APPLICATION OF SANGER SEQUENCING TO IDENTIFY SEVERAL SAMPLES OF LIVER-PROTECTING MEDICINAL HERBS

Tran Nguyen Anh Nhung[1], Tran Thi Thu Thao[1], Le Cong Tru[1], Truong Thai Lam Nguyen[1], Do Chau Minh Vinh Tho[1], Nguyen Ngoc Huong[2]

[1]*Can Tho University of Medicine and Pharmacy - No. 17S Nguyen Van Cu Street, Tan An Ward, Can Tho City, Vietnam*
[2]*Vietnam University of Traditional Medicine - 2 Tran Phu, Dai Mo, Hanoi City, Vietnam*

Received: 21/04/2026
Reviced: 24/07/2026; Accepted: 20/08/2026

ABSTRACT

Objective: To evaluate the applicability of DNA barcode markers for the identification of selected hepatoprotective medicinal plants marketed in Can Tho City, Vietnam.

Methods: Five medicinal plant samples, including *Phyllanthus urinaria* (diệp hạ châu), *Curcuma longa* (turmeric), *Centella asiatica* (gotu kola), *Glinus oppositifolius* (rau đắng), and *Senna alata* (muồng trâu), were collected in Can Tho City. Total genomic DNA was extracted and amplified by PCR using three DNA barcode markers (ITS, rbcL, and matK), followed by Sanger sequencing. The obtained sequences were compared with reference sequences in the GenBank database using the BLAST tool for species identification.

Results: All samples were successfully amplified and sequenced. BLAST analysis showed that the obtained sequences shared 99–100% similarity with their corresponding reference sequences in the GenBank database, enabling accurate species-level identification of all medicinal plant samples.

Conclusion: DNA barcoding based on ITS, rbcL, and matK markers combined with Sanger sequencing demonstrated high efficiency in the identification of hepatoprotective medicinal plants. The findings provide preliminary data to support quality control, authentication of plant origin, and the reduction of species misidentification in the medicinal plant market.

Keywords: medicinal plants, diep ha chau, nghe, rau ma, rau dang, muong trau,Sanger, ITS, matK, rbcL, DNA barcoding, Sanger sequencing, species identification.

*Corresponding author
Email: tnanhung@ctump.edu.vn **Phone**: (+84) 976177778 **DOI:** 10.52163/yhc.v67i8.6348

ỨNG DỤNG CÔNG NGHfi GIẢI TRÌNH TỰ SANGER ĐỊNH DANH MỘT SỐ MẪU DƯỢC LIfiU BẢO VỆ GAN

Trần Nguyễn Ánh Nhung[1], Trần Thị Thu Thảo[1], Lê Công Trứ[1], Trương Thái Lam Nguyên[1], Đỗ Châu Minh Vĩnh Thọ[1], Nguyễn Ngọc Hưởng[2]

[1]*Trường Đại học Y Dược Cần Thơ - số 179, đường Nguyễn Văn Cừ, phường Tân An, Thành phố Cần Thơ*
[2]*Học viện Y dược học Cổ truyền Việt Nam - 2 Trần Phú, Đại Mỗ, thành phố Hà Nội, Việt Nam*

Ngày nhận bài: 21/04/2026
Ngày chỉnh sửa: 24/07/2026; Ngày duyệt đăng: 20/08/2026

TÓM TẮT

Mục tiêu: Đánh giá khả năng ứng dụng chỉ thị mã vạch DNA trong định danh một số dược liệu bảo vệ gan đang lưu hành tại thành phố Cần Thơ.

Phương pháp: Năm mẫu dược liệu gồm diệp hạ châu, nghệ, rau má, rau đắng và muồng trâu được thu thập tại thành phố Cần Thơ. DNA tổng số được tách chiết, khuếch đại bằng PCR với ba chỉ thị mã vạch DNA ITS, rbcL và matK, sau đó giải trình tự bằng phương pháp Sanger. Các trình tự thu được được so sánh với cơ sở dữ liệu GenBank bằng công cụ BLAST để xác định loài.

Kết quả: Tất cả các mẫu đều được khuếch đại và giải trình tự thành công. Kết quả phân tích BLAST cho thấy các trình tự thu được có độ tương đồng từ 99–100% với các trình tự tham chiếu tương ứng trên cơ sở dữ liệu GenBank, cho phép định danh chính xác các mẫu dược liệu nghiên cứu ở mức loài.

Kết luận: Phương pháp mã vạch DNA sử dụng các chỉ thị ITS, rbcL và matK kết hợp giải trình tự Sanger cho thấy hiệu quả cao trong định danh dược liệu bảo vệ gan. Kết quả nghiên cứu cung cấp dữ liệu ban đầu phục vụ công tác kiểm soát chất lượng, xác thực nguồn gốc và hạn chế tình trạng nhầm lẫn dược liệu trên thị trường.

Từ khóa: dược liệu, rau má, diệp hạ châu, nghệ, muồng trâu, rau đắng, mã vạch DNA, ITS, matK, rbcL, giải trình tự Sanger, định danh loài, DNA barcoding.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Các cây thuốc có tác dụng bảo vệ gan đã được sử dụng rộng rãi trong y học cổ truyền đặc biệt ở Việt Nam, nhờ lịch sử ứng dụng lâu đời, tính an toàn tương đối cao và khả năng tiếp cận dễ dàng từ nguồn tài nguyên bản địa. Nhiều loài thực vật thuộc các chi khác nhau đã được ghi nhận có hoạt tính hỗ trợ chức năng gan, trong đó phổ biến gồm diệp hạ châu (*Emblica urinaria*, họ Phyllanthaceae), rau má (*Centella asiatica*, họ Apiaceae), nghệ (*Curcuma longa*, họ Zingiberaceae), muồng trâu (*Senna alata*, họ Fabaceae) và rau đắng (*Bacopa monnieri*, họ Plantaginaceae). Các loài này được sử dụng rộng rãi trong dân gian dưới dạng thuốc sắc, cao chiết hoặc thực phẩm chức năng nhằm hỗ trợ điều trị các rối loạn gan mật.

Nhiều nghiên cứu dược lý hiện đại cho thấy tác dụng bảo vệ gan của các dược liệu này liên quan chặt chẽ đến thành phần hoạt chất thứ cấp đa dạng. Ở diệp hạ châu, các lignan đặc trưng như phyllanthin và hypophyllanthin đã được chứng minh có khả năng ổn định màng tế bào gan, ức chế peroxy hóa lipid và hỗ trợ giảm tổn thương gan do độc chất hoặc virus viêm gan. Ngoài ra, các flavonoid và polyphenol trong chi *Phyllanthus* còn góp phần tăng cường hệ thống enzyme chống oxy hóa nội sinh như superoxide dismutase và catalase, qua đó hạn chế stress oxy hóa — một cơ chế quan trọng trong tiến triển bệnh gan mạn tính. Đối với rau má, các hợp chất triterpenoid saponin như asiaticoside, madecassoside và asiatic acid được ghi nhận có tác dụng chống viêm, giảm xơ hóa và thúc đẩy tái tạo mô gan thông qua điều hòa biểu hiện cytokine viêm và ức chế quá trình hoạt hóa tế bào hình sao ở gan. Các hợp chất này đồng thời cải thiện vi tuần hoàn và hỗ trợ quá trình phục hồi tổn thương tế bào gan sau stress oxy hóa. Nghệ là dược liệu nổi bật với hoạt chất chính curcumin, một polyphenol có hoạt tính chống oxy hóa mạnh. Curcumin có khả năng điều hòa nhiều con đường tín hiệu sinh học liên quan đến viêm và chết tế bào, bao gồm ức chế yếu tố phiên mã NF-κB, giảm sản sinh các cytokine tiền viêm và hạn chế tích tụ mỡ trong gan. Nhờ đó, nghệ được nghiên cứu rộng rãi trong hỗ trợ điều trị gan nhiễm mỡ không do rượu, viêm gan và tổn thương gan do hóa chất. Ở muồng trâu, các hợp chất anthraquinone, flavonoid và tannin không chỉ có tác dụng kháng khuẩn mà còn thể hiện khả năng chống oxy hóa và hỗ trợ giải độc gan thông qua việc tăng cường hoạt động enzyme chuyển hóa pha II. Một số nghiên cứu cho thấy dịch chiết từ chi *Senna* có thể làm giảm men gan tăng cao trong mô hình tổn thương gan thực nghiệm, gợi ý tiềm năng ứng dụng trong hỗ trợ bảo vệ gan. Trong khi đó, rau đắng chứa các saponin triterpenoid đặc trưng gọi chung là bacoside, cùng với flavonoid và alkaloid, có khả năng chống oxy hóa mạnh và bảo vệ tế bào khỏi tổn thương do gốc tự do. Các hoạt chất này góp phần ổn định cấu trúc màng tế bào, giảm tích tụ sản phẩm oxy hóa lipid và cải thiện chức năng giải độc của gan.

*Tác giả liên hệ
Email: tnanhung@ctump.edu.vn **Điện thoại**: (+84) 976177778 **DOI:** 10.52163/yhc.v67i8.6348

Mặc dù các dược liệu trên được sử dụng phổ biến, thị trường dược liệu tại Việt Nam, đặc biệt ở các đô thị lớn như Cần Thơ, vẫn tồn tại tình trạng nhầm lẫn hoặc pha trộn nguyên liệu do sự tương đồng về hình thái giữa các loài hoặc do nguyên liệu đã qua sơ chế, làm giảm độ tin cậy trong nhận diện bằng phương pháp hình thái học truyền thống. Sự sai lệch trong định danh có thể dẫn đến giảm hiệu quả điều trị, thậm chí gây nguy cơ mất an toàn cho người sử dụng. Việc nhận dạng loài dựa trên đặc điểm hình thái thường bị ảnh hưởng bởi điều kiện môi trường, giai đoạn sinh trưởng hoặc trạng thái chế biến của mẫu dược liệu. Trong bối cảnh đó, phương pháp DNA barcoding (DNA mã vạch) kết hợp giải trình tự Sanger đã trở thành công cụ hiệu quả trong định danh loài thực vật với độ chính xác cao. Các vùng gen thường được sử dụng cho thực vật gồm *rbc*L, *mat*K, *trn*H-*psb*A và *ITS;* trong đó Hiệp hội Mã vạch Sự sống (Consortium for the Barcode of Life – CBOL) khuyến nghị bộ chỉ thị chuẩn *rbc*L kết hợp *mat*K, đồng thời bổ sung *ITS* khi cần tăng khả năng phân giải giữa các loài gần nhau. Giải trình tự Sanger vẫn được xem là phương pháp chuẩn nhờ độ tin cậy cao, khả năng tái lặp tốt và chi phí phù hợp cho nghiên cứu định danh dược liệu.

Mặc dù đã có một số nghiên cứu giải trình tự dược liệu tại Việt Nam, dữ liệu về các loài dược liệu có tác dụng bảo vệ gan tại khu vực Đồng bằng sông Cửu Long vẫn còn hạn chế. Do đó, nghiên cứu này được thực hiện nhằm định danh năm loài dược liệu phổ biến có tác dụng hỗ trợ chức năng gan được thu thập tại thành phố Cần Thơ bằng phương pháp Sanger kết hợp sử dụng ba chỉ thị gen *ITS*, *rbc*L và *mat*K. Kết quả nghiên cứu kỳ vọng sẽ góp phần xây dựng cơ sở dữ liệu chuẩn cho nhận diện dược liệu, hỗ trợ kiểm nghiệm chất lượng và tăng cường giám sát chuỗi cung ứng dược liệu tại Việt Nam.

2. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng

Mẫu nghiên cứu bao gồm diệp hạ châu, nghệ, rau má, rau đắng, muồng trâu được thu thập ở các địa điểm khác nhau tại thành phố Cần Thơ trong khoản thời gian từ tháng một đến tháng hai năm 2025 được thống kê chi tiết ở bảng 1. Mẫu được thu hái dựa theo mô tả về hình thái được đề cập trong từ điển cây thuốc Việt Nam của tác giả Võ Văn Chi.[2]

Bảng 1. Các mẫu dược liệu được sử dụng trong nghiên cứu

STT	Tên mẫu/ Tên khoa học	Kí hiệu mẫu	Nơi thu thập	Bộ phận thu hái
1	diệp hạ châu (*Phyllanthus*, họ Phyllanthaceae),	HC	Cần Thơ	Cây tươi
2	muồng trâu (*Senna*, họ Fabaceae)	MT	Cần Thơ	Lá tươi
3	nghệ (*Curcuma*, họ Zingiberaceae)	N	Cần Thơ	Lá tươi
4	rau đắng (*Bacopa*, họ Plantaginaceae)	RD	Cần Thơ	Cây tươi
5	rau má (*Centella*, họ Apiaceae)	RM	Cần Thơ	Cây tươi

Ba cặp mồi cho các vùng chỉ thị gen *ITS*, *mat*K, và *rbc*L được tổng hợp bởi OEM với trình tự được trình bày theo bảng 2.[3]

Bảng 2. Trình tự các cặp mồi trong nghiên cứu

STT	Tên mồi	Trình tự mồi	Nhiệt độ bắt cặp (Cº)	Kích thước sản phẩm dự kiến (bp)
1	ITS1_F	5'- TCC GTA GGT GAA CCT GCGG-3'	55	700
2	ITS4_R	5'-TCCTCCGCTTATTGATATG C-3'		
3	matK_390F	5'-CGATCTATTCATTCAA TATTTC-3'	50	1500
4	matK_1326R	5'-TCTAGCACACGAAAGTC GAAGT-3'		
5	rbcL_F	5'-ATGTCACCACAAACAGAG ACTAAAGC-3'	55	600
6	rbcL_R	5'-GTAAAATCAAGTCCA CCRCG-3'		

Kit tách chiết DNA tổng số thực vật (EX-DNA06.1A) được sản xuất bởi KT Biotech. Dung dịch xúc tác phản ứng PCR (MyTaq Mix, 2x) được sản xuất bởi Bioline-Anh. Nước dùng trong phản ứng PCR (DEPC water Bio Basic) được sản xuất bởi Bio Basic-Canada. Thang DNA mẫu 100bp (Fast Gene 100bp DNA Ladder) được sản xuất bởi Nippon-Đức. Dung dịch load mẫu 6X có thuốc nhuộm (SYBR Green 6X loading buffer) được sản xuất bởi Phusa-Việt Nam. Polyme tự nhiên Agarose (Molecular Grade) được phân phối bởi công ty DNA Sequencing-Việt Nam. Dung dịch TAE 50X (Tris-Acetate-EDTA) được sản xuất bởi ABT-Việt Nam.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Ly trích DNA tổng số

Tách chiết DNA tổng số dựa trên quy trình tách chiết DNA bằng cột silica (AccuRive Plant/Food sDNA Prep Kit). Chuẩn bị 0.1g mẫu là lá dược liệu. Nghiền bằng nitơ lỏng cho đến khi mịn, bổ sung 700ul Lysis Buffer và 10ul RNAse, ủ ở nhiệt độ 70ºC, trong thời gian 15 phút để phá vỡ màng tế bào, giải phóng DNA. Ly tâm ở 14.000 rpm trong 5 phút, chuyển dịch nổi sang tube 1.5ml mới. Bổ sung Binding Buffer để tăng nồng độ muối chaotropic tạo điều kiện thuận lợi cho DNA dễ gắn vào màng silica, đảo đều tube hoặc vortex nhẹ. Chuyển toàn bộ hỗn hợp sang cột có đánh dấu tương ứng. Ly tâm cột 12.000 rpm trong 1 phút giúp DNA gắn vào màng silica. Tạp chất không gắn vào màng silica sẽ được loại ra ngoài. Loại protein và polysaccharide bằng 600ul Wash Buffer 1, ly tâm trong 1 phút với 12.000 rpm. Loại tiếp muối chaotropic còn dư bằng Wash Buffer 2 (chứa ethanol), ly tâm ở 12.000 rpm trong 1 phút. Ly tâm thêm 5 phút ở tốc độ 12.000 rpm để loại ethanol và làm khô màng silica hoàn toàn. Đặt cột trên tube sạch, thêm 40ul Elution Buffer, ủ ở nhiệt độ phòng trong 5 phút để DNA tách khỏi silica, ly tâm 12.000 rpm trong 1 phút để thu DNA tinh sạch. Đo nồng độ, độ tinh sạch DNA A260/280 trên máy nanodrop. Bảo quản DNA tinh sạch ở nhiệt độ -20 ºC.

2.2.2. PCR và điện di

Phản ứng PCR được thực hiện với các cặp mồi tương ứng dùng khuếch đại các vùng *ITS*, *mat*K, *rbc*L. Thành phần của 25ul phản ứng PCR được trình bày ở bảng 3 với chu trình nhiệt được trình bày ở bảng 4. Sản phẩm PCR

được phát hiện bởi điện di trên gel agarose 1,2%, nhuộm với SafeView.

Bảng 3. Thành phần phản ứng PCR

Hóa chất	Nồng độ gốc	Thể tích (µL)
BiH2O		9,5
Master mix	2X	12,5
Mồi xuôi	20 µM	0,5
Mồi ngược	20 µM	0,5
DNA	50 ng	2
Tổng		25

Bảng 4. Chu trình nhiệt của phản ứng PCR cho 3 cặp mồi

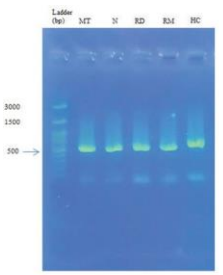
Giai đoạn	Nhiệt độ (°C)	Thời gian	Số chu kỳ
Biến tính ban đầu	95	5 phút	1
Biến tính	95	30 giây	35
Bắt cặp	55/ 50 (ITS,rbcL/matK)	30 giây	
Kéo dài	72	2 phút	
Kéo dài cuối cùng	72	10 phút	1
Trữ mẫu	4		1

2.2.3. Xác định loài

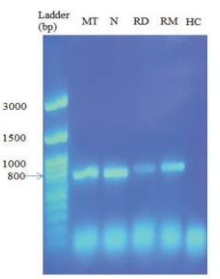
Sản phẩm PCR được gửi đi giải trình tự bằng phương pháp Sanger tại Công ty Cổ phần Phù Sa Genomics. Kết quả giải trình tự được xử lý bằng phần mềm BioEdit và so sánh với trình tự loài trên Cở sở dữ liệu gen NCBI (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast) bằng công cụ BLAST. Loài được xác định dựa trên mức độ tương đồng cao nhất và tỉ lệ độ bao phủ với các loài được công bố.

3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

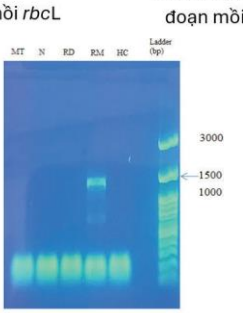
3.1. Kết quả khuếch đại các vùng gen rbcL, matK, và ITS2



Hình 1. Kết quả điện di của sản phẩm PCR với đoạn mồi *rbc*L



Hình 2. Kết quả điện di của sản phẩm PCR với đoạn mồi *ITS*1/ *ITS*4



Hình 3. Kết quả điện di của sản phẩm PCR với đoạn mồi *mat*K

Nhận xét: Chỉ thị *rbc*L bắt cặp thành công trên cả năm mẫu dược liệu với kích thước sản phẩm khoảng 600 bp. Đối với *mat*K, phản ứng PCR thông thường chỉ khuếch đại được rau má với sản phẩm khoảng 1500 bp. Khi sử dụng cặp mồi *ITS*1/*ITS*4, muồng trâu và nghệ tạo băng DNA khoảng 800 bp, trong khi rau má và rau đắng cho sản phẩm dao động 800bp – 900 bp.

3.2. Kết quả giải trình tự gen và phân tích loài

Bảng 5. Mức độ tương đồng của vùng rbcL của mẫu Nghệ nghiên cứu với một số trình tự trên Genbank

Tên dược liệu	Mã số tra cứu trên Genbank	Tên loài	Độ bao phủ	Độ tương đồng	Giá trị E
muồng trâu	JQ301848.1	*Senna alata*	100%	100%	0.0
diệp hạ châu	OK572963.1	*Emblica urinaria*	100%	99.82%	0.0
rau má	PQ331966.1	*Centella asiatica*	100%	99.81%	0.0
rau đắng	NC_047469.1	*Bacopa monnieri*	100%	99.63%	0.0
nghệ	MK109020.1	*Curcuma longa*	100%	99.45%	0.0

Nhận xét: Kết quả tra cứu trình tự trên cơ sở dữ liệu GenBank cho thấy tất cả các mẫu dược liệu đều đạt độ bao phủ 100% so với trình tự tham chiếu. Mức độ tương đồng trình tự cao, dao động từ 99,45% đến 100%, cho phép xác định các mẫu tương ứng với các loài *Senna alata*, *Emblica urinaria*, *Centella asiatica*, *Bacopa monnieri* và *Curcuma longa*. Trong đó, mẫu muồng trâu có độ tương đồng đạt 100%, trong khi các mẫu còn lại có độ tương đồng trên 99%.

4. BÀN LUẬN

4.1. Khếch đại mẫu dược liệu với các cặp mồi

Hiệu quả khuếch đại DNA là bước quyết định đối với độ tin cậy của phương pháp mã vạch DNA. Trong nghiên cứu này, ba chỉ thị *rbc*L, *mat*K và *ITS* được sử dụng nhằm đánh giá khả năng nhận diện năm loài dược liệu bảo vệ gan. Kết quả điện di cho thấy chỉ thị *rbc*L đạt hiệu quả khuếch đại ổn định nhất khi bắt cặp thành công trên toàn bộ năm mẫu với kích thước sản phẩm khoảng 600 bp. Điều này phù hợp với đặc điểm bảo tồn cao của vùng *rbc*L ở thực vật, giúp mồi có khả năng bắt cặp rộng trên nhiều họ khác nhau và thường được khuyến nghị như chỉ thị nền tảng trong định danh thực vật. Ngược lại, hiệu quả của *mat*K và *ITS* có sự khác biệt giữa các loài. Với cặp mồi *mat*K, chỉ một số mẫu như rau má, muồng trâu và nghệ được khuếch đại thành công, trong khi các mẫu còn lại cho tín hiệu yếu hoặc không xuất hiện băng đặc hiệu. Tương tự, cặp mồi *ITS*1/*ITS*4 chỉ khuếch đại được bốn trong năm mẫu; riêng diệp hạ châu không thu được sản phẩm. Sự khác biệt này có thể liên quan đến mức độ đa hình cao của vùng *ITS* và *mat*K, dẫn đến hiện tượng không tương hợp giữa mồi và khuôn DNA ở một số loài. Ngoài ra, chất lượng DNA tách chiết từ dược liệu có nhiều hợp chất thứ cấp cũng có thể ảnh hưởng đến phản ứng PCR. Kết quả trên cho thấy việc lựa chọn chỉ thị phù hợp đóng vai trò quan trọng trong định danh dược liệu. *rbcL* thể hiện ưu thế về tính phổ quát và ổn định, trong khi *ITS* và *mat*K có giá trị bổ sung để tăng độ phân giải ở mức loài nhưng cần tối ưu thêm về điều kiện phản ứng hoặc thiết kế mồi đặc hiệu hơn cho từng nhóm thực vật. Việc phối hợp nhiều

chỉ thị như trong nghiên cứu này là hướng tiếp cận hợp lý nhằm khắc phục hạn chế của từng vùng gen đơn lẻ.

4.2. Giải trình tự gen bằng Sanger và phân tích dữ liệu

Các sản phẩm PCR sau khi được giải trình tự bằng phương pháp Sanger cho dữ liệu có chất lượng tốt, thể hiện qua giá trị độ bao phủ 100% ở tất cả các phép so sánh BLAST và mức độ tương đồng dao động từ 97,06–**100%** với trình tự chuẩn trên GenBank. Nhiều mẫu đạt độ tương đồng rất cao trên 99,5% như *Curcuma aeruginosa* (99,82%), *Emblica urinaria* (99,82%) và *Bacopa monnieri* (99,63%), phù hợp với đặc điểm hình thái ban đầu của các dược liệu thu thập. Điều này khẳng định tính tin cậy của chiến lược kết hợp giải trình tự Sanger với đối chiếu cơ sở dữ liệu quốc tế trong định danh thực vật làm thuốc. Tuy nhiên, nghiên cứu vẫn còn một số hạn chế. Thứ nhất, số lượng mẫu đại diện cho mỗi loài còn ít nên chưa phản ánh được biến dị di truyền nội loài. Thứ hai, việc định danh chủ yếu dựa trên vùng *rbc*L, trong khi *ITS* và *mat*K chưa được giải trình tự đầy đủ cho tất cả mẫu. Việc bổ sung thêm các chỉ thị có độ biến thiên cao hơn như *ITS*2 hoặc *trn*H-*psb*A có thể giúp tăng khả năng phân giải đối với các loài có quan hệ họ hàng gần. Ngoài ra, xây dựng cơ sở dữ liệu trình tự chuẩn cho dược liệu Việt Nam là cần thiết nhằm giảm phụ thuộc vào dữ liệu quốc tế và hỗ trợ hiệu quả cho công tác kiểm nghiệm. Tổng thể, kết quả nghiên cứu chứng minh rằng sử dụng giải trình tự Sanger là công cụ hữu hiệu trong kiểm soát chất lượng dược liệu, đặc biệt trong bối cảnh thị trường còn tồn tại nguy cơ nhầm lẫn loài. Đây là cơ sở khoa học quan trọng cho việc chuẩn hóa nguồn nguyên liệu và bảo vệ sức khỏe người sử dụng.

5. KẾT LUẬN

Nghiên cứu đã tách chiết và khuếch đại thành công các vùng *ITS*, *rbc*L và *mat*K từ năm mẫu dược liệu bảo vệ gan. Giải trình tự Sanger xác định chính xác các loài với độ tương đồng 99–100%, với độ bao phủ là 100%, và giá trị E là 0.0 so với GenBank. Chỉ thị *rbc*L và *ITS* cho hiệu quả ổn định nhất, phù hợp ứng dụng định danh thường quy. Định danh dược liệu bằng giải trình tự gen công cụ tin cậy hỗ trợ chuẩn hóa và giám sát chất lượng dược liệu tại Việt Nam. Cần tiếp tục mở rộng cơ sở dữ liệu trình tự cho các loài dược liệu trong khu vực.

Lời cảm ơn

Nhóm nghiên cứu xin chân thành cảm ơn Trường Đại học Y Dược Cần Thơ đã hỗ trợ kinh phí thực hiện đề tài theo Quyết định giao thực hiện số 1737/QĐ-ĐHYDCT ngày 09 tháng 5 năm 2025 của Trường Đại học Y Dược Cần Thơ.

6. TÀI LIỆU THAM KHẢO

Tài liệu tiếng Việt

[1] Nguyễn Trường Giang, Mai Thị Kim Ngọc, Phan Quang Hương, Huỳnh Hữu Đức, *Đánh giá mối quan hệ di truyền của một số giống gừng*, Hội nghị Công nghệ Sinh học toàn quốc, 2020, tr. 137–142.

[2] Võ Văn Chi.Từ điển cây thuốc Việt Nam. Nhà xuất bản Y học, Hà Nội, 511, 2012.

Tài liệu tiếng Anh

[1] Calixto JB et al. (1998). *A review of the plants of the genus Phyllanthus: their chemistry, 4. pharmacology, and therapeutic potential.* Med Res Rev, 1998, 18(4),tr. 225-58. Doi:10.1002/(sici)1098-1128(199807)18:4<225::aid-med2>3.0.co;2-x

[2] Chen S., Yao H., Han J., Liu C., Song J., Shi L., Luo K., *Validation of the ITS2 region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species*, PLoS One, 2010, 5(1), tr. e8613. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0008613

[3] Hebert P.D.N., Cywinska A., Ball S.L., deWaard J.R., *Biological identifications through DNA barcodes*, Proceedings of the Royal Society B, 2003, 270(1512), tr. 313–321. https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218

[4] Hollingsworth P.M., Graham S.W., Little D.P., *Choosing and using a plant DNA barcode*, PLoS One, 2011, 5(7), tr. 1–8. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0019254.