa chỉ email tác giả liên lạc: [dingthiphong@hotmail.com](mailto:dingthiphong@hotmail.com)

#### TÓM TẮT

Trong nghiên cứu này, mười giống tằm (mỗi giống 10 cá thể: 5 đực và 5 cái) đã được phân tích độ thuần bằng 10 chỉ thị RAPD. Độ thuần của giống tằm thể hiện thông qua tính đồng hình và số lượng của các phân đoạn ADN nhân bản. Kết quả nhận được cho thấy tỉ lệ phần trăm phân đoạn ADN đồng hình nằm trong phạm vi từ 68,83% (giống GQ11) đến 91,66% (giống GQ13). Tổng số phân đoạn ADN nhân bản được của 10 giống tằm là 333. Số phân đoạn ADN nhân bản của 10 giống tằm khi phân tích với 10 chỉ thị RAPD dao động từ 20 (OPN05) đối với giống GQ14 đến 51 (OPP19) đối với giống GQ15. Số lượng các phân đoạn ADN nhân bản với mỗi mỗi xê dịch từ 1 đến 11 phân đoạn. Kích thước phân đoạn DNA nhân bản nằm trong khoảng từ 200 bp đến 1800 bp. Trong số 10 giống tằm nguyên nghiên cứu, thì giống GQ11 có hệ số tương đồng di truyền đạt giá trị thấp nhất dao động từ 0,629 đến 1,000, giống GQ13 có hệ số tương đồng di truyền đạt cao nhất dao động từ 0,864 đến 1,000. Độ thuần của 10 giống tằm được sắp xếp thứ tự như sau: GQ13 > GQ14 > L2 > GQ23 > GQ16 > A18 > GQ17 > GQ15 > GQ12 > GQ11.

Từ khoá: Chỉ thị RAPD, độ thuần, đồng hình ADN, giống tằm, hệ số tương đồng.

#### SUMMARY

In this study, 10 RAPD primers were used to investigate the genetic homogeneity at molecular level of 10 silkworm genotypes (each genotype consists of 5 males and 5 females). The homogeneity was assessed by the homomorphism and the number of amplified DNA fragments. The obtained results showed that the percentage of homomorphism of amplified DNA fragment ranges from 68.83% (GQ11) to 91.66% (GQ13). Ten RAPD primers generated total 333 bands. The numbers of DNA amplified fragments per 10 primer ranged from 20 (OPN05) in GQ14 genotype to 51 (OPP19) in GQ15 genotype. The number of fragments ranged from 1 to 11 per primer, and from 200 bp to 1800 bp in length. Among studied silkworm genotypes, the least genetic similarity coefficient was found in GQ11 genotype with values varied from 0.629 to 1.000 and the highest coefficient was GQ13 genotype with the values varied from 0.864 to 1.000. The homogeneity level of ten silkworm genotypes was in the following order: GQ13 > GQ14 > L2 > GQ23 > GQ16 > A18 > GQ17 > GQ15 > GQ12 > GQ11.

Key words: DNA homomorphism, Homogeneity, RAPD marker, similarity coefficient, silkworm genotype.

#### 1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Ở nước ta, trồng dâu nuôi tằm là nghề có từ lâu đời. Tơ kén là mặt hàng có giá trị xuất khẩu cao, mang lại lợi ích kinh tế không nhỏ

cho người dân. Vì vậy, việc nghiên cứu tạo giống tằm mới năng suất, chất lượng tơ kén khá và thích nghi tốt với điều kiện bất lợi luôn được ngành dâu tằm tơ Việt Nam quan tâm nghiên cứu.

Cho tới nay, việc đánh giá độ thuần của giống chủ yếu bằng phương pháp truyền thống là dựa vào một số đặc điểm nông sinh học nên có hạn chế về thời gian và lệ thuộc vào môi trường. Việc chọn giống dưới sự trợ giúp của kỹ thuật phân tử đang trở thành hướng quan trọng trong chọn tạo giống vật nuôi mới trong đó có con tằm. Ưu điểm của phương pháp là không phụ thuộc vào điều kiện môi trường mà hiệu quả tạo giống cao. Các chỉ thị RFLP, AFLP, RAPD, SSR... được sử dụng khá phổ biến để đánh giá mức độ đa dạng di truyền hoặc xác định vật liệu lai tạo đã được áp dụng trên nhiều đối tượng sinh vật ở nhiều phòng thí nghiệm trong và ngoài nước (Powell và cs., 1996; Mace và cs., 2006; Đinh Thị Phòng và cs., 2009; Nguyễn Thị Lang và cs., 2007). Kỹ thuật RAPD (*Random Amplified Polymorphic ADN*) hay được sử dụng vì tương đối đơn giản, dễ thực hiện mà vẫn cho phép phát hiện tính đa hình các đoạn ADN nhân bản (Ferreira và Keim (1997); Williams và cs., 1990). Hiện nay, kỹ thuật này cũng đã được ứng dụng để nghiên

cứu mối quan hệ di truyền cũng như đánh giá nhanh độ thuần của giống (Kim và cs., 2006; Matsunaga và cs., 2002; Nagata và cs., 1996; Quan và cs., 2002; Ngô Lê Thương và cs., 2005; Nguyễn Thị Thanh Bình và cs., 2004). Đây là những nghiên cứu rất có giá trị trong việc tạo giống tằm có sự hỗ trợ của công nghệ sinh học hiện đại ở Việt Nam.

Công trình nghiên cứu này đề cập đến kết quả “Đánh giá độ thuần của 10 giống tằm nguyên (*Bombyx mori*) bằng chỉ thị RAPD” nhằm chọn nhanh ra các giống tằm mới.

## 2. NGUYÊN LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1. Nguyên liệu

Nhộng của 10 giống tằm GQ11, GQ12, GQ13, GQ14, GQ15, GQ16, GQ17, GQ23, L2 và A18 do Trung Tâm nghiên cứu dâu tằm tơ cung cấp. Các mẫu nhộng được bảo quản ở nhiệt độ -20°C cho tới khi sử dụng. Tên gốc của các giống như ở bảng 1.

**Bảng 1. Kí hiệu và tên gốc của 10 giống tằm**

STT	Kí hiệu	Tên gốc	STT	Kí hiệu	Tên gốc
1	GQ11	A1	6	GQ16	VN1
2	GQ12	810	7	GQ17	E38
3	GQ13	A2	8	GQ23	Đ2
4	GQ14	B42	9	L2	L2
5	GQ15	B46	10	A18	A18

### 2.2. Phương pháp nghiên cứu

#### *Tách DNA tổng số từ các giống tằm:*

ADN tổng số được tách từ 10 cá thể (5 đực và 5 cái) của mỗi giống tằm theo bộ kit #K0512 của hãng Fermentas, các bước được thực hiện theo protocol chỉ dẫn của nhà sản xuất. Kiểm tra độ sạch và hàm lượng DNA bằng đo quang phổ hấp thụ kết hợp với điện di trên gel agarose 0,9%.

#### *Phản ứng PCR - RAPD:*

Một phản ứng PCR có thể tích 25 lít: bao gồm dung dịch đệm PCR 1X; 2,5 mM MgCl<sub>2</sub>; 2 mM dNTPs; 200 nM đoạn mồi; 0,5 đơn vị *Taq* polymerase và 10 ng DNA khuôn. Phản ứng PCR – RAPD thực hiện trong máy PCR - Thermal Cycler 9700 theo chu trình nhiệt: 94°C trong 1 phút; 45 chu kỳ (92°C trong 1 phút; 35°C trong 1 phút; 72°C trong 1 phút);

72°C trong 10 phút; giữ sản phẩm ở 4°C. Điện di sản phẩm PCR trên gel agarose 1,5%, nhuộm Ethidium bromide và chụp ảnh trên máy soi gel của hãng Clever Scientific (Anh).

#### *Phân tích số liệu:*

Dựa trên sự xuất hiện hay không xuất hiện của các phân đoạn DNA khi điện di sản phẩm PCR - RAPD với các đoạn mỗi ngẫu nhiên của 10 giống tầm làm cơ sở cho việc phân tích số liệu. Tỷ lệ phần trăm tính đồng hình các phân đoạn ADN được tính bằng số phân đoạn ADN đồng hình trên tổng số phân đoạn nhân bản được. Xác định hệ số tương đồng di truyền, lập biểu đồ hình cây để so sánh hệ số tương đồng di truyền giữa 10 cá thể của mỗi giống tầm theo phương pháp Nei và Li (1979); Weir (1990). Số liệu được xử lý bằng chương trình NTSYSpc version 2.0 (Rohlf, 2001).

### 3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

#### 3.1. Tính đồng hình các phân đoạn ADN của 10 giống tầm với các chỉ thị RAPD

Trong nghiên cứu này, 10 chỉ thị RAPD đã được sử dụng để phân tích độ thuần của 10 giống tầm (mỗi giống 10 cá thể: 5 con đực và 5 con cái). Kết quả phân tích sản phẩm PCR - RAPD cho kết quả là: số phân đoạn ADN nhân bản được của 10 giống dao động từ 20 (OPN05) đến 51 (OPP19). Kích thước các phân đoạn ADN nhân bản nằm trong khoảng từ 200 bp đến 1800 bp. Trong đó, giống GQ15 có số phân đoạn ADN nhân bản nhiều nhất (51 phân đoạn), ít nhất là giống GQ14 (20 phân đoạn). Tổng số đã thu được 333 phân đoạn ADN (Bảng 2).

Đánh giá độ thuần của giống theo phương pháp truyền thống là dựa vào một số đặc điểm hình thái như màu sắc da tầm, màu tơ kén, màu trứng, thời gian phát dục... Độ thuần của giống theo phương pháp phân tích ADN được xác định bằng tỷ lệ phần trăm các phân đoạn đồng hình trên tổng số các phân đoạn được nhân bản. Kết quả nhận được ở bảng 3 cho thấy, trong các giống tầm thì giống GQ13 có tỷ lệ các phân đoạn ADN đồng hình cao nhất (91,6%) và thấp nhất là giống GQ11 (68,8%).

**Bảng 2. Số phân đoạn ADN nhân bản được của 10 giống tầm**

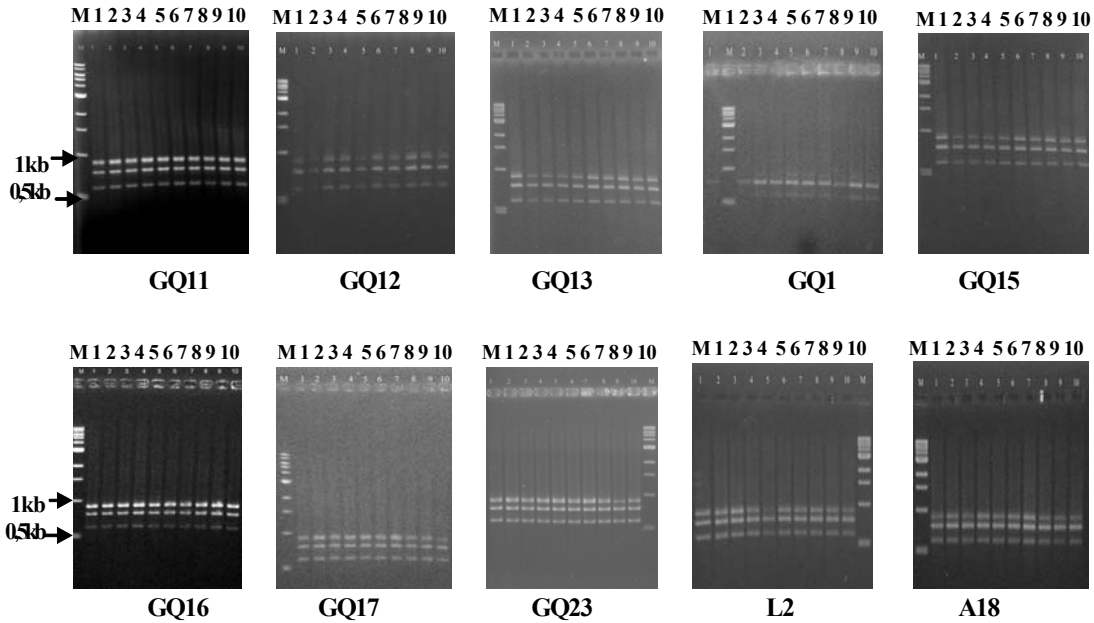
Mòi	GQ11	GQ12	GQ13	GQ14	GQ15	GQ16	GQ17	GQ23	L2	A18	Số phân đoạn
OPN05	3	2	2	1	3	1	1	3	2	2	20
OPB18	3	2	2	2	1	1	6	1	5	3	26
OPH03	5	7	2	4	7	3	7	7	2	5	49
OPP19	6	6	2	3	8	9	3	4	4	6	51
OPQ05	3	1	2	1	3	2	3	2	2	2	21
RA40	1	2	2	1	8	2	5	5	3	2	31
RA46	4	6	3	1	4	5	2	1	3	3	32
RA159	4	4	2	3	11	6	5	6	2	3	46
RA143	3	6	1	1	3	2	3	4	2	2	27
OPE14	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	30
Tổng	35	39	21	20	51	34	38	36	28	31	333

**Bảng 3. Tính đồng hình phân đoạn ADN nhân bản của 10 giống tằm phân tích với 10 chỉ thị RAPD (%)**

Mỗi	GQ11	GQ12	GQ13	GQ14	GQ15	GQ16	GQ17	GQ23	L2	A18
OPN05	66,7	100,0	100,0	100,0	66,7	100,0	100,0	66,7	100,0	100,0
OPP18	66,7	50,0	50,0	100,0	100,0	100,0	66,7	100,0	60,0	66,7
OPH03	80,0	71,4	100,0	75,0	57,1	66,7	71,4	57,1	100,0	60,0
OPP19	0,0	50,0	100,0	66,7	62,5	55,6	100,0	75,0	75,0	50,0
OPQ05	100,0	100,0	100,0	100,0	66,7	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0
RA40	100,0	100,0	100,0	100,0	25,0	100,0	60,0	80,0	100,0	100,0
RA46	50,0	50,0	66,7	100,0	100,0	40,0	50,0	100,0	33,3	33,3
RA159	25,0	25,0	100,0	33,3	45,5	66,7	40,0	50,0	100,0	100,0
RA143	100,0	50,0	100,0	100,0	100,0	50,0	66,7	75,0	50,0	50,0
OPE14	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0
Trung bình (%)	68,8	69,6	91,6	87,5	72,3	77,9	75,5	80,3	81,8	76,0

Kết quả điện di sản phẩm PCR-RAPD của 10 giống tằm khi phân tích với mỗi OPE14 làm đại diện để minh họa cho kết quả phân tích tính đồng hình phân đoạn ADN. Độ thuần của mỗi giống tằm thể hiện ở

số lượng cũng như kích thước các phân đoạn ADN nhân bản được khi so sánh giữa các cá thể của một giống. Các phân đoạn ADN nhân bản được đều giống nhau khi so sánh giữa 10 cá thể của mỗi giống tằm (Hình 1).



**Hình 1. Sản phẩm PCR-RAPD của 10 giống tằm với chỉ thị OPE14 trên gel agarose 1,5%**

M: thang phân tử chuẩn 1 kb

giếng 1, 2, 3, 4 và 5: mẫu của 5 con đực

giếng 6, 7, 8, 9 và 10: mẫu của 5 con cái

### 3.2. Hệ số tương đồng di truyền của 10 giống tằm

Phương pháp nghiên cứu dựa trên lý thuyết thống kê toán học và sinh học. Phân nhóm theo hệ số tương đồng di truyền bằng chỉ thị phân tử không lệ thuộc vào yếu tố môi trường, vì thế cho phép các nhà chọn giống nhanh chóng xác định được độ đồng đều của giống ở giai đoạn sớm khá hiệu quả mà thời gian tạo giống lại rút ngắn.

Dựa vào kết quả phân tích tính đồng hình ở bảng 3, hai giống GQ11 (có tính đồng hình phân đoạn ADN nhân bản thấp nhất là 68,8%) và giống GQ13 (có tính đồng hình phân đoạn ADN nhân bản cao nhất là 91,6%) được chọn đại diện để minh họa cho kết quả phân tích hệ số tương đồng di truyền và mối quan hệ di truyền thông qua biểu đồ hình cây.

Hệ số tương đồng di truyền của 10 cá thể giống GQ11 (Bảng 4) dao động từ 0,63 đến 1,00. Ở khoảng từ 0,60 đến 0,70 có 06 cặp chiếm 13,3%, ở khoảng 0,71 đến 0,80 có 10 cặp chiếm 22,2%, ở khoảng 0,81 đến 0,90 có 12 cặp chiếm 26,7 và ở khoảng từ 0,91 đến 1,00 có 17 cặp chiếm 37,7%.

Hệ số tương đồng di truyền giữa 10 cá thể của giống GQ13 (Bảng 5) dao động từ 0,80 đến 1,00. Trong đó, duy nhất chỉ có 01 cặp (GQ13.6 và GQ13.3) có hệ số tương đồng di truyền thấp nhất là 0,86 chiếm 2,22%, và ở khoảng từ 0,91 đến 1,00 có 44 cặp chiếm 97,78%. Kết quả này cho thấy giống GQ13 có độ thuần giống rất cao.

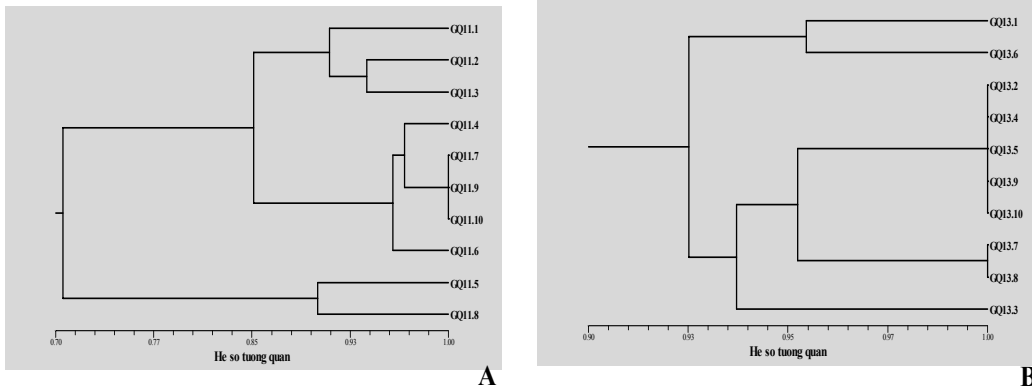
Kết quả phân nhóm của giống GQ11 (Hình 2A) và GQ13 (Hình 2B) cũng phản ánh kết quả tương tự.

**Bảng 4. Hệ số tương đồng di truyền của 10 cá thể tằm giống GQ11 theo hệ số di truyền của Jaccard và kiểu phân nhóm UPGMA**

	GQ11.1	GQ11.2	GQ11.3	GQ11.4	GQ11.5	GQ11.6	GQ11.7	GQ11.8	GQ11.9	GQ11.10
GQ11.1	1,00									
GQ11.2	0,91	1,00								
GQ11.3	0,91	0,94	1,00							
GQ11.4	0,94	0,85	0,85	1,00						
GQ11.5	0,79	0,82	0,77	0,74	1,00					
GQ11.6	0,88	0,79	0,84	0,93	0,68	1,00				
GQ11.7	0,91	0,82	0,82	0,97	0,71	0,97	1,00			
GQ11.8	0,71	0,79	0,74	0,66	0,90	0,63	0,63	1,00		
GQ11.9	0,91	0,82	0,82	0,97	0,71	0,97	1,00	0,63	1,00	
GQ11.10	0,91	0,82	0,82	0,97	0,71	0,97	1,00	0,63	1,00	1,00

**Bảng 5. Hệ số tương đồng di truyền của 10 cá thể tằm giống GQ13 theo hệ số di truyền của Jaccard và kiểu phân nhóm UPGMA**

	GQ13.1	GQ13.2	GQ13.3	GQ13.4	GQ13.5	GQ13.6	GQ13.7	GQ13.8	GQ13.9	GQ13.10
GQ13.1	1,00									
GQ13.2	0,95	1,00								
GQ13.3	0,91	0,95	1,00							
GQ13.4	0,95	1,00	0,95	1,00						
GQ13.5	0,95	1,00	0,95	1,00	1,00					
GQ13.6	0,96	0,91	0,86	0,91	0,91	1,00				
GQ13.7	0,91	0,95	0,91	0,95	0,95	0,96	1,00			
GQ13.8	0,91	0,95	0,91	0,95	0,95	0,96	1,00	1,00		
GQ13.9	0,95	1,00	0,95	1,00	1,00	0,91	0,95	0,95	1,00	
GQ13.10	0,95	1,00	0,95	1,00	1,00	0,91	0,95	0,95	1,00	1,00



**Hình 2. Biểu đồ hình cây của 10 cá thể tằm giống GQ11(A) và giống GQ13 (B) theo hệ số di truyền của Jaccard và kiểu phân nhóm UPGMA**

Đối với 10 cá thể giống GQ11 có hệ số tương đồng di truyền dao động trong khoảng từ 0,70 đến 1,00. Trong đó ba cá thể GQ11.7, GQ11.9 và GQ11.10 giống nhau hoàn toàn về mặt di truyền có hệ số bằng 1,00 (Hình 2A), nhưng khác với các cá thể còn lại khoảng 3% (1 - 0,70).

Đối với giống GQ13 có hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,93 đến 1,00. Trong đó năm cá thể GQ13.2, GQ13.4, GQ13.5, GQ13.9 và GQ13.10 hợp thành 1 nhóm và có hệ số di truyền bằng 1,00 (giống nhau hoàn toàn). Tương tự, hai cá thể GQ13.7 và GQ13.8 cũng lập thành 1 nhóm và có hệ số di truyền bằng 1,00. Tuy nhiên giữa hai nhóm có khoảng cách di truyền khoảng 0,05% (1 - 0,95) (Hình 2B).

Dựa vào các kết quả nhận được trên đây, độ thuần của 10 giống tằm mới chọn tạo được xác định xếp theo thứ tự từ cao đến thấp như sau:

GQ13 > GQ14 > L2 > GQ23 > GQ16 > A18 > GQ17 > GQ15 > GQ12 > GQ11.

Kết quả phân tích ở mức độ phân tử của 10 giống tằm nguyên trên đây cũng hoàn toàn phù hợp với kết quả đánh giá độ thuần thông qua một số chỉ tiêu hình thái do Trung tâm Nghiên cứu dâu tằm tơ nghiên cứu (số liệu không chỉ ra ở đây). Đây cũng là những

bằng chứng có giá trị của công nghệ sinh học hiện đại hỗ trợ cho công tác chọn tạo các giống tằm mới.

Appukuttan và cs. (2005) đã sử dụng 20 chỉ thị RAPD và ISSR để đánh giá mức độ thay đổi phân tử của hai nhóm tằm (nhóm có thời gian phát dục ngắn và nhóm có thời gian phát dục dài) của bốn thế hệ tằm *Nistari* tự phối. Kết quả nhận được cho thấy nhóm tằm có thời gian phát dục ngắn thuần hơn các nhóm tằm có thời gian phát dục dài. Ở Việt Nam, Trịnh Đình Đạt và cs. (2003) cũng sử dụng hệ isozym esteraza để đánh giá độ thuần của 4 giống tằm và đã chỉ ra giống ĐKS có độ thuần giống cao thể hiện ở tần số alen xuất hiện ở các locut Est 02, Est-3, Est -4, Est - 5 và Est - 6. Đặng Đình Đàm và cs. (2008) cũng đã sử dụng 05 môi RAP và 05 cặp môi SSR để đánh giá độ thuần của 10 giống tằm nguyên và cho thấy giống Q16 có độ thuần đạt cao nhất (số phân đoạn ADN đồng hình chiếm 89,72%).

#### 4. KẾT LUẬN

Tất cả 10 chỉ thị RAPD dùng để phân tích độ thuần cho 10 giống tằm đều chỉ ra tính đồng hình các phân đoạn ADN nhân bản được, trong đó chỉ thị OPE14 chỉ ra tính

đồng hình cao nhất (100% phân đoạn ADN nhân bản đều giống nhau về kích thước cũng số lượng khi so sánh giữa các cá thể của một giống).

Tổng số có 333 phân đoạn ADN được nhân bản, giống GQ15 có số phân đoạn ADN nhân bản được nhiều nhất (51 phân đoạn) và giống GQ14 có số phân đoạn ADN nhân bản được ít nhất (20 phân đoạn). Hệ số tương đồng di truyền giữa 10 cá thể giống GQ11 đạt giá trị thấp nhất (dao động từ 0,63 đến 1,00) và cao nhất là giống GQ13 (dao động từ 0,86 đến 1,00).

Độ thuần của 10 giống tằm được sắp xếp thứ tự như sau: GQ13 > GQ14 > L2 > GQ23 > GQ16 > A18 > GQ17 > GQ15 > GQ12 > GQ11.

### Lời cảm ơn

Công trình được hoàn thành nhờ kinh phí của đề tài “Nghiên cứu một số giải pháp khoa học công nghệ nhằm phát triển sản xuất dâu tằm bền vững phục vụ nội tiêu và xuất khẩu” mã số KC.06.13/06-10 do Trung tâm Nghiên cứu dâu tằm tơ chủ trì. Các tác giả xin chân thành cảm ơn sự hỗ trợ sử dụng một số trang thiết bị của Phòng Công nghệ Tế bào thực vật, Viện Công nghệ Sinh học.

### TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Appukaran RP, NC. Shankar, VN. Chirakkara (2005). Genetic differentiation induced by selection in an inbred population of the silkworm *Bombyx mori*, revealed by RAPD and SSR marker systems. *Appl genet* 46 (3), pp. 291-298.
- Đặng Đình Đàm, Phạm Thị Thơ, Phạm Văn Dương, Nguyễn Thị Thanh Bình (2008). Nghiên cứu đánh giá độ thuần của các giống tằm nguyên và một số tổ hợp lai đang chọn tạo. Báo cáo tổng kết đề tài cấp Bộ năm 2008.
- Đinh Thị Phòng, Đỗ Tiến Phát, Nguyễn Văn Phụng, Phí Hồng Hải (2009). Đa dạng di truyền 19 mẫu giới xanh bằng chỉ thị RAPD và DNA lục lạp. *Tạp chí Công nghệ sinh học* 7 (1): 73-81.
- Ferreira AR., P. Keim (1997). Genetic Mapping of Soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. Using Random Amplified Polymorphic ADN (RAPD). *Plant Mol Biol Rep* 15(4), pp. 335- 354.
- Kim MK., MJ. Park, WH. Jeong, KC. Nam, J. Chung (2006). SSR marker tightly linked to the Ti locus in Soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. *Euphytica* 152(3): 361-366.
- Mace ES., DT. Phong, HD. Upadhyaya, ES. Chandra, JH. Crouch (2006). SSR analysis of cultivated groundnut (*Arachis hypogaea* L.) germplasm resistant to rust and late leaf spot diseases. *Euphytica* 152, pp. 317-33.
- Matsunaga TM., H. Fujiwara (2001). Identification and characterization of genes abnormally expressed in wing-deficient mutant (Flugelless) of the silkworm, *bombyx mori*. *Insect Biochem Mol. Boil.* 32, pp. 691- 699.
- Nagata TY., KU. Suzuki, H. Kokubo, X. Xu (1996). Developmental expression of the bombyx *antennapedia* homologue and homeotic changes in the Nc mutant. *Genes Cells* 1, pp. 555-568.
- Nei M., WH. Li (1979). Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction and nucleases. *Proc. Natl. Sci.*, 76, pp. 5269-5273.
- Ngô Lê Thương, Trịnh Hữu Hằng, Nguyễn Thị Thanh Bình (2005). Nghiên cứu đa hình phân tử và nhận biết một số giống tằm lưỡng hệ Việt Nam bằng kỹ thuật PCR-RAPD. Báo cáo Hội nghị khoa học toàn quốc những vấn đề nghiên cứu cơ bản trong khoa học sự sống tháng 11/2005, Tr. 1424 -1427.
- Nguyễn Thị Lang, Nguyễn Đức Thuận, Bùi Chí Bửu (2007). Nghiên cứu sự đa dạng di truyền của một số giống đậu nành bằng

- chỉ thị RAPD và SSR. *Tạp chí Công nghệ Sinh học* 5(2), Tr. 233-245.
- Nguyễn Thị Thanh Bình, Hoàng Thị Hằng, Nông Văn Hải (2004). Nghiên cứu đa hình một số giống tằm dâu bằng kỹ thuật RAPD. *Tạp chí Di truyền học và ứng dụng* 1, Tr. 19 - 24.
- Powell W., M. Morgante, C. Andre, M. Hanafey, J. Vogel, S. Tingey, A. Rafalski (1996). The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR markers for germplasm analysis. *Molecular Breeding* 2(3), pp. 225 - 238.
- Quan GX., I. Kim, N. Komono, H. Sezutsu, M. Ote (2002). Characterization of the kynurenine 3-monooxygenase gene corresponding to the *white egg 1* mutant in the silkworm *Bombyx mori*. *Mol. Genet. Genomics* 267, pp. 1-9.
- Rohlf FJ. (2001). NTSYS Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version 2.0, Exeter Software Publ., Setauket, New York.
- Trịnh Đình Đạt, Ngô Thị Hoan, Nguyễn Văn Quảng, Nguyễn Văn sáng, Dinh Nho Thái (2003). Sự đa hình di truyền hệ Isozym esteraza ở một số loài mối và tằm dâu. *Tạp chí Di truyền và ứng dụng* 2, Tr. 18 - 22.
- Weir BS (1990). Genetic data analysis - Methods for discrete genetic data, Sinauer Associates, Inc., Sunderland.
- Williams JGK, AR. Kubelik, KJ Livak, JA Rafalski, SV. Tingey (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res* 18, pp. 6531 - 6535.