

NGHIÊN CỨU ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA THẦN LẦN BÓNG ĐÓM *Eutropis macularius* (REPTILIA: SQUAMATA: SCINCIDAE) Ở KHU VỰC TÂY NGUYÊN DỰA TRÊN KỸ THUẬT PCR-RAPD

Trương Bá Phong¹, Ngô Đắc Chứng², Nguyễn Quang Hoàng Vũ³, Hoàng Tấn Quảng³,
Nguyễn Đức Huy³, Bùi Thị Chính², Trần Văn Giang², Ngô Văn Bình^{2*}

¹Trường Đại học Tây Nguyên

²Trường Đại học Sư phạm, Đại học Huế

³Viện Công nghệ sinh học, Đại học Huế

<https://doi.org/10.55250/jo.vnuf.2022.5.032-039>

TÓM TẮT

Thần lằn bóng đốm (*Eutropis macularius*) thuộc họ Thần lằn bóng (Scincidae), đa phần Thần lằn bóng đốm ăn côn trùng, ấu trùng gây hại do đó chúng trở thành động vật có ích cho nông, lâm nghiệp. Tuy nhiên, cho đến nay chưa có công trình nào nghiên cứu đầy đủ về đa dạng di truyền quần thể của loài Thần lằn bóng đốm ở khu vực Tây Nguyên. Chúng tôi đã nghiên cứu đa dạng di truyền của 36 cá thể Thần lằn bóng đốm thu ở một số tỉnh thuộc khu vực Tây Nguyên bằng kỹ thuật đa hình các đoạn khuếch đại ngẫu nhiên (RAPD). Các hệ số đa dạng di truyền như số allele quan sát được (na), số allele hiệu quả (ne), hệ số đa dạng di truyền theo Nei (h), hệ số đa dạng di truyền theo Shannon (I) của 4 quần thể nghiên cứu lần lượt là 1,9841; 1,2794; 0,1951 và 0,3283. Hệ số đa dạng nguồn gen trung bình giữa các quần thể (Hs) là 0,1692, chiếm 86,72% đa dạng nguồn gen của tổng các mẫu (Ht) là 0,1951. Hệ số đa dạng di truyền giữa các quần thể (Gst) là 0,1326 và dòng gen ước tính (Nm) là 3,2695. Mức độ tương đồng di truyền giữa các quần thể khá cao, dao động từ 93,46 đến 97,99%.

Từ khóa: Đa dạng di truyền, *Eutropis macularius*, RAPD, Thần lằn bóng đốm, Tây Nguyên.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Khu vực Tây Nguyên bao gồm 5 tỉnh: Đắk Lắk, Đắk Nông, Gia Lai, Kon Tum và Lâm Đồng. Khu vực này có sáu Vườn Quốc gia (Chư Yang Sin, Yok Don, Tà Đùng, Kon Ka Kinh, Chư Mom Rây, Bidoup Núi Bà) và tám Khu Bảo tồn thiên nhiên (Nam Kar, Ea Sô, Nậm Nung, Kon Chư Răng, Ngọc Linh, Khu Bảo tồn loài và sinh cảnh thông nước, Khu Bảo tồn loài và sinh cảnh Đắk Uy). Bên cạnh đó, Tây Nguyên được đánh giá là khu vực có độ đa dạng sinh học cao (Tordoff et al., 2004).

Thần lằn bóng đốm (*Eutropis macularius*) là một trong 5 loài thuộc giống *Eutropis* Fitzinger, 1843 được ghi nhận tại Việt Nam: *E. longicaudatus*, *E. multifasciatus*, *E. macularius*, *E. chapaensis* và *E. darevskii* (Hoàng Xuân Quang và cs, 2009; Nguyen et al., 2009; Uetz et al., 2022). Trong đó, loài *E. macularius* thường được tìm thấy ở các rừng cây lá rụng theo mùa (Cox et al., 1998), một loại môi trường sống phổ biến ở khu vực Tây Nguyên, đặc trưng là rừng khộp với các loài

thực vật thuộc họ Dầu (Dipterocarpaceae).

Cho đến nay, các công trình nghiên cứu về loài Thần lằn bóng đốm chủ yếu tập trung vào lĩnh vực phân loại, phân bố hoặc sinh thái (Hoàng Xuân Quang và cs, 2009, 2012; Nguyen et al., 2009; Trương Bá Phong và cs, 2019a, 2019b; Ngo et al., 2020; Uetz et al., 2022). Các công bố liên quan đến đa dạng di truyền của loài này ở Việt Nam còn hạn chế, mặc dù kỹ thuật di truyền (bao gồm kỹ thuật PCR-RAPD) đã được sử dụng rộng rãi (Cevik et al., 2007; Baig et al., 2009). Ở Việt Nam, một số tác giả đã sử dụng kỹ thuật RAPD để xác định sự đa dạng di truyền trên các đối tượng bò sát như Thạch sùng (Đinh Thị Phương Anh, 2005), Nhông cát (Tran et al., 2018), Thần lằn bóng đuôi dài (Ngo et al., 2019). Tuy nhiên, chúng tôi chưa tìm thấy công trình nào sử dụng kỹ thuật di truyền PCR-RAPD để nghiên cứu đa dạng di truyền trên đối tượng là Thần lằn bóng đốm (*E. macularius*) ở khu vực Tây Nguyên. Do đó, việc nghiên cứu đa dạng di truyền của Thần lằn bóng đốm sẽ góp phần cung cấp dữ liệu cho

*Corresponding author: nvbinhsp@hueuni.edu.vn

việc nghiên cứu và bảo tồn bền vững loài *E. macularius* ở khu vực Tây Nguyên.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Thu mẫu

Chúng tôi đã tiến hành thực địa và thu mẫu tại 4 tỉnh thuộc khu vực Tây Nguyên (Đắk Nông, Đắk Lắk, Gia Lai và Kon Tum). Các mẫu vật (cá thể) Thần lằn bóng đốm được thu

trực tiếp bằng tay, mỗi mẫu vật thu được cho vào túi đựng riêng có ghi nhãn ký hiệu mẫu (Bảng 1). Tổng số 36 cá thể Thần lằn bóng đốm đã thu và đưa về phòng thí nghiệm, thu mô cơ đuôi, bảo quản trong cồn tuyệt đối sau đó gửi đến Viện Công nghệ Sinh học, Đại học Huế để phân tích đa dạng di truyền bằng kỹ thuật PCR-RAPD.

Bảng 1. Địa điểm thu mẫu và ký hiệu mẫu

Địa điểm	Số lượng	Ký hiệu	Tọa độ vùng thu mẫu
Kon Tum	9	K1 → K9	14°43'15" N - 107°37'30" E
Gia Lai	9	G1 → G9	13°43'01" N - 108°03'51" E
Đắk Nông	9	GN1, GN2, CJ1, CJ3, N1.1, N5.2, N6, N7.1, N2.2	12°30'14" N - 107°40'24" E
Đắk Lắk	9	Y1, Y2, Y3, Y4, Y10, L1.3, L2.1, Y7, Y2.1	12°48'40" N - 107°53'44" E



Hình 1. Hình thái ngoài của Thần lằn bóng đốm (*Eutropis macularius*)

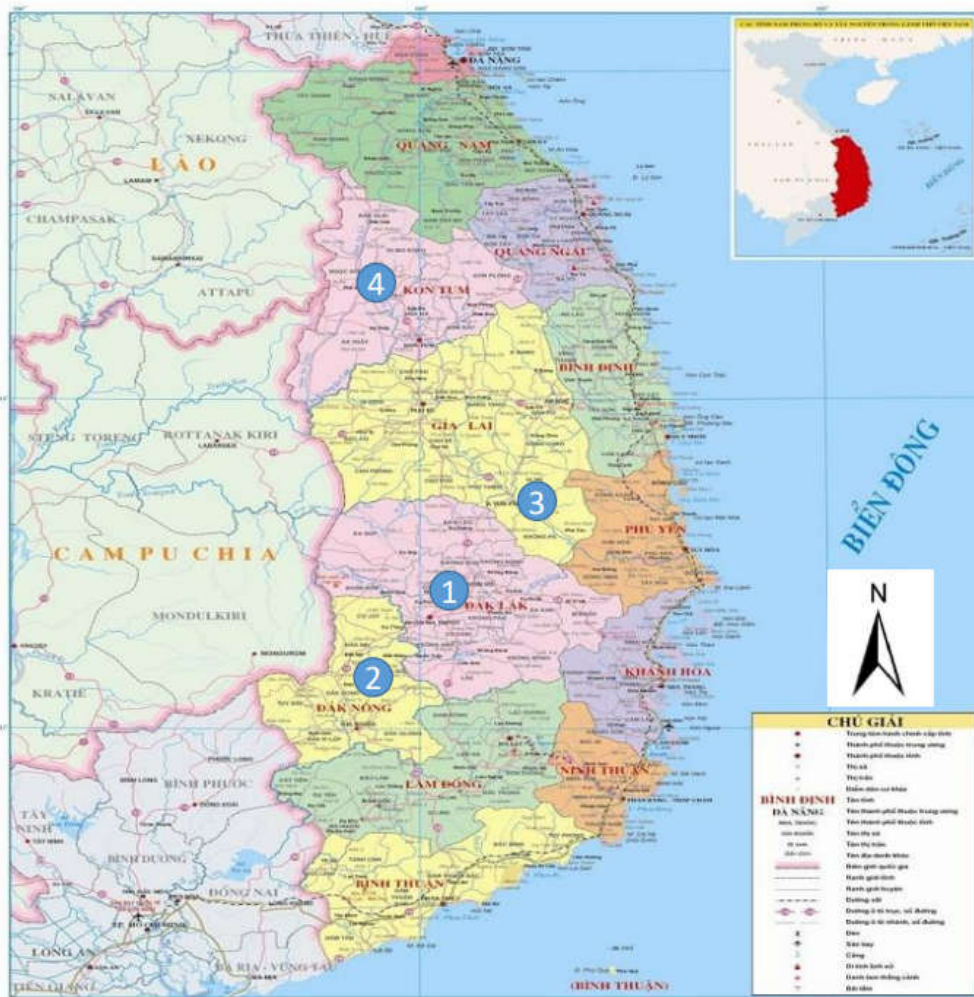
2.2. Tách chiết DNA tổng số

DNA tổng số được tách chiết từ mô theo mô tả của Grismer và Grismer (2010) có cải tiến cho phù hợp với điều kiện phòng thí nghiệm.

Mẫu cơ (200 mg) được cắt nhỏ, sau đó nghiền mịn trong eppendorf tube. Bổ sung 800 μ L dung dịch ly trích, sau đó bổ sung 100 μ L dung dịch SDS 10% và 2 μ L proteinase K, vortex trong 30 giây. Hỗn hợp được ủ ở 65°C trong 3 giờ, để nguội ở nhiệt độ phòng. Tiếp tục bổ sung 300 μ L 6M NaCl, vortex trong 15 giây và ủ ở -30°C trong 20 phút. Mẫu được ly tâm lạnh 15 phút với tốc độ 14.000 vòng/phút ở 4°C để thu dịch nổi. DNA tổng số được tinh

sạch bằng 1 thể tích dung dịch phenol: chloroform (1:1) và kết tủa bằng 1 thể tích isopropanol 100% ở -30°C trong 2 giờ. Tiểu thể DNA được rửa 2 lần bằng 500 μ L ethanol 70% và để khô qua đêm ở nhiệt độ phòng. Hòa tan dịch kết tủa bằng nước cất khử trùng và xử lý RNase để loại bỏ RNA. DNA tách chiết được bảo quản ở 4°C (Tran et al., 2018).

Sản phẩm tách DNA tổng số được điện di trên gel agarose 0,8% và được nhuộm bằng SafeView™ Classic Nucleic Acid Stain (Applied Biological Materials Inc., Canada). Hình ảnh điện di được thu nhận bằng hệ thống Ultra Slim LED Illuminator.



Hình 2. Bản đồ khu vực lấy mẫu

(1) Buôn Đôn - Đắc Lắc; (2) Đắc Mil - Đắc Nông; (3) Chư Sê - Gia Lai; (4) Đắc Tô - Kon Tum

2.3. Phân tích RAPD

DNA tổng số của các mẫu nghiên cứu được dùng làm khuôn mẫu để khuếch đại PCR-RAPD. Phản ứng PCR được bố trí theo Hoang et al. (2016). Mỗi phản ứng bao gồm 10 μ l 2 \times PCR master mix (GoTaq Green Master Mix 2X, Promega, USA), 20 pmol mỗi ngẫu nhiên và 50 ng DNA tổng số với tổng thể tích phản ứng là 20 μ l.

Phản ứng khuếch đại được thực hiện bởi máy luân nhiệt (SimpliAmp, ThermoFisher Scientific, USA) với quy trình phản ứng PCR như sau: biến tính 95°C trong 5 phút; 42 chu kỳ: 92°C/1 phút, 36°C/1 phút, 72°C/2 phút và cuối cùng là 72°C/10 phút. Sản phẩm PCR-RAPD được phân tách trên agarose gel 1,4% trong 5 giờ ở 40 V (Hoang et al., 2016). Chúng tôi sử dụng 6 đoạn mỗi

oligonucleotide ngẫu nhiên (Operon Technologies, USA) để đánh giá mức độ đa dạng di truyền (Bảng 2).

2.4. Xử lý số liệu đa dạng di truyền

Từ hình ảnh điện di sản phẩm PCR-RAPD, các băng khuếch đại được đếm trực tiếp và số hóa dữ liệu trong file Microsoft Excel theo nguyên tắc dựa vào sự xuất hiện hay không xuất hiện của các băng, đánh số “1” nếu có xuất hiện băng và số “0” nếu không xuất hiện băng (Hoang et al., 2016). Các hệ số di truyền quan tâm phân tích là số allele quan sát được (observed number of alleles: n_a), số allele hiệu quả (effective number of alleles: n_e), hệ số đa dạng di truyền theo Shannon (Shannon’s information index: I), hệ số đa dạng di truyền (h) theo Nei (1972), hệ số đa dạng nguồn gen của tất cả các quần thể (H_t), hệ số đa dạng

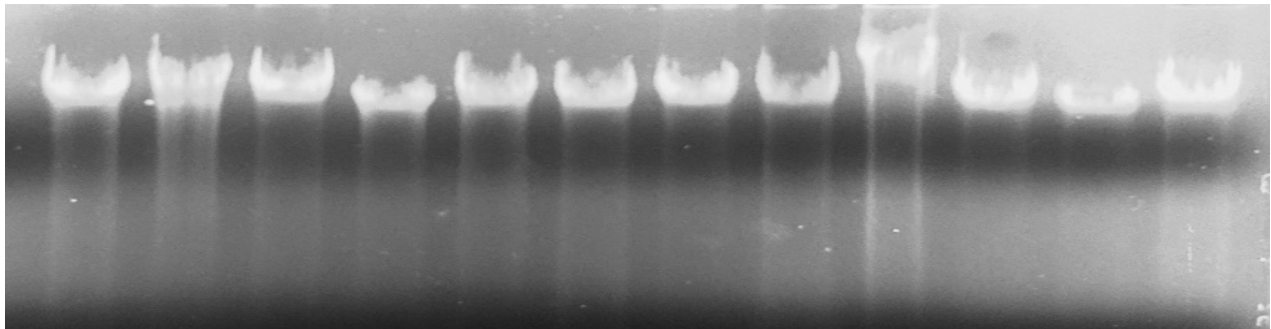
nguồn gen trung bình giữa các quần thể (Hs), hệ số đa dạng di truyền giữa các quần thể (Gst) và hệ số mức độ trao đổi gen (hệ số flow (Nm)) của các mẫu nghiên cứu được tính toán bằng phần mềm Popgen 1.32 (Yeh et al., 2000).

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Tách chiết DNA tổng số

Mẫu cơ đuôi của 36 cá thể Thần lằn bóng đốm được thu thập từ 4 tỉnh thuộc khu vực Tây

Nguyên, các mẫu có những đặc điểm hình thái tương tự nhau (mỗi tỉnh 9 mẫu từ 9 cá thể) được sử dụng để tách chiết DNA tổng số. DNA tổng số sau khi tách chiết được điện di trên agarose gel 0,8%. Kết quả điện di cho thấy DNA của mẫu tách chiết được đều có hàm lượng cao, ít đứt gãy và có thể sử dụng cho các thí nghiệm tiếp theo (Hình 3).



Hình 3. PCR tổng số của một số mẫu đại diện

3.2. Phân tích PCR-RAPD

Sáu môi ngẫu nhiên đã được sử dụng để phân tích đa hình DNA của 36 cá thể Thần lằn bóng đốm. Kết quả phân tích sản phẩm PCR-RAPD trên gel agarose 1,4% cho thấy tổng cộng có 63 băng DNA được tạo ra. Môi có số băng DNA khuếch đại nhiều nhất là OPG17 và OPN06 (12 băng, Hình 4 và 5), tiếp đến là OPBH16 (11 băng). Trong tất cả 6 môi đã sử dụng, môi OPN06 có số mẫu được khuếch đại nhiều nhất (25 mẫu), ít nhất là môi OPB18 (18

mẫu). Mẫu G6 thu ở Gia Lai có số băng khuếch đại nhiều nhất (32 băng). Tất cả 6 môi đều biểu hiện sự đa hình, số lượng băng khuếch đại là từ 9 đến 12 băng tùy môi và mẫu DNA. Kích thước của các băng khoảng từ 300 bp đến 1.950 bp. Băng đa hình là băng khuếch đại có sự khác biệt ở ít nhất 1 mẫu nghiên cứu so với các mẫu còn lại, tỷ lệ các băng đa hình cao (100%). Trong nghiên cứu này chúng tôi giữa các mẫu có sự khác biệt về mặt di truyền.

Bảng 2. Số mẫu khuếch đại và số băng khuếch đại của từng môi

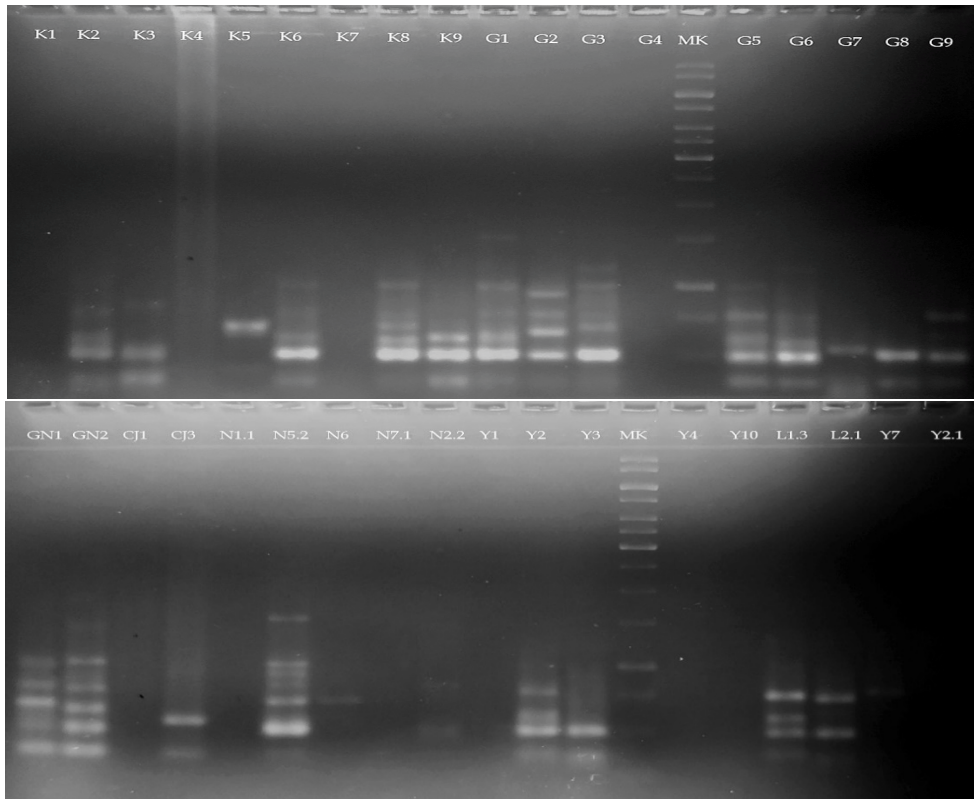
Môi	Trình tự nucleotide (5'-3')	Số mẫu khuếch đại	Tổng số băng DNA	Tỷ lệ băng đa hình (%)	Phạm vi kích thước băng DNA (bp)
OPB18	CCACAGCAGT	18	10	100	500-1.750
OPA03	AGTCAGCCAC	19	9	100	450-1.500
OPG17	ACGACCGACA	21	12	100	330-1.470
OPN06	GAGACGCACA	25	12	100	300-1.500
OPK12	TGGCCCTCAC	21	9	100	300-1.600
OPBH16	CTGCGGGTTC	20	11	100	300-1.950
Tổng			63	100	300-1.950

Theo Nei và cộng sự (1978), số lượng băng DNA được khuếch đại càng nhiều thì khả năng

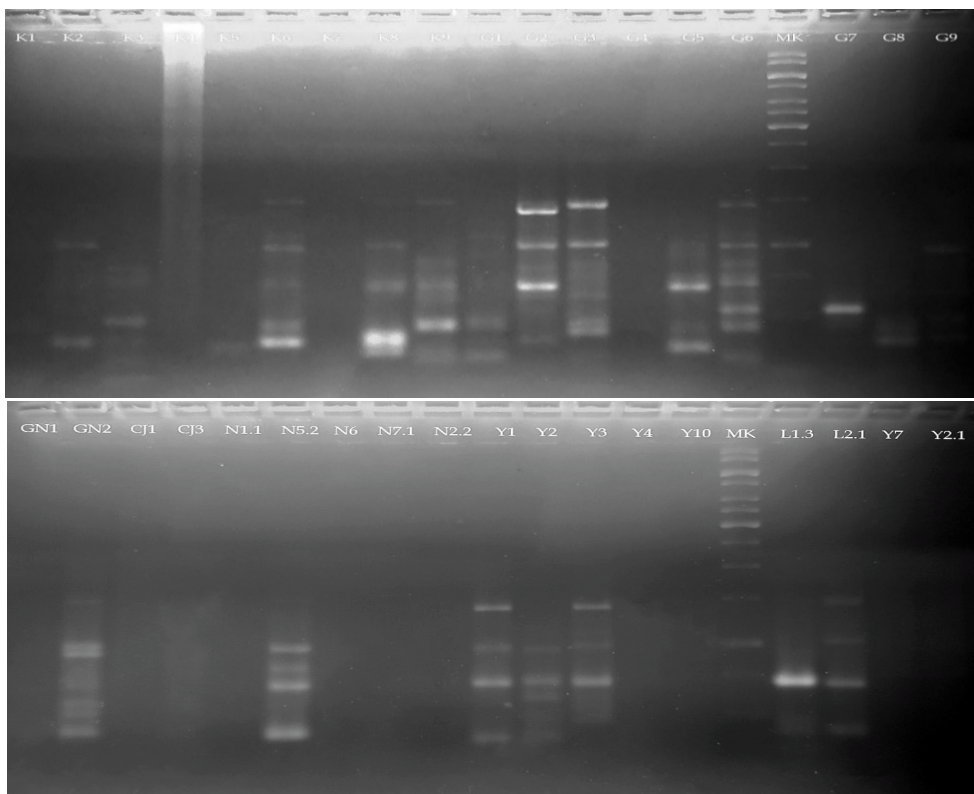
phân biệt các mẫu trên cây phả hệ càng lớn. Trong đó, số băng đa dạng tối thiểu là 50 mới

có thể xây dựng được cây phả hệ chính xác. Với sáu môi đã sử dụng, chúng tôi thu được 63 băng DNA đa hình từ 36 mẫu Thần lằn bóng đốm khác nhau để phục vụ cho nghiên cứu đa

dạng di truyền và xây dựng cây phả hệ. Vì vậy, số liệu thu được sau khi phân tích từ năm môi RAPD là đủ cho nghiên cứu này.



Hình 4. Hình ảnh điện di PCR-RAPD với môi OPN06 (*M: Marker DNA 1 kb*)



Hình 5. Hình ảnh điện di PCR-RAPD với môi OPG17 (*M: Marker DNA 1 kb*)

3.3. Phân tích đa dạng di truyền

Các hệ số di truyền nghiên cứu như số allele quan sát được (observed number of alleles: na), số allele hiệu quả (effective number of alleles: ne), hệ số đa dạng di truyền (h) theo Nei (1972), hệ số đa dạng di truyền theo Shannon (Shannon's information index: I) cho tất cả các mẫu Thần lằn bóng đốm được phân tích bằng 6

mỗi RAPD và các giá trị tương ứng lần lượt là 1,9841; 1,2794; 0,1951 và 0,3283 (Bảng 3). Kết quả nghiên cứu cho thấy mức độ đa dạng di truyền giữa các mẫu (hoặc giữa các quần thể) nghiên cứu không quá cao. Trong các quần thể nghiên cứu, ở Đắk Nông có sự đa dạng thấp nhất, các mẫu có ít băng khuếch đại hơn so với các quần thể khác.

Bảng 3. Hệ số đa dạng di truyền của 4 quần thể Thần lằn bóng đốm

Quần thể	Số allele quan sát được (na)	Số allele hiệu quả (ne)	Hệ số đa dạng di truyền (h)	Hệ số Shannon (I)
Kon Tum	1,6508	1,2653	0,1746	0,2787
Gia Lai	1,7302	1,3729	0,2226	0,3414
Đắk Nông	1,5397	1,1559	0,1135	0,1927
Đắk Lắk	1,6032	1,2555	0,1660	0,2631
Tổng 36 cá thể	1,9841	1,2794	0,1951	0,3283
Độ lệch chuẩn (SD)	0,1260	0,2388	0,1291	0,1735

Hệ số đa dạng nguồn gen trung bình giữa các quần thể (Hs) là 0,1692, chiếm 86,72% đa dạng nguồn gen của tổng tất cả các mẫu (Ht = 0,1951). Hệ số đa dạng di truyền giữa các quần thể (Gst) là 0,1326 cho thấy mức độ khác biệt di truyền thấp giữa các quần thể (tương đương với sai khác 13,26% giữa các cá thể nghiên cứu). Mức độ trao đổi gen được thể hiện qua hệ số gen flow (Nm) giữa các quần thể ở mức trung bình (3,2695). Sự cách biệt về mặt địa lý

và sự hạn chế di chuyển có thể là nguyên nhân làm giảm mức độ trao đổi gen (Ploi et al., 2020). Nhìn chung, mức độ đa dạng di truyền của các quần thể Thần lằn bóng đốm cao hơn so với Thần lằn bóng đuôi dài (*E. longicaudatus*) ở miền Trung Việt Nam (Ht = 0,3318, Hs = 0,3047, Gst = 0,081 và Nm = 3,85) (Ngo et al., 2019) nhưng thấp hơn so với Nhông cát (Ht = 0,1351, Hs = 0,0661, Gst = 0,5108 và Nm = 0,4789) (Tran et al., 2018).

Bảng 4. Sự biến đổi di truyền của tất cả các quần thể nghiên cứu

Hệ số	Ht	Hs	Gst	Nm
Trung bình	0,1951	0,1692	0,1326	3,2695
SD	0,0167	0,0120		

Các giá trị về mức độ tương đồng di truyền và khác biệt di truyền giữa các quần thể được trình bày trong Bảng 5. Dữ liệu phân tích chỉ ra rằng các giá trị về mức độ tương đồng di truyền giữa các quần thể Thần lằn bóng đốm là khá cao, dao động từ 0,9346 đến 0,9799 (tương ứng với 93,46 đến 97,99%). Sự khác biệt di truyền cao nhất xuất hiện giữa quần thể ở Gia Lai với Đắk Nông và Đắk Lắk (khác biệt 6,73%). Sự tương đồng di truyền cao nhất xuất

hiện giữa quần thể Đắk Nông và Kon Tum (tương đồng 97,99%). So với nghiên cứu của Ngo et al. (2019), sự khác biệt di truyền giữa các quần thể Thần lằn bóng đốm cao hơn sự khác biệt di truyền của các quần thể Thần lằn bóng đuôi dài (khác biệt 3,59-9,28%). Tuy nhiên, sự khác biệt này không quá lớn. Sự khác biệt di truyền của loài Thần lằn bóng đốm thấp hơn so với sự khác biệt giữa các loài nhông cát (15,98%; Tran et al., 2018).

Bảng 5. Mức độ tương đồng di truyền Nei's (1987) và khác biệt di truyền giữa các quần thể

Quần thể	Kon Tum	Gia Lai	Đắk Nông	Đắk Lắk
Kon Tum	****	0,9674	0,9799	0,9654
Gia Lai	0,0331	****	0,9349	0,9346
Đắk Nông	0,0203	0,0673	****	0,9713
Đắk Lắk	0,0352	0,0676	0,0291	****

Ghi chú: Mức độ tương đồng di truyền (ở trên đường chéo) và khác biệt di truyền (ở dưới đường chéo)

4. KẾT LUẬN

Ở mức độ quần thể, sự tương đồng di truyền khá cao (dao động từ 93,46 đến 97,99%), tương ứng với sự khác biệt giữa các quần thể thấp. Sự đa dạng di truyền giữa các cá thể trong quần thể đóng vai trò chính (chiếm 86,72%) cho sự đa dạng di truyền của loài Thần lằn bóng đốm. Kết quả nghiên cứu cho thấy Thần lằn bóng đốm ở khu vực Tây Nguyên có sự tương đồng cao, thuận lợi cho việc nghiên cứu, bảo tồn loài này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Baig M.N.R., Grewal S., and Dhillon S. (2009). Molecular characterization and genetic diversity analysis of citrus cultivars by RAPD markers. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 33: 375 - 384.
- Cevik M.F. and Moore G.A. (2007). Construction of a genetic linkage map of *Citrus* with random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers using a progeny population from a complex intergeneric cross. *Turkish Journal of Botany*, 31: 79 - 86.
- Cox J.M., Merel J., Van Dijk T.A., Paul P., Nabhitabhata J., and Thirakhupt K. (1998). *A Photographic Guide to Snecks and Other Reptiles of Peninsular Malaysia, Singapore and Thailand*. Ralph Curtis Publishing.
- Đinh Thị Phương Anh (2005). Bước đầu nghiên cứu đa dạng di truyền thạch sùng vùng núi Bà Nà bằng kỹ thuật PCR-RAPD. *Báo cáo Khoa học Hội nghị khoa học toàn quốc - Công nghệ sinh học trong nghiên cứu cơ bản*. Hà Nội: 72 - 75.
- Grismer J.L. and Grismer L.L. (2010). Who's your mommy? Identifying maternal ancestors of asexual species of *Leiolepis* Cuvier, 1829 and the description of a new endemic species of asexual *Leiolepis* Cuvier, 1829 from Southern Vietnam. *Zootaxa*, 2433: 47 - 61.
- Hoàng Xuân Quang, Hoàng Ngọc Thảo, Nguyễn Huy Hoàng (2009). Đặc điểm hình thái, sinh học và sinh thái của Thần lằn bóng đốm *Eutropis macularia* (Blyth, 1853) ở Vườn Quốc gia Bạch Mã. *Báo cáo khoa học Hội thảo Quốc gia về Lương cư và Bò sát ở Việt Nam lần thứ nhất*. Huế: 250 - 259.

- Hoàng Xuân Quang, Hoàng Ngọc Thảo, Ngô Đắc Chứng (2012). *Ếch nhái, Bò sát ở Vườn Quốc gia Bạch Mã*. Nxb Nông Nghiệp, Hà Nội.

- Hoang Q.T., Cai T.Q.T., Trinh T.H., Nguyen G.T., Nguyen H.D., Truong P.B.T., and Van Y.T. (2016). Study on genetic diversity of *Paris polyphylla* population from Vietnam and China. *Plant Cell Biotechnology and Molecular Biology*, 17: 57 - 63.

- Nei M. (1972). Genetic distance between populations. *American Naturalist*, 106(949): 283 - 292.

- Nei M. (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89: 583 - 590.

- Ngo C.D., Dang H.P., Do D.T., Ngo B.V. (2019). Genetic diversity of *Eutropis longicaudatus* populations in central Vietnam based on rapid markers. *Proceedings of the 4th National Scientific Conference on Amphibians and Reptiles in Vietnam*. Hanoi: 98 - 107.

- Ngo C.D., Le P.L.T., Nguyen H.D., Truong P.B, Hoang N.T., and Ngo B.V. (2020). Diet of the Bronze Skink *Eutropis macularius* (Reptilia: Squamata: Scincidae) from Thua Thien Hue Province, Central Vietnam. *Russian Journal of Herpetology*, 27: 209 - 216.

- Nguyen V.S., Ho T.C., and Nguyen Q.T. (2009). Herpetofauna of Vietnam. Edition Chimaira, Frankfurt am Main, Germany.

- Ploi K., Curto M., Bolfiková B.C., Loudová M., Hulva P., Seiter A., Fuhrmann M., Winter S., and Meimberg H. (2020). Evaluating the impact of wildlife shelter management on the genetic diversity of *Erinaceus europaeus* and *E. roumanicus* in their contact zone. *Animals*, 10: 1452.

- Tran D.Q., Tran T.V., and Hoang Q.T. (2018). Genetic relationship of two agamid lizard species in Vietnam by random amplified polymorphic DNA analysis. *Life Science Journal*, 15: 36 - 42.

- Trương Bá Phong, Ngô Đắc Chứng, Ngô Văn Bình (2019a). Mật độ quần thể và sử dụng vi môi trường sống của Thần lằn bóng đốm (*Eutropis macularius*) tại Vườn Quốc gia Yok Đôn, tỉnh Đắk Lắk. *Báo cáo toàn văn Hội thảo Quốc gia về Lương cư và Bò sát lần thứ 4*. Hà Nội: 204 - 211.

17. Trương Bá Phong, Ngô Đắc Chứng, Ngô Văn Bình (2019b). Vi môi trường sống của loài Thằn lằn bóng đốm *Eutropis macularius* (Blyth, 1835) tại Vùng đệm Vườn Quốc gia Yok Đôn, tỉnh Đắk Lắk. *Tạp chí Khoa học, Trường Đại học Tây Nguyên*, 34: 64 - 68.

18. Tordoff A.W., Tran B.Q., Nguyen T.D., and Le H.M. (2004). *Sourcebook of existing and proposed protected areas in Vietnam*. Birdlife International in Indochina and Ministry of Agriculture and Rural Development, Second edition, Hanoi.

19. Uetz P., Freed P., Aguilar R., and Hošek J. (2022). The Reptile Database, <http://www.reptile-database.org>.

20. Yeh F., Yang R., Boyle T., Ye Z., Xiyan J.M., Yang R., and Boyle T. (2000). PopGene32, Microsoft windows-based freeware for population genetic analysis. Version 1.32. *Molecular Biology and Biotechnology Centre: University of Alberta, Edmonton, Canada*.

ANALYZING GENETIC DIVERSITY OF THE BRONZE SKINK *Eutropis macularius* (REPTILIA: SQUAMATA: SCINCIDAE) IN THE CENTRAL HIGHLANDS OF VIETNAM, BASED ON PCR-RAPD TECHNIQUE

Truong Ba Phong¹, Ngo Dac Chung², Nguyen Quang Hoang Vu³, Hoang Tan Quang³,
Nguyen Duc Huy³, Bui Thi Chinh², Tran Van Giang², Ngo Van Binh^{2*}

¹Tay Nguyen University

²University of Education, Hue University

³Institute of Biotechnology, Hue University

SUMMARY

The Bronze Skink (*Eutropis macularius*) belongs to the family Scincidae, most of the skinks eat insects and harmful larvae, so they become useful animals for agriculture and forestry. However, up to now, there have been no studies on the population genetic diversity of the Bronze Skink in the Central Highlands. In this study, randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) technology is used to analyze the genetic diversity of 36 samples in Western Highlands, Vietnam. Genetic parameters include the observed number of alleles (na), effective number of alleles (ne), Nei's (1972) gene diversity (h), and Shannon's information Index (I) for all samples were analyzed by 6 RAPD primers with the values of 1.9841, 1.2794, 0.1951 and 0.3283, respectively. The total genotype diversity within populations (Hs) is 0.1692, accounting for 86.72% of the genetic diversity of all samples (Ht = 0.1951). The mean coefficient of gene differentiation (Gst) is 0.1326 and the estimate of gene flow (Nm) is 3.2695. The degree of genetic similarity between populations is quite high, ranging from 93.46 to 97.99%.

Keywords: *Eutropis macularius*, genetic diversity, RAPD, skink, Tay Nguyen.

Ngày nhận bài : 14/7/2022

Ngày phản biện : 15/8/2022

Ngày quyết định đăng : 25/8/2022