



**BÁO CÁO KHOA HỌC**  
**HỘI NGHỊ CÔNG NGHỆ SINH HỌC TOÀN QUỐC 2022**

**PROCEEDINGS**

**OF VIETNAM NATIONAL CONFERENCE ON BIOTECHNOLOGY 2022**

HÀ NỘI - 2022

## CÔNG NGHỆ SINH HỌC NÔNG NGHIỆP

84. NGHIÊN CỨU ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA THẦN LẦN BÓNG ĐÓM <i>Eutropis macularius</i> (REPTILIA: SQUAMATA: SCINCIDAE) Ở KHU VỰC TÂY NGUYÊN, VIỆT NAM DỰA TRÊN PHÂN TÍCH TRÌNH TỰ 16S rDNA. Trương Bá Phong, Ngô Đắc Chứng, Nguyễn Quang Hoàng Vũ, Hoàng Tấn Quang, Ngô Văn Bình .....	543
85. ẢNH HƯỞNG CỦA NHIỆT ĐỘ, THỜI GIAN NGÂM VÀ NẤY MẦM ĐẾN SỰ BIẾN ĐỔI AMYLASE CỦA MẦM ĐẬU ĐEN XANH LÔNG ( <i>Vigna cylindrica</i> ). Đỗ Thị Bích Thủy, Trần Bảo Khánh, Võ Văn Quốc Bảo, Phan Thị Bé, Nguyễn Thị Đan Huyền .....	551
86. ẢNH HƯỞNG CỦA TỪ TRƯỜNG TÍNH LÊN SINH TRƯỞNG CỦA HỆ SỢI NẤM HOÀNG ĐẾ Milky ( <i>Calocybe indica</i> ). Hà Thị Quyên, Nghiêm Thị Huế, Hoàng Thị Hồng Nga, Quách Văn Sơn, Lê Tiến Vượng, Chu Đức Hà .....	557
87. ĐẶC ĐIỂM GEN VP2, PHÂN HỆ VÀ NHÓM DI TRUYỀN CỦA VIRUS GUMBORO CÁC CHỦNG MỚI NĂM 2021 GÂY BỆNH TRÊN GÀ TẠI HÀ NỘI. Đinh Thị Nhung, Đỗ Thị Roan, Đặng Thị Mai Lan, Đoàn Thị Thanh Hương, Lê Thị Kim Xuyên .....	564
88. ẢNH HƯỞNG CỦA SỰ KẾT HỢP CHẾ PHẨM PROTAMEX VÀ FLAVOUZYME ĐẾN KHẢ NĂNG THỦY PHÂN CÀM GẠO, ỨNG DỤNG CHẾ BIẾN SỮA CHUA. Lê Hoàng Phụng, Võ Tấn Thạnh, Ngô Thị Cẩm Tú, Lý Nguyễn Bình .....	571
89. NGHIÊN CỨU ẢNH HƯỞNG CỦA CÁC ĐIỀU KIỆN LÊN MEN ĐẾN QUÁ TRÌNH SINH TỔNG HỢP PULLULAN TỪ <i>Aureobasidium pullulans</i> M01. Bùi Thị Hải Hòa, Nguyễn Ngọc Huyền .....	578
90. NGHIÊN CỨU THÀNH PHẦN HÓA HỌC VÀ PHÂN LẬP THÀNH PHẦN SAPONIN TỪ CAO CHIẾT LÁ LOÀI <i>Sansevieria trifasciata</i> "LAURENTII". Nguyễn Đức Hùng, Từ Quang Tân, Trần Thị Hồng, Nguyễn Thị Thu Hà, Sỹ Danh Thường, Chu Hoàng Mậu .....	585
91. KHẢO SÁT CÁC THÔNG SỐ TỐI ƯU CỦA QUÁ TRÌNH LÊN MEN VÀ THỜI GIAN BẢO QUẢN GIẤM VANG XƠ MÍT ( <i>Artocarpus heterophyllus</i> ). Huỳnh Ngọc Thanh Tâm, Nguyễn Thị Như Ngọc .....	592
92. TẠO DÒNG, BIỂU HIỆN VÀ TÁI GẮP CUỘN TOLL-LIKE RECEPTOR 22 TỪ CÁ TRA <i>Pangasianodon hypophthalmus</i> . Mai Quốc Gia, Lê Thị Xuân Trang, Trần Văn Hiếu .....	598
93. ĐÁNH GIÁ KHẢ NĂNG ĐÔNG MỦ CAO SU CỦA CHỦNG VI KHUẨN AXIT LACTIC PHÂN LẬP TỪ MỦ CAO SU TẠI TÂY NINH. Huỳnh Đức Định, Trần Thanh, Trần Đình Minh, Vũ Văn Trường, Bùi Minh Trí, Huỳnh Thị Minh Tâm .....	604
94. EFFECTS OF PECTINASE AND ULTRASOUND TREATMENTS ON EXTRACTION OF TOTAL CATECHIN AND TOTAL PHENOLIC CONTENTS FROM CASHEW APPLES ( <i>Anacardium occidentale</i> L.). Tran Que Trinh, Nguyen Thi Lan Phi, Hoang Van Thanh, Pham Van Hung .....	611
95. NGHIÊN CỨU CÁC YẾU TỐ ẢNH HƯỞNG TỚI HIỆU SUẤT THU HỒI PECTIN TỪ VỎ CHUỐI CHÍN. Đào Thị Mỹ Linh, Nguyễn Thị Quỳnh Mai, Nguyễn Thị Thanh Vân, Mai Khánh Vi, Nguyễn Ngọc Đoàn Trinh .....	617
96. NGHIÊN CỨU ỨNG DỤNG CHẾ PHẨM NẤM MEN ( <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ) TRONG GIAI ĐOẠN LÊN MEN ĐỂ NÂNG CAO CHẤT LƯỢNG CÀ PHÊ TẠI ĐẮK LẮK. Phạm Văn Thao, Phan Thanh Bình, Trần Thị Phương Hạnh, Võ Thị Thủy Dung, Trần Thị Thẩm Hà, Nguyễn Thị Thoa, Nguyễn Thị Kim Oanh .....	625
97. MICROPROPAGATION OF VIETNAMESE GREEN TALL COCONUT ( <i>Cocos nucifera</i> L.) USING IMMATURE INFLORESCENCE. Tran Binh-Minh, Quang Thien Nguyen, Xuan Lan Thi Hoang, Nguyen Phuong Thao .....	631
98. BENEFICIAL ENDOPHYTIC AND EPIPHYTIC BACTERIA FROM PEANUT ROOT MICROBIOME POSSESSING PLANT-GROWTH-PROMOTING TRAITS AND ANTIFUNGAL ACTIVITY AGAINST AFLATOXIN-PRODUCING <i>Aspergillus flavus</i> CDP2. Trinh Lai Loi, Le Nguyen Ai Mi, Nguyen Hoai Huong .....	638
99. MỐI QUAN HỆ PHÁT SINH LOÀI VÀ TƯƠNG TÁC CỦA GIUN NHIỀU TỚ (ANNELIDA: POLYCHAETA) TRONG MÔ HÌNH NUÔI ỐC HƯƠNG ( <i>Babylonia areolata</i> ) TẠI KHÁNH HÒA. Đặng Thúy Bình, Bùi Thị Thùy Nhung, Trương Thị Oanh, Trần Quang Sáng, Hoàng Văn Duật .....	645
100. NGHIÊN CỨU ĐẶC TÍNH CỦA MÀNG ẨM ĐƯỢC TỪ TINH BỘT KHOAI MÌ VÀ PECTIN KẾT HỢP CAO CHIẾT LÁ TRẦU KHÔNG. Nguyễn Thị Quỳnh Mai, Đào Thị Mỹ Linh, Nguyễn Thị Minh Cát, Trần Thị Minh Ngọc, Trần Ngọc Thảo Nhi .....	651
101. NGHIÊN CỨU TẠO DẪN XUẤT CHITOOLIGOSACCHARIDE GẮN ACID GENTISIC VÀ ĐÁNH GIÁ KHẢ NĂNG KHÁNG OXY HÓA. Võ Nguyễn Hồng Thắm, Bùi Văn Hoài, Ngô Đại Nghiệp .....	658
102. TỐI ƯU HÓA ĐIỀU KIỆN CHIẾT XUẤT CÁC HOẠT CHẤT ỨC CHẾ TYROSINASE TỪ CÀNH CÂY DẦU TÂM ( <i>Morus alba</i> L.). Lê Xuân Tiến, Lê Ái Nguyễn, Nguyễn Huỳnh Hương Thảo, Tống Thanh Danh .....	665
103. ĐỘNG HỌC VỎ HOẠT PROTEASE TRONG THỊT ĐẬU TÔM THỂ CHÂN TRẮNG ( <i>Litopenaeus vannamei</i> ). Bùi Minh Duy, Phan Minh Trọng, Nguyễn Văn Mươi, Trần Thanh Trúc .....	672
104. NGHIÊN CỨU XÂY DỰNG CÔNG THỨC TRÀ TÚI LỘC HOA LÀI VÀ ĐÁNH GIÁ HOẠT TÍNH KHÁNG OXY HÓA. Nguyễn Minh Hiếu, Nguyễn Tài Hoàng, Vũ Thị Ngân, Lê Thị Thúy Hằng .....	678
105. ISOLATION AND BASIC CHARACTERIZATION OF A CHITIN-DEGRADING BACTERIUM FROM THE DRY DECIDUOUS DIPTEROCARP FOREST IN THE CENTRAL HIGHLANDS. To Uyen Huynh, Tu Oanh Do, Thi Huyen Nguyen, Iuliia Pentekhina, Dzung Nguyen, Dinh Minh Tran .....	683
106. THÀNH PHẦN HỢP CHẤT PHENOLIC, KHẢ NĂNG KHÁNG OXY HÓA, KHÁNG KHUẨN, KÍCH THÍCH SINH TRƯỞNG LỢI KHUẨN CỦA CAO CHIẾT TỪ VỎ THÂN CÂY TRÂM VỎ ĐỎ ( <i>Syzygium zeylanicum</i> (L.) DC.). Nguyễn Minh Trung, Bùi Thị Bích Huyền, Nguyễn Ngọc Hà Giang, Nguyễn Quang Vinh .....	689

# NGHIÊN CỨU ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA THẦN LẦN BÓNG ĐÓM *Eutropis macularius* (REPTILIA: SQUAMATA: SCINCIDAE) Ở KHU VỰC TÂY NGUYÊN, VIỆT NAM DỰA TRÊN PHÂN TÍCH TRÌNH TỰ 16S rDNA

Trương Bá Phong<sup>1</sup>, Ngô Đắc Chứng<sup>2</sup>, Nguyễn Quang Hoàng Vũ<sup>3</sup>, Hoàng Tấn Quảng<sup>3</sup>, Ngô Văn Bình<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Trường Đại học Tây Nguyên

<sup>2</sup>Trường Đại học Sư phạm, Đại học Huế

<sup>3</sup>Viện Công nghệ sinh học, Đại học Huế

## 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. Trong nghiên cứu này, trình tự 16S rDNA của 16 mẫu Thần lằn bóng đốm từ 4 tỉnh Tây Nguyên (Đắk Lắk, Đắk Nông, Gia Lai, Kon Tum) đã được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền. Kết quả phân tích trình tự cho thấy có 8 haplotype được xác định. Chỉ số đa dạng haplotype (Hd) khá cao ở Kon Tum và Gia Lai (0,833) nhưng thấp ở Đắk Lắk và Đắk Nông (0,500). Mức độ đa dạng nucleotide ( $\pi$ ) thấp ở các tỉnh Đắk Lắk, Gia Lai và Kon Tum (từ 0,00092 đến 0,00277) nhưng khá cao ở Đắk Nông (0,02415). Mức độ khác biệt di truyền giữa các quần thể dao động từ 0,14 đến 2,66%. Kết quả phân tích cũng cho thấy quần thể Thần lằn bóng đốm ở các tỉnh Tây Nguyên tiến hóa theo hướng chọn lọc ngẫu nhiên, trung tính, quần thể mở rộng do bị ngăn cách và các allele hiếm xuất hiện trong quần thể với tần suất cao.

*Từ khóa:* Đa dạng di truyền, *Eutropis macularius*, 16S rDNA, Tây Nguyên, Thần lằn bóng đốm.

## MỞ ĐẦU

Thần lằn bóng đốm (*Eutropis macularius*) là một trong 5 loài có hình thái ngoài khá phức tạp thuộc giống *Eutropis* Fitzinger, 1843 được ghi nhận tại Việt Nam: *E. longicaudatus*, *E. multifasciatus*, *E. macularius*, *E. chapaensis* và *E. darevskii* [1-3]. Trong đó, loài *E. macularius* thường được tìm thấy ở các rừng cây lá rụng theo mùa [4], 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 ở Việt Nam chủ yếu tập trung vào lĩnh vực phân loại học trên cơ sở hình thái ngoài, ghi nhận sự phân bố hoặc sinh thái, đặc điểm dinh dưỡng [1, 2, 5-7]. Các công bố liên quan đến đa dạng di truyền của loài này ở Việt Nam còn chưa nhiều. Nghiên cứu đa dạng di truyền một số loài trong chi *Eutropis* ở Việt Nam cũng đã được thực hiện, chẳng hạn đa dạng di truyền của loài Thần lằn bóng đuôi dài (*Eutropis longicaudatus*) bằng kỹ thuật RAPD [8], đa dạng di truyền loài Thần lằn bóng hoa (*Eutropis multifasciata*) dựa trên phân tích trình tự 12S rDNA [9]. Tuy nhiên, chưa có công trình nào sử dụng trình tự 16S rDNA để nghiên cứu đa dạng di truyền trên đối tượng Thần lằn bóng đốm ở khu vực Tây Nguyên được công bố.

Trong nghiên cứu đã công bố trước đây, 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) đã được thực hiện. Kết quả nghiên cứu cho thấy mức độ tương đồng di truyền giữa các quần thể khá cao, dao động từ 93,46 đến 97,99% [10]. Tuy nhiên, kết quả phân tích RAPD không cho thấy sự khác nhau giữa các cá thể ở các tỉnh nghiên cứu, các mẫu có sự đan xen về kết quả phân tích RAPD. Do đó, cần có những nghiên cứu sâu hơn về sự khác biệt trong vật chất di truyền của các mẫu này.

Nghiên cứu này được thực hiện sẽ góp phần cung cấp dữ liệu về DNA ty thể, làm cơ sở cho việc nghiên cứu và bảo tồn loài này ở khu vực Tây Nguyên.

## PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 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) từ tháng 4 năm 2017 đến tháng 4 năm 2019. Các mẫu vật (cá thể) Thần lằn bóng đốm được tìm và thu tại những nơi có điều kiện sinh thái phù hợp cho loài, Thần lằn bóng đốm thường có tổ sinh thái là dưới lớp lá khô ở các kiểu rừng Khộp (Yok Don) hoặc vườn cây công nghiệp như cao su, điều, cà phê, cây ăn quả (bơ). Thời gian thu mẫu từ 8h30 đến 16h và mẫu được thu trực tiếp bằng tay, mỗi mẫu vật thu được cho vào túi đựng riêng có ghi nhãn ký hiệu mẫu. Tổng số 36 cá thể Thần lằn bóng đốm đã thu và đưa về phòng thí nghiệm, thu mô đuôi, bảo quản trong cồn tuyệt đối sau đó gửi ra Viện Công nghệ sinh học, Đại học Huế để phân tích đa dạng di truyền bằng kỹ thuật PCR-RAPD [10]. Sau khi có kết quả phân tích PCR-RAPD, 16 mẫu có phản ứng khuếch đại tốt được lựa chọn để phân tích trình tự 16S rDNA (4 mẫu/tỉnh) (bảng 1).

**Bảng 1. Địa điểm thu mẫu và ký hiệu mẫu**

Địa điểm	Số lượng	Ký hiệu	Tọa độ vùng thu mẫu
Kon Tum	4	KT2, KT3, KT5, KT6	14°43'15" N 107°37'30" E
Gia Lai	4	GL2, GL3, GL5, GL9	13°43'01" N 108°03'51" E
Đắk Nông	4	DN1.3, DN2.2, DN6, DN7.1	12°30'14" N 107°40'24" E
Đắk Lắk	4	DL4Y, DL24Y, DL1, DL2.1	12°48'40" N 107°53'44" E



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

### Tách chiết DNA tổng số

DNA tổng số được tách chiết từ mô theo mô tả của Grismer và Grismer (2010) [11] có cải tiến cho phù hợp với điều kiện phòng thí nghiệm.

Mẫu cơ (200 mg) được cắt nhỏ, sau đó nghiền mịn trong 1,5 mL eppendorf tube. Bổ sung 800 µL dung dịch ly trích, sau đó bổ sung 100 µL dung dịch SDS 10% và 2 µL proteinase K, vortex trong 30 giây. Hỗn hợp được ủ ở 65°C trong 2 giờ, để nguội ở nhiệt độ phòng. Tiếp tục bổ sung 300 µL 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 iso-propanol 100% ở -30°C trong 2 giờ. Tiểu thể DNA được rửa 2 lần bằng 500 µL 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.

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.

### Phân tích đa dạng di truyền bằng trình tự 16S rDNA

Cặp mồi dùng chung để phân tích các trình tự 16S rDNA là 16Sar (5'-CGCCTGTTTATCAAAAACAT-3') và 16Sbr (5'- CCGGTCTGAACTCAGATCACGT-3') [12] được sử dụng để khuếch đại trình tự 16S rDNA của DNA tổng số của các mẫu thu được.

Thành phần phản ứng PCR: 150 ng DNA tổng số, 50 pmol của mỗi mồi, 20  $\mu$ L 2x Go Taq® Green Master Mix (M7502, Promega, USA) và nước cất vô trùng (tổng thể tích 60  $\mu$ L). Phản ứng PCR được thực hiện trong máy gia nhiệt (SimpliAmp, ThermoFisher Scientific, USA) như sau: 95°C trong 10 phút; 30 chu kỳ ở 95°C trong 1 phút, 55°C trong 1 phút và 72°C trong 10 phút. Các sản phẩm PCR được điện di kiểm tra trước khi gửi đi phân tích trình tự.

Trình tự các đoạn 16S rDNA được xác định trực tiếp bằng phương pháp Sanger tại công ty Firstbase (Malaysia), sau đó phân tích bằng phần mềm BioEdit và so sánh với ngân hàng gen bằng công cụ BLAST (<http://ncbi.nlm.nih.gov/>). Hệ số tương đồng, so sánh trình tự và xây dựng cây phả hệ được thực hiện bằng phần mềm MEGA X với các thông số mặc định của phần mềm.

Các phân tích di truyền được thực hiện dựa trên tập hợp của 16 trình tự 16S rDNA. Đa dạng di truyền giữa các quần thể được tính bằng tổng số haplotype (Nh), số lượng của vị trí đa hình (S), đa dạng haplotype (Hd) và đa dạng nucleotide ( $\pi$ ), số đột biến ( $\eta$ ) và số nucleotide khác biệt trung bình (k), Fu's Fs test, Tajima's D test, Fu and Li's D\* test và Fu and Li's F\* test sử dụng phần mềm DnaSP v6.12 [13]. Chỉ số khác biệt di truyền (Fst) được xác định bằng phần mềm Alerquin v3.5 với 95% giá trị tin cậy.

## KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VÀ THẢO LUẬN

### Phân tích trình tự 16S rDNA

Kết quả điện di sản phẩm PCR với cặp mồi đặc hiệu 16Sar/16Sbr cho thấy xuất hiện 1 băng đặc hiệu có kích thước khoảng 550 bp (hình 2). Như vậy, đoạn 16S rDNA đã được khuếch đại thành công, các đoạn này có kích thước khoảng 550 bp. Sau khi phân tích trình tự nucleotide, chúng tôi nhận thấy các trình tự 16S rDNA có chiều dài khoảng 542-546 bp, tương đồng cao nhất với trình tự 16S rDNA của loài *Eutropis macularia* (mã số AB057394), mức độ tương đồng từ 95,09% đến 96,23% (Bảng 2). Kết quả so sánh trình tự 16S rDNA của các mẫu nghiên cứu cho thấy giữa các mẫu trong cùng 1 vùng thường có độ tương đồng cao, nhiều mẫu giống nhau hoàn toàn như mẫu KT3 và KT6; các mẫu DL4Y, DL24Y và DL1 của tỉnh Đắk Lắk; các mẫu DN1.3, DN2.2 và DN7.1 của tỉnh Đắk Nông. Nhiều mẫu trong các vùng sinh thái giống nhau cũng có sự tương đồng cao, ví dụ như mẫu KT3 và KT6 với GL2, GL9 và các mẫu thuộc Đắk Lắk. Như vậy, kết hợp các đặc điểm hình thái và di truyền có thể xác nhận các mẫu nghiên cứu là của cùng một loài và loài nghiên cứu là *Eutropis macularius* (*Eutropis macularia*).

Trong số các mẫu phân tích, mẫu DN6 thu tại tỉnh Đắk Nông có độ tương đồng cao nhất (96,23%) so với loài *Eutropis macularia* trên ngân hàng gen, kết quả so sánh trình tự được trình bày ở hình 3.



**Hình 2.** Sản phẩm PCR trình tự 16S rDNA của các mẫu nghiên cứu. M: thang chuẩn kích thước DNA (GeneRuler™ 1 kb DNA Ladder, Thermo Scientific, Mỹ)

Kết quả về sự sai khác trong trình tự nucleotide trình bày ở bảng 3 cho thấy phần lớn các mẫu ở các tỉnh Kon Tum, Gia Lai và tỉnh Đắk Lắk là giống nhau. Trong các tỉnh này, các mẫu có sự sai khác nhiều nhất là KT2 ở nucleotide thứ 240 (T thay cho A) và 312 (A thay cho G), nhiều mẫu giống nhau hoàn toàn. Trong các tỉnh nghiên cứu, các mẫu thu được ở tỉnh Đắk Nông có sự sai khác nhiều nhất. Đối với tỉnh Đắk Nông, 3 mẫu DN1.3, DN2.2 và DN7.1 giống nhau và có sự khác biệt so với mẫu ở 3 tỉnh trên, thể hiện ở nucleotide ở các vị trí 64 (A thay cho T), 209 (G thay cho A), 245 (T thay cho G), nucleotide từ 268 đến 279, nucleotide thứ 281 (C thay cho T), 240 và 341 (A thay cho T), 367,439 và 493 (C thay cho A hoặc T).

Trong khi đó, mẫu DN6 có trình tự khác với 3 mẫu còn lại ở các vị trí này, trình tự nucleotide của mẫu DN6 có xu hướng giống với mẫu từ 3 tỉnh còn lại ở các vị trí đó. Tuy nhiên, mẫu DN6 có sự khác biệt với tất cả các mẫu còn lại khi có thêm trình tự TTAA ở vị trí 262-265, có nhiều sai khác ở các vị trí từ nucleotide 343 đến 366. Chính vì những sự sai khác này, mẫu DN6 có sự khác biệt di truyền cao nhất so với các mẫu còn lại, sự khác biệt lên tới

**CÔNG NGHỆ SINH HỌC NÔNG NGHIỆP**

4,69% giữa mẫu DN6 với các mẫu khác trong cùng tỉnh Đắk Nông, sai khác từ 3,47-3,66% so với tất cả các mẫu còn lại.

**Bảng 2. Kết quả so sánh các trình tự 16S rDNA thu được với trình tự có mã số AB057394 (loài *Eutropis macularia*) trên ngân hàng gen**

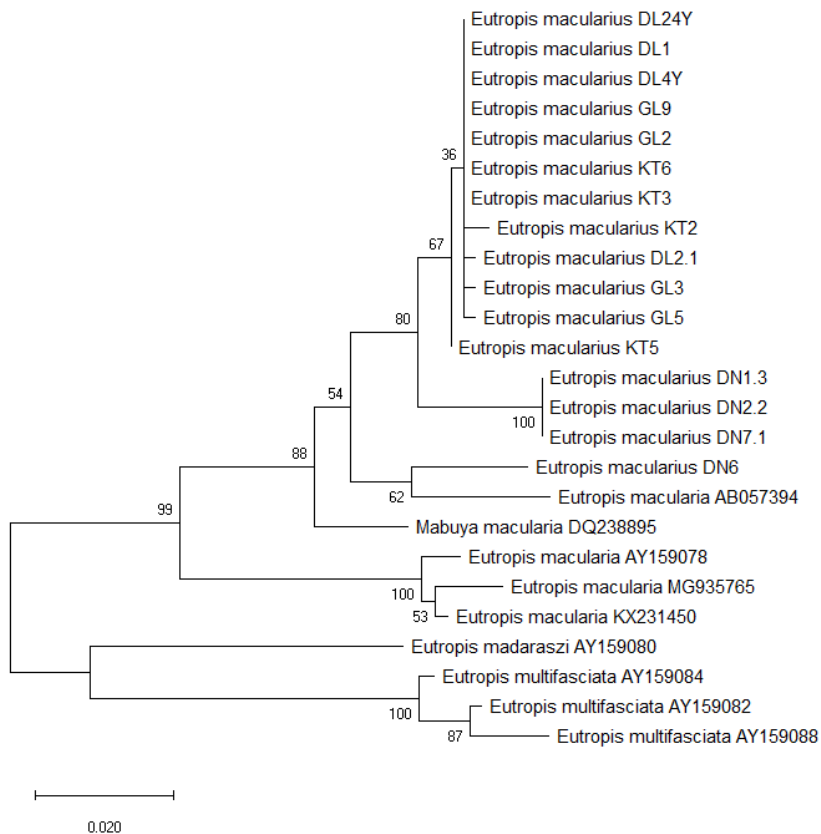
Ký hiệu mẫu	Tỉnh	Giới tính	Tương đồng (%)
KT2	Kon Tum	F	95,28
KT3	Kon Tum	M	95,28
KT5	Kon Tum	F	95,28
KT6	Kon Tum	M	95,28
GL2	Gia Lai	F	95,28
GL3	Gia Lai	F	95,09
GL5	Gia Lai	M	95,09
GL9	Gia Lai	M	95,28
DL4Y	Đắk Lắk	F	95,28
DL24Y	Đắk Lắk	F	95,28
DL1	Đắk Lắk	M	95,28
DL2.1	Đắk Lắk	M	95,09
DN1.3	Đắk Nông	M	95,09
DN2.2	Đắk Nông	M	95,09
DN6	Đắk Nông	F	96,23
DN7.1	Đắk Nông	F	95,09

DN6	3	CAAAAACATAGCCTTTAGCAAAACAAGTATTTAAAGGTCCCGCCTGCCAGTGAAACTTAT	62
AB057394	279	CAAAAACATAGCCTTTAGCAAAACAAGTATTTAAAGGTCCCGCCTGCCAGTGAAACTTAT	338
DN6	63	TTAACGGCCGCGGTATTCTAACCGTGCAAAGGTAGCGTAATCACTTGTCTTCTAAATAAA	122
AB057394	339	TTAACGGCCGCGGTATTCTAACCGTGCAAAGGTAGCGTAATCACTTGTCTTCTAAATAAA	398
DN6	123	GACCTGTATGAACGGCTAAATGAGGACAAACCTGTCTCTTACAACCAATCAATGAAATTG	182
AB057394	399	GACCTGTATGAACGGCTAAATGAGGACAAACCTGTCTCTTACAACCAATCAATGAAACTG	458
DN6	183	ATCTATCAGTACAAAAGCTGGTATAAACACATAAGACGAGAAGACCCTGTGGAGCTTAAG	242
AB057394	459	ATCTACCAGTACAAAAGCTGGTATAAACACATAAGACGAGAAGACCCTGTGGAGCTTAAG	518
DN6	243	ACGAAACACCAAGTGCACAATTAATAACATGGTGCTGAGTCTTCAGTTGGGGCGACTTCGG	302
AB057394	519	ACAAAACACCAATGCACAA-TAAAAACATGGTGCTGGGTCTTCAGTTGGGGCGACTTCGG	577
DN6	303	aaaaaaaaTAAACTTCCGAGCAAAAATCCACAACATTGAGTCGAGGCAAAACAGCCTAAT	362
AB057394	578	AAAAAACAAAACCTTCCGAGCAAAATCCATAGCATAAAACCAAGGCAAAACAGGCTAAT	637
DN6	363	A-TAAACTGACCCGGCCACGCCGATCAACGAACCAAGTTACCCAGGGATAACAGCGCTA	421
AB057394	638	ATTTTCTGACCCGGCCACGCCGATCAACGAACCAAGTTACCCAGGGATAACAGCGCTA	697
DN6	422	TCTTCTTTAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACAC	481
AB057394	698	TCTTCTTTAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACAC	757
DN6	482	CCCGCGGTGCAGCCGCTGCCAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAACAGT	531
AB057394	758	CCCGCGGTGCAGCCGCTGCCAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAACAGT	807

**Hình 3. So sánh trình tự 16S rDNA của mẫu DN6 và trình tự có mã số AB057394 trên ngân hàng gen**

**Bảng 3. So sánh trình tự 16S rDNA của các mẫu thu được**

Mẫu	Vị trí sai khác																																					
	58	64	180	188	209	240	245	254	256	257	262	263	264	265	268	275	277	278	279	280	281	312	325	340	341	343	344	346	351	366	367	379	439	485	493			
KT2	T	T	C	C	A	T	G	A	A	C	-	-	-	-	G	G	G	G	G	T	A	G	T	T	A	C	A	G	T	A	A	A	A	T				
KT3	.	.	.	.	A	.	.	.	.	-	-	-	-	-	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
KT5	.	.	.	.	A	.	.	.	.	-	-	-	-	-	A	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
KT6	.	.	.	.	A	.	.	.	.	-	-	-	-	-	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
GL2	.	.	.	.	A	.	.	.	.	-	-	-	-	-	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
GL3	.	.	.	.	A	.	.	.	.	-	-	-	-	-	.	.	.	.	.	C	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
GL5	.	.	.	G	A	.	.	.	.	-	-	-	-	-	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
GL9	.	.	.	.	A	.	.	.	.	-	-	-	-	-	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
DL4Y	.	.	.	.	A	.	.	.	.	-	-	-	-	-	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
DL24Y	.	.	.	.	A	.	.	.	.	-	-	-	-	-	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
DL1	.	.	.	.	A	.	.	.	.	-	-	-	-	-	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
DL2.1	.	.	.	.	A	.	.	T	.	-	-	-	-	-	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
DN1.3	.	A	.	.	G	A	T	.	.	-	-	-	-	-	A	A	T	A	.	.	C	G	.	A	A	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	C	.	C
DN2.2	.	A	.	.	G	A	T	.	.	-	-	-	-	-	A	A	T	A	.	.	C	G	.	A	A	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	C	.	C
DN7.1	.	A	.	.	G	A	T	.	.	-	-	-	-	-	A	A	T	A	.	.	C	G	.	A	A	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	C	.	C
DN6	C	.	T	T	.	A	.	G	G	.	T	T	A	A	A	.	T	.	A	.	.	.	.	A	G	-	G	T	G	A	A	.	C	.	C	C		



**Hình 4. Cây phát sinh chủng loại các mẫu nghiên cứu dựa trên trình tự 16S rDNA**

Kết quả xây dựng cây phả hệ của 16 mẫu nghiên cứu và các trình tự tham chiếu đã công bố cho thấy các mẫu thu được chia làm 3 nhóm, nhóm 1 gồm 3 tỉnh Kon Tum, Gia Lai và Đắk Lắk, nhóm 2 là 3 mẫu của tỉnh Đắk Nông và nhóm 3 là mẫu DN6 (hình 4). Kết quả này phù hợp với các phân tích trình tự ở trên.

Như vậy, có thể thấy các mẫu thu từ các tỉnh gần nhau và không bị ngăn cách lớn về mặt chướng ngại địa lý như Gia Lai, Kon Tum và Đắk Lắk tập trung vào 1 nhóm, sự khác biệt di truyền giữa 3 nhóm này chỉ từ 0,14-0,23%. Các mẫu thu từ tỉnh Đắk Nông tập trung vào 1 nhóm, hai nhóm này có mức độ khác biệt di truyền từ 2,53-2,66%. Mẫu DN6 là một trường hợp đặc biệt, có đặc điểm di truyền nằm trung gian giữa loài *Eutropis macularia* (mã số AB057394) đã công bố và tất cả các mẫu nghiên cứu còn lại (hình 4).

**Đa dạng di truyền dựa trên trình tự 16S rDNA**

Từ các trình tự nucleotide thu được, chúng tôi tiến hành tính toán các hệ số đa dạng di truyền từ các mẫu nghiên cứu. Yếu tố vị trí địa lý là một trong những yếu tố chính tạo nên sự khác biệt di truyền giữa các quần thể, các quần thể gần nhau về mặt địa lý thường có sự khác biệt di truyền thấp, ví dụ giữa Gia Lai và Đắk Lắk (khác biệt 0,14%), giữa Gia Lai và Kon Tum (0,23%). Các mẫu ở Đắk Nông có sự khác biệt lớn nhất so với các tỉnh khác, trong đó cao nhất là với Kon Tum (2,66%), tương ứng với khoảng cách địa lý lớn nhất giữa hai tỉnh này.

**Bảng 4. Sự khác biệt di truyền giữa các tỉnh nghiên cứu**

	Kon Tum	Gia Lai	Đắk Lắk
Gia Lai	0,0023		
Đắk Lắk	0,0019	0,0014	
Đắk Nông	0,0266	0,0253	0,0263

Đa dạng haplotype (Hd) là chỉ số đánh giá mức độ xuất hiện kiểu đơn bội trong một quần thể. Hd = 1 khi toàn bộ cá thể trong quần thể có kiểu đơn bội khác nhau. Đa dạng nucleotide ( $\pi$ ) là chỉ số thể hiện giá trị trung bình tỷ lệ sai khác nucleotide giữa các cặp trình tự so sánh trong mỗi khảo sát [14]. Đa dạng di truyền (haplotype, nucleotide) của quần thể có thể bị ảnh hưởng bởi một loạt các yếu tố bao gồm quy mô mẫu, thời gian thu mẫu, địa điểm thu mẫu cũng như các yếu tố diễn ra trong quá trình chọn lọc tự nhiên, tỷ lệ đột biến, lưu lượng gen giữa các quần thể và các yếu tố con người [15]. Các chỉ số đa dạng di truyền giữa các quần thể như tổng số haplotype (Nh), số lượng của vị trí đa hình (S), đa dạng haplotype (Hd) và đa dạng nucleotide ( $\pi$ ), số đột biến ( $\eta$ ) và số nucleotide khác biệt trung bình (k) được trình bày ở bảng 5.

**Bảng 5. Các chỉ số đa dạng di truyền dựa trên trình tự 16S rDNA**

Quần thể	Kích thước mẫu	Đa dạng di truyền					
		Nh	Hd	$\pi$	S	$\eta$	k
Kon Tum	4	3	0,833	0,00277	3	3	1,500
Gia Lai	4	3	0,833	0,00185	2	2	1,000
Đắk Lắk	4	2	0,500	0,00092	1	1	0,500
Đắk Nông	4	2	0,500	0,02415	24	24	12,000
<b>Tất cả mẫu</b>	<b>16</b>	<b>8</b>	<b>0,800</b>	<b>0,01560</b>	<b>28</b>	<b>30</b>	<b>6,300</b>

Trong nghiên cứu này, tổng số 8 haplotype đã được xác định, mức độ đa dạng haplotype là 0,800, đây là chỉ số khá cao. Kết quả nghiên cứu cho thấy mức độ đa dạng nucleotide ở Đắk Nông là cao nhất ( $Pi = 0,01560$  và có tới 24 vị trí đột biến), thấp nhất là ở Đắk Lắk ( $Pi = 0,00092$  chỉ có 1 vị trí đột biến), kết quả này cũng phù hợp với kết quả được trình bày ở các bảng trên.

Liên quan đến các công cụ ước tính tính trung lập trong xu hướng tiến hóa di truyền quần thể, các chỉ số Fu's Fs test, Tajima's D test, Fu and Li's D\* test và Fu and Li's F\* test đã được sử dụng. Kết quả trình bày ở bảng 6 cho thấy phần lớn các chỉ số này đều có giá trị âm, ngoại trừ Fu's Fs test ở Đắk Lắk và Đắk Nông. Sự sai khác đều không có ý nghĩa thống kê ( $P > 0,10$ ). Chỉ số Fu's Fs test thể hiện sự trung tính trong việc mở rộng quần thể, kết quả phân tích toàn bộ mẫu cho thấy Fu's Fs test = 0,730, cho thấy xu hướng quần thể mở rộng theo hướng ngẫu nhiên, trung tính. Dựa trên chỉ số Tajima's D test có thể thấy quần thể thằn lằn ở các tỉnh Tây Nguyên tiến hóa theo hướng chọn lọc ngẫu nhiên, quần thể mở rộng do bị ngăn cách và các allele hiếm xuất hiện trong quần thể với tần suất cao, tuy nhiên các xu hướng này chưa đạt mức tạo ra sự khác biệt có ý nghĩa ( $P > 0,10$ ). Chỉ số Fu and Li's D\* test = -1,4 cho thấy có xuất hiện cá thể đột biến lớn so với các cá thể khác trong quần thể nghiên cứu, tuy nhiên tương tự với kết quả ở trên, sự khác biệt lớn này không có ý nghĩa thống kê ( $P > 0,10$ ).

Mức độ khác nhau giữa các quần thể thông qua chỉ số Fst được thể hiện ở bảng 7, kết quả cho thấy giữa Kon Tum và Gia Lai, giữa Kon Tum và Đắk Lắk, giữa Gia Lai và Đắk Lắk không có sự khác biệt. Trong khi đó, Đắk Nông có sự khác biệt rõ rệt với các vùng còn lại, chỉ số Fst dao động từ 0,48 đến 0,52, đây là chỉ số cho thấy sự khác biệt lớn.

**Bảng 6. Các chỉ số trung lập của quần thể nghiên cứu**

Quần thể	Fu's Fs test	Tajima's D test	Fu and Li's D* test	Fu and Li's F* test
Kon Tum	- 0,288	- 0,75445 ( $P > 0,10$ )	- 0,75445 ( $P > 0,10$ )	- 0,67466 ( $P > 0,10$ )



Gia Lai	- 0,887	- 0,70990 ( $P > 0,10$ )	- 0,70990 ( $P > 0,10$ )	- 0,60427 ( $P > 0,10$ )
Đắk Lắk	0,172	- 0,61237 ( $P > 0,10$ )	- 0,61237 ( $P > 0,10$ )	- 0,47871 ( $P > 0,10$ )
Đắk Nông	6,118	- 0,85786 ( $P > 0,10$ )	- 0,85786 ( $P > 0,10$ )	- 0,89474 ( $P > 0,10$ )
<b>Tất cả mẫu</b>	<b>0,730</b>	<b>- 1,25414 (<math>P &gt; 0,10</math>)</b>	<b>- 1,40640 (<math>P &gt; 0,10</math>)</b>	<b>- 1,57384 (<math>P &gt; 0,10</math>)</b>

**Bảng 7. Chỉ số Fst giữa các tỉnh nghiên cứu**

	Kon Tum	Gia Lai	Đắk Lắk
<b>Gia Lai</b>	0,00000		
<b>Đắk Lắk</b>	0,00000	0,00000	
<b>Đắk Nông</b>	0,48571	0,48000	0,51923

Như vậy, từ kết quả phân tích trình tự 16S rDNA có thể thấy các mẫu nghiên cứu thu thập được thuộc loài *Eutropis macularius*. Các mẫu trong cùng 1 vùng có độ tương đồng cao, so sánh giữa các vùng cho thấy mẫu ở Đắk Nông có sự khác biệt nhiều nhất với các vùng còn lại, có thể do yếu tố địa lý gây nên. Trong các mẫu nghiên cứu, mẫu DN6 có sự sai khác nhiều nhất so với các mẫu còn lại. Quần thể thằn lằn ở các tỉnh Tây Nguyên tiến hóa theo hướng chọn lọc ngẫu nhiên, trung tính, quần thể mở rộng do bị ngăn cách và các allen hiếm xuất hiện trong quần thể với tần suất cao, tuy nhiên các xu hướng này chưa đạt mức tạo ra sự khác biệt có ý nghĩa.

## KẾT LUẬN

Các kết quả nghiên cứu thu được cho thấy có thể sử dụng trình tự 16S rDNA để nghiên cứu đa dạng di truyền loài Thằn lằn bóng đốm (*Eutropis macularius*). Kết quả phân tích trình tự nucleotide cho thấy có 8 haplotype/16 trình tự, thể hiện sự đa dạng nguồn gen khá cao. Chỉ số đa dạng haplotype (Hd) khá cao ở Kon Tum và Gia Lai (0,833) nhưng thấp ở Đắk Lắk và Đắk Nông (0,500). Đắk Nông có mức độ đa dạng nucleotide ( $\pi$ ) cao nhất trong 4 tỉnh nghiên cứu (0,02415). Kết quả phân tích cũng cho thấy quần thể Thằn lằn bóng đốm ở các tỉnh Tây Nguyên tiến hóa theo hướng chọn lọc ngẫu nhiên, trung tính, quần thể mở rộng do bị ngăn cách và các allen hiếm xuất hiện trong quần thể với tần suất cao.

## TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] P. Uetz, P. Freed, R. Aguilar, and J. Hošek. (2022, 19 July 2022). *The Reptile Database*. Available: <http://www.reptile-database.org>
- [2] Hoàng Xuân Quang, Hoàng Ngọc Thảo và Nguyễn Huy Hoàng, "Đặc điểm hình thái, sinh học và sinh thái của Thằn lằn bóng đốm *Eutropis macularia* (Blyth, 1853) ở Vườn Quốc gia Bạch Mã", *Báo cáo khoa học Hội thảo quốc gia về Lưỡng cư và Bò sát ở Việt Nam, lần I*, pp. 250-259, 2009.
- [3] N. V. Sang, H. T. Cuc, and N. Q. Truong, *Herpetofauna of Vietnam*. Germany: Edition Chimaira, Frankfurt am Main, 2009.
- [4] J. M. Cox, J. Merel, T. A. Van Dijk, P. Paul, J. Nabhitabhata, and K. Thirakhuat, *A Photographic Guide to Snecks and Other Reptiles of Peninsular Malaysia, Singapore and Thailand*. Ralph Curtis Publishing, 1998.
- [5] Trương Bá Phong, Ngô Đắc Chứng, và Ngô Văn Bình, "Mật độ quần thể và sử dụng vi môi trường sống của Thằn lằn bóng đốm (*Eutropis macularius*) tại Vườn Quốc gia Yok Đôn, tỉnh Đắk Lắk", *Báo cáo toàn văn Hội thảo Quốc gia về Lưỡng cư và Bò sát lần IV*, 2019.
- [6] Trương Bá Phong, Ngô Đắc Chứng và Ngô Văn Bình, "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*, tập 35, 2019.
- [7] C. D. Ngo, P. L. T. Le, H. D. Nguyen, P. B. Truong, N. T. Hoang, and B. V. Ngo, "Diet of the Bronze Skink *Eutropis macularius* (Reptilia: Squamata: Scincidae) from Thua Thien Hue Province, Central Vietnam", *Russian Journal of Herpetology*, Vol. 27, No. 4, pp. 209-216, 2020.
- [8] N. D. Chung, D. P. Hai, D. T. Dang, and N. V. Binh, "Genetic diversity of *Eutropis longicaudatus* populations in central Vietnam based on rapid markers", *Proceedings of the 4<sup>th</sup> National Scientific Conference on Amphibians and Reptiles in Vietnam*, 2019.
- [9] N. D. Chung, T. Q. Dung, and M. P. H. T. An, "Polymorphic analysis of mitochondrial 12S rRNA gene of common sun skink *Eutropis multifasciata* (Reptilia: Squamata: Scincidae) in Central Vietnam", *Annals of Biological Research*, Vol. 6, No. 11, pp. 1-10, 2015.
- [10] Trương Bá Phong *et al.*, "Nghiên cứu đa dạng di truyền của thằn lằn bóng đốm *Eutropis macularius* (Reptilia: Squamata: Scincidae) ở khu vực Tây Nguyên, Việt Nam dựa trên kỹ thuật PCR-RAPD", *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Lâm nghiệp*, Vol. 5, pp. 32-39, 2022.
- [11] J. L. Grismer and L. L. Grismer, "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*, Vol. 2433, No. 1, pp. 47-61, 2010.
- [12] J. H. Kang, E. S. Noh, J. Y. Park, C. M. An, J. H. Choi, and J. K. Kim, "Rapid origin determination of the northern mauxia shrimp (*Acetes chinensis*) based on allele specific polymerase chain reaction of partial mitochondrial 16S rRNA gene", *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, Vol. 28, No. 4, pp. 568-572, 2015.
- [13] J. Rozas *et al.*, "DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Data Sets", *Molecular Biology and Evolution*, Vol. 34, No. 12, pp. 3299-3302, 2017.

- [14] Trần Thị Thúy Hà, Nguyễn Thị Hương, Ngô Phú Thảo và Trần Nguyễn Ái Hằng, "Mức độ đa dạng di truyền của một số quần đàn cá tra sử dụng chỉ thị phân tử cytochrome b", *Tạp chí Khoa học, Trường đại học Vinh*, Vol. 46, No. 4A, pp. 21-31, 2017.
- [15] R. Frankham, J. D. Ballou, and D. A. Briscoe, *Introduction to Conservation Genetics, 2<sup>nd</sup> Edition*. Cambridge University Press, 2010.

## THE ANALYSIS OF GENETIC DIVERSITY OF THE BRONZE SKINK *Eutropis macularius* (REPTILIA: SQUAMATA: SCINCIDAE) IN THE CENTRAL HIGHLANDS OF VIETNAM BASED ON 16S rDNA SEQUENCES

Truong Ba Phong<sup>1</sup>, Ngo Dac Chung<sup>2</sup>, Nguyen Quang Hoang Vu<sup>3</sup>, Hoang Tan Quang<sup>3</sup>, Ngo Van Binh<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Tay Nguyen University

<sup>2</sup>University of Education, Hue University

<sup>3</sup>Institute of Biotechnology, Hue University

### SUMMARY

The Bronze Skink (*Eutropis macularius*) belongs to the family Scincidae. Most of the skink eat insects and harmful larvae, they therefore become useful animals for agriculture and forestry. However, up to date, there have been no studies on the genetic diversity of the population of *E. macularius* in the Central Highlands, Vietnam. In this study, partial 16S rDNA sequences were used to investigate the genetic diversity of *E. macularius* individuals from 4 provinces (Kon Tum, Gia Lai, Dak Lak, and Dak Nong). Among 16 sequences of 16S rDNA fragments, 8 distinct haplotypes were defined. The population haplotype diversity (Hd) was generally high for Kon Tum and Gia Lai (0.833); but low for Dak Lak and Dak Nong (0.500). The nucleotide diversity ( $\pi$ ) was relatively low (0.00092 to 0.00277) among Dak Lak, Gia Lai, and Kon Tum; but high (0.02415) for Dak Nong. The genetic distances ranged from 0.14-2.66% among the populations. The results of the neutral test also showed that *E. macularius* populations evolved towards random selection, neutral, population expansion after a recent bottleneck, recent selective sweep, and abundance of rare alleles.

**Keywords:** 16S rDNA, bronze skink, genetic diversity, *Eutropis macularius*, Tay Nguyen.

---

\* Author for correspondence: Tel: +84-988771377; Email: nvbinhsp@hueuni.edu.vn