

**BỘ GIÁO DỤC
VÀ ĐÀO TẠO**

**VIỆN HÀN LÂM KHOA HỌC
VÀ CÔNG NGHỆ VIỆT NAM**

HỌC VIỆN KHOA HỌC VÀ CÔNG NGHỆ



Phạm Mai Phương

**NGHIÊN CỨU MỘT SỐ ĐẶC ĐIỂM SINH THÁI,
ĐA DẠNG DI TRUYỀN QUẦN THỂ VÀ MÔ HÌNH PHÂN BỐ
LOÀI XÁ XỊ (*Cinnamomum parthenoxylon* (Jack) Meisn.) LÀM
CƠ SỞ BẢO TỒN NGUỒN GEN LOÀI Ở VIỆT NAM**

TÓM TẮT LUẬN ÁN TIẾN SĨ SINH HỌC

Ngành: Sinh thái học

Mã số: 9.42.01.20

Hà Nội - 2025

Công trình được hoàn thành tại: Học viện Khoa học và Công nghệ,
Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam.

Người hướng dẫn khoa học:

1. Người hướng dẫn khoa học 1: TS. Vũ Đình Duy
2. Người hướng dẫn khoa học 2: PGS.TS. Nguyễn Văn Sinh

Phản biện 1: GS.TS. Nguyễn Trung Thành

Phản biện 2: PGS.TS. Vũ Tiến Chính

Luận án được bảo vệ trước Hội đồng đánh giá luận án tiến sĩ cấp Học viện, họp tại Học viện Khoa học và Công nghệ - Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam vào hồi 14 giờ 00, ngày 27 tháng 11 năm 2025.

Có thể tìm hiểu luận án tại:

1. Thư viện Học viện Khoa học và Công nghệ
2. Thư viện Quốc gia Việt Nam

MỞ ĐẦU

1. Tính cấp thiết của luận án

Loài Xá xị [*Cinnamomum parthenoxylon* (Jack) Meisn.] là một loài thực vật quý hiếm, có giá trị y học và kinh tế, hiện đang đối mặt với nguy cơ tuyệt chủng do môi trường sống bị suy thoái, khai thác quá mức và khả năng tái sinh tự nhiên hạn chế [6-14]. Trước thực trạng đó, việc ứng dụng các phương pháp nghiên cứu hiện đại, liên ngành nhằm xác định các khu vực có điều kiện sinh thái phù hợp, kết hợp với phân tích đa dạng di truyền (ĐDDT) để làm rõ mối quan hệ giữa các quần thể và khả năng thích nghi của loài là cần thiết. Trên cơ sở đó, nghiên cứu sinh thực hiện luận án: “Nghiên cứu một số đặc điểm sinh thái, đa dạng di truyền quần thể và mô hình phân bố loài Xá xị (*Cinnamomum parthenoxylon* (Jack) Meisn.) làm cơ sở bảo tồn nguồn gen loài ở Việt Nam”, với mục tiêu đánh giá hiện trạng phân bố, xây dựng mô hình phân bố loài và phân tích cấu trúc di truyền các quần thể Xá xị tại Việt Nam. Kết quả nghiên cứu sẽ cung cấp cơ sở khoa học cho chương trình chọn giống, quản lý nguồn gen và đề xuất các giải pháp bảo tồn loài trong điều kiện tự nhiên.

2. Mục tiêu nghiên cứu của luận án

2.1. Mục tiêu chung: Đánh giá, cập nhật hiện trạng phân bố và đa dạng di truyền quần thể và loài Xá xị trong các hệ sinh thái rừng nhiệt đới điển hình, nhằm định hướng không gian ưu tiên bảo tồn thông qua các dự báo biến động của quần thể theo các vùng sinh thái lâm nghiệp trong bối cảnh biến đổi khí hậu tại Việt Nam.

2.2. Mục tiêu cụ thể:

- Điều tra, đánh giá, cập nhật hiện trạng phân bố của loài Xá xị đang bị đe dọa tuyệt chủng ở các vùng sinh thái lâm nghiệp của Việt Nam.
- Xây dựng mô hình phân bố loài dựa trên các dữ liệu địa không gian nhằm dự báo sự biến động các vùng sinh thái phù hợp cho loài Xá xị trong các giai đoạn lịch sử, hiện tại và tương lai.

- Đánh giá đa dạng di truyền ở mức độ quần thể và loài ứng dụng cho chương trình chọn giống và quản lý nguồn gen; đề xuất giải pháp bảo tồn loài Xá xị trong điều kiện tự nhiên.

3. Phạm vi nghiên cứu

3.1. Địa điểm và khu vực nghiên cứu

Địa điểm nghiên cứu: Phục vụ nghiên cứu đặc điểm sinh thái và đa dạng di truyền loài Xá xị, nghiên cứu được thực hiện tại các HST rừng tự nhiên, đại diện cho các Vùng Sinh thái lâm nghiệp (STLN), đó là 9 quần thể thuộc 5 vùng STLN: Hòa Bình (HB) thuộc Vùng STLN Tây Bắc; Vĩnh Phúc (VP), Phú Thọ (PT), Quảng Ninh (QN) thuộc vùng Đông Bắc; Thanh Hóa (TH) thuộc vùng STLN Bắc Trung Bộ; Phú Yên (PY) và Quảng Nam (QNm) thuộc vùng STLN Nam Trung Bộ; Gia Lai (GL) và Lâm Đồng (LD) thuộc vùng Tây Nguyên.

Khu vực nghiên cứu : Phục vụ nghiên cứu mô hình phân bố loài, nghiên cứu đã thu thập các dữ liệu địa không gian (khí hậu, thổ nhưỡng, địa hình, thảm thực vật) từ nguồn dữ liệu có sẵn. Một số vùng hiện nay mặc dù không ghi nhận phân bố của loài nhưng vẫn được xem xét trong phạm vi không gian để dự báo cho khả năng các vùng phân bố tiềm năng đã phù hợp về mặt sinh thái cho loài trong quá khứ hoặc sẽ thích hợp trong tương lai.

3.2. Thời gian nghiên cứu

Từ tháng 11/2022 đến tháng 5/2025, tổng cộng 15 chuyến khảo sát.

4. Nội dung nghiên cứu

- Nội dung 1: Đánh giá hiện trạng phân bố của loài Xá xị trong 5 vùng STLN Việt Nam.
- Nội dung 2: Xây dựng mô hình phân bố loài Xá xị cho các thời kỳ trong quá khứ, hiện tại và tương lai theo các kịch bản biến đổi khí hậu.
- Nội dung 3: Đánh giá mức độ đa dạng và cấu trúc di truyền quần thể và loài Xá xị trong 5 vùng STLN bằng chỉ thị phân tử SSR.
- Nội dung 4: Nghiên cứu đề xuất các giải pháp bảo tồn loài Xá xị trong 5 vùng STLN Việt Nam.

CHƯƠNG 1. TỔNG QUAN TÌNH HÌNH NGHIÊN CỨU

1.1. Tình hình nghiên cứu trên thế giới

Cơ sở khoa học về nghiên cứu thực vật nguy cấp, quý hiếm: Danh sách Đỏ IUCN đánh giá nguy cơ tuyệt chủng của loài dựa trên quy mô quần thể. Công ước CITES kiểm soát buôn bán sinh vật nguy cấp [26]. Mất môi trường sống do nông nghiệp, công nghiệp và khai thác không bền vững làm suy giảm số lượng loài. Biến đổi khí hậu (BĐKH) ảnh hưởng đến phân bố nhiều loài. Chính sách bảo tồn toàn cầu như Công ước đa dạng sinh học đã giúp bảo vệ nguồn lợi sinh vật một cách bền vững.

Nghiên cứu đặc điểm hình thái và sinh thái loài Xá xị và các loài khác trong chi Quế: Chi *Cinnamomum* được đặt tên từ năm 1760 bởi J.C. Schaeffer, thuộc họ Lauraceae. Loài Xá xị (*Cinnamomum parthenoxylon*) có lịch sử phân loại phức tạp với nhiều tên đồng danh được ghi nhận bởi các nhà thực vật học [39]. Lorea-Hernández (1996) là một trong những tác giả đầu tiên xây dựng khóa định danh cho các loài thuộc chi này và nêu bật sự biến thiên hình thái theo điều kiện khí hậu [40]. Kameyama & Nakajima (2018) và Zhou et al. (2021) đã đánh giá ảnh hưởng của môi trường đến sinh trưởng và phân bố của các loài này tại Nhật Bản và Trung Quốc [45, 49].

Nghiên cứu mức độ đa dạng di truyền quần thể và loài Xá xị và các loài khác trong chi Quế: Han và cs. (2024) đã xác định sự đa dạng di truyền cao trong loài *C. cassia* [60]. Zhang và cs. (2021) phát hiện *C. chago* có đa dạng di truyền thấp và hiện tượng cận huyết [61]. Li và cs (2023) và Zhong và cs (2019) phân tích *C. camphora* ở quy mô lớn, cho thấy cấu trúc di truyền gắn với địa lý và ảnh hưởng của biến đổi khí hậu đến phân bố loài. Kameyama và cs (2017) làm rõ sự phân hóa giữa các quần thể cổ thụ ở Nhật Bản, Trung Quốc và Đài Loan. Joy và Maridass (2008) đã đặt nền móng về phân loại di truyền trong chi này [62-65].

Nghiên cứu mô hình phân bố loài phục vụ bảo tồn loài: Getzin và cs (2008) nhấn mạnh vai trò của cả yếu tố nội tại và ngoại sinh trong cấu trúc không gian quần thể [69]. Mô hình Maxent - phát triển từ nguyên lý entropy

tối đa của Jaynes (1957) [77] và chính thức ứng dụng vào mô hình phân bố loài (SDM) bởi Phillips và cs (2006) - đã trở thành công cụ quan trọng nhờ khả năng hoạt động tốt với dữ liệu hiện diện đơn lẻ [78]. Maxent và các thuật toán học máy khác như Random Forest (RF), trong đó RF được đánh giá có hiệu suất cao hơn Maxent trong một số trường hợp [92].

1.2. Tình hình nghiên cứu ở Việt Nam

Cơ sở khoa học về nghiên cứu thực vật nguy cấp, quý hiếm: Chính phủ đã ban hành các chính sách quan trọng như Chỉ thị 194-CT (1986) về hệ thống rừng đặc dụng (RĐD), Luật Lâm nghiệp (2017), và các nghị định như Nghị định 32 để bảo vệ loài nguy cấp [7]. Sách đỏ Việt Nam (2024) đã công bố danh sách gồm 847 loài thuộc 201 họ cần được bảo vệ, thể hiện cam kết mạnh mẽ trong bảo vệ đa dạng sinh học [6].

Nghiên cứu đặc điểm hình thái và sinh thái loài Xá xị và các loài khác trong chi Quế: Phạm Hoàng Hộ (1991, 2003) ghi nhận 43 loài [107], trong khi Nguyễn Kim Đào (2017) nâng tổng số lên 49 loài và 2 thứ, chiếm khoảng 16% tổng số loài chi *Cinnamomum* toàn cầu [109]. Nguyễn Văn Lý (2016) mô tả chi tiết đặc điểm hình thái của 22 loài trong chi [108]. Trần Hợp (2002), Lê Thị Diên và cs (2010) ghi nhận loài phân bố rải rác ở nhiều vùng như Đông Bắc, Bắc Trung Bộ và Tây Nguyên, thường góp phần vào đa dạng sinh học của tầng cây cao trong rừng [15, 111]. Xá xị có tinh dầu chứa hàm lượng Safrole và Methyleugenol cao [114].

Nghiên cứu mức độ đa dạng di truyền quần thể và loài Xá xị và các loài khác trong chi Quế: Hoàng Văn Sâm (2023) và Hà Bích Hồng cùng cs (2021) đã sử dụng trình tự ADN lục lạp (matK, rbcL, trnH-psbA) để giám định loài Xá xị tại năm tỉnh miền Bắc, cho thấy độ chính xác cao và sự tồn tại của các dòng di truyền khác nhau [17, 19]. Hà Văn Huân (2015) và Hà Thị Phúc (2015) sử dụng kỹ thuật RAPD để đánh giá đa dạng di truyền ở *C. camphora* và *C. cassia* [128]. Vũ Đình Duy và cs (2022) cung cấp bằng chứng về tính đa dạng di truyền cao trong quần thể tự nhiên *V. balansae* [132].

Nghiên cứu mô hình phân bố loài phục vụ bảo tồn loài: Các nghiên cứu cho thấy mô hình hỗ trợ hiệu quả trong việc xác định sự phân cách không gian và tiềm năng tách biệt tiến hóa giữa các quần thể. Mô hình cũng đã được ứng dụng trong đánh giá sinh cảnh phù hợp cho các loài quý hiếm. Nghiên cứu về Vù hương *C. balansae* của Đinh Tiến Tài và cs (2022) cho thấy tiềm năng của mô hình SDM trong đánh giá tác động của biến đổi khí hậu đến loài thực vật trong rừng tự nhiên ở Việt Nam [140].

CHƯƠNG 2. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu

Loài Xá xị thuộc chi Quế *Cinnamomum* họ Long não (Lauraceae), là loài cây gỗ có giá trị bảo tồn: Rất nguy cấp (CR A1a,c,d) theo Sách đỏ Việt Nam 2024 [6] và thuộc nhóm IIA trong phụ lục của Nghị định 84/2021/NĐ-CP [7].

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Thu thập số liệu sơ cấp: Thu thập tài liệu về điều kiện tự nhiên, kinh tế-xã hội, nghiên cứu khoa học liên quan.

2.2.2. Nhóm phương pháp ngoại nghiệp

a) Mô tả hình thái: Quan sát các đặc điểm chồi, vỏ và thân cây; chụp ảnh minh họa phục vụ mô tả và đối chiếu với tài liệu chuyên ngành. Việc định danh và phân loại hình thái loài được thực hiện bởi các chuyên gia thực vật học đầu ngành.

b) Nghiên cứu đặc điểm phân bố loài: Mỗi tuyến điều tra 2 bên với bề rộng 20m, xác định vị trí, tần suất gặp loài và mức độ tác động sinh thái. Tổng cộng 110 OTC được thiết lập.

c. Nghiên cứu đặc điểm lâm học của loài: Tại các ô tiêu chuẩn (OTC, diện tích 1000 m²), tiến hành đo đếm toàn bộ cây có $D \geq 6$ cm: xác định tên loài, $D_{1.3}$, chiều cao vút ngọn (H_{vn}), đường kính tán (D_t) và chất lượng sinh trưởng. Đồng thời, mỗi OTC thiết lập 5 ô tái sinh (OTS, diện tích 25 m²) để điều tra cây con tái sinh.

d. Ô mẫu 6 cây: Trong đó một cây Xá xị trung tâm được chọn và các chỉ số sinh trưởng của 6 cây gần nhất được đo đếm.

e. Phương pháp thu thập mẫu sinh học cho phân tích sinh học phân tử: Tổng cộng 208 mẫu lá/vỏ được thu từ 9 quần thể, bảo quản, lưu trữ ở -80°C và -30°C .

2.2.3. Nhóm phương pháp nội nghiệp

a) Phân loại trạng thái rừng: hướng dẫn của Qui phạm Thiết kế Kinh doanh rừng, QPN 6 - 84 có sửa đổi, để tập trung tiến hành phân chia trạng thái rừng cho các sinh cảnh rừng tập trung vào nhóm II, III.

b) Xác định tên cây: Tham khảo tài liệu của Nguyễn Kim Đào (2017).

c) Xác định mật độ tầng cây cao; Tiết diện ngang; Loài ưu thế và công thức tổ thành cây cao: Mật độ tầng cây cao được xác định bằng số cây mỗi hecta, trong khi tiết diện ngang phản ánh kích thước thân cây qua đường kính ngang ngực (DBH). Loài ưu thế trong tầng cây cao được xác định thông qua chỉ số giá trị quan trọng (IVI%), loài đi kèm được phân loại theo tần suất xuất hiện.

2.2.4. Phương pháp xây dựng mô hình phân bố loài

Mô hình sử dụng dữ liệu phân bố loài từ khảo sát thực địa và dữ liệu địa không gian: địa hình, khí hậu, thổ nhưỡng và thảm thực vật. Thuật toán như MaxEnt, Random Forest (RF), Support vector machine (SVM), Classification and regression tree (CART) và Gradient Boosting (Boosting) được triển khai.

Kịch bản khí hậu: Sử dụng kịch bản thời kỳ Last Glacial Maximum (LGM) và thời kỳ Mid-Holocene (MH) của CHELSA phiên bản 1.2; Kịch bản khí hậu trong giai đoạn hiện tại (HT): sử dụng của Worldclim phiên bản 2.1; Kịch bản khí hậu tương lai: ACCESS-CM2, MIROC6, EC-Earth3-Veg, MRI-ESM2-0 (Ký hiệu cho các kịch bản là ACCESS, MIROC6, EC và MRI). Bốn kịch bản phát thải tương ứng với mỗi kịch bản khí hậu là kịch bản phát thải thấp, trung bình, cao, và rất cao, tương ứng là SSP126, SSP245, SSP370 và SSP585 cho các giai đoạn 2061-2080 và 2081-2100.

2.2.5. Phân tích đa dạng di truyền

Tách chiết ARN/ADN tổng số, kiểm tra chất lượng bằng điện di, định lượng bằng máy Nanodrop, giải trình tự mARN bằng NGS, tìm kiếm và thiết kế mồi SSR, thực hiện PCR-SSR, điện di gel polyacrylamide và phân tích kích thước alen bằng Fragment Analyzer.

2.2.6. Phân tích dữ liệu giải trình tự hệ gen phiên mã

Chất lượng trình tự được kiểm tra bằng FastQC, lắp ráp và sàng lọc mồi SSR qua Trimmomatic, Trinity, MISA, Primer. Phân tích đa dạng và cấu trúc quần thể bằng Arlequin, Genepop, STRUCTURE, BOTTLENECK, DAPC, UPGMA và kiểm định HWE, Fst, Mantel test.

2.2.7. Phương pháp tích hợp kết quả đánh giá đa dạng di truyền và mô hình sinh thái phục vụ công tác bảo tồn

Sử dụng phương pháp chồng lớp layer trên phần mềm QGIS xác định các khu vực ưu tiên cho bảo tồn.

CHƯƠNG 3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đặc điểm hiện trạng quần thể Xá xị phân bố trong 5 vùng STLN

3.1.1. Một số đặc điểm hình thái và sinh thái loài Xá xị

Xá xị là loài cây gỗ lớn, thân thẳng hình trụ cao 20-28m, đường kính thân tới 106cm. Thân cây hình trụ thẳng, phần thân dưới thường không có cành vỏ xám hoặc nâu xám đậm có rãnh nứt dọc. Khi bóc vỏ, phần thịt có màu nâu đỏ nhạt và tỏa mùi thơm đặc trưng của tinh dầu Xá xị. Lá mọc cách, hình trứng ngược hoặc trái xoan thuôn. Cụm hoa mọc ở đầu cành hoặc nách lá, hình chùy hoặc tán; hoa trắng vàng, lưỡng tính. Cây ra hoa từ tháng 5-7, đậu quả tháng 7-9, quả chín từ tháng 9-12. Đã xác định 357 cá thể trưởng thành và 373 cây tái sinh.

3.1.2. Cấu trúc rừng nơi có loài Xá xị phân bố

3.1.2.1. Công thức tổ thành tầng cây cao nơi có Xá xị phân bố

Công thức tổ thành tầng cây cao (CTTT) cho thấy tổ thành từ 20 loài (HB, VP và QN), đến 88 loài (GL), trong đó loài cây chiếm ưu thế là Mỡ, Dẻ gai và Táo mặt quỷ...(Bảng 3.1)

Bảng 3.1. Công thức tổ thành tầng cây cao của các sinh cảnh rừng nơi phân bố loài Xá xị

Vùng STLN	Quần thể	Số OTC	Số loài	Số loài trong CTTT	Công thức tổ thành (CTTT)
Tây Bắc	HB	12	20	4	$24,51M + 19,91Dg + 16,11Tmq + 5,02Pm + 34,45Lk$
Đông Bắc	PT	13	38	4	$23,79M + 16,69Dg + 11,59Tmq + 5,74Pm + 42,19Lk$
	VP	14	20	3	$26,05M + 18,33Dg + 13,51Tmq + 42,11Lk$
	QN	10	20	3	$26,49M + 20,54Dg + 12,16Tmq + 40,81Lk$
Bắc Trung Bộ	TH	15	84	3	$13,76M + 13,61Dg + 12,47Tmq + 60,16Lk$
Nam Trung Bộ	PY	10	66	6	$13,97Sm + 12,72Chx + 8,36Trv + 7,01P + 5,43X + 5,13Du + 47,38Lk$
	QNm	10	50	4	$27,6Pm + 15,4Ht + 10,3Ddđ + 5,3Gt + 41,4Lk$
Tây Nguyên	LĐ	12	88	7	$11,1K + 10,4Tđl + 8,9Dg + 8,4Côm + 7,1Gx + 5,6Tđ + 5,01X + 43,49Lk$
	GL	15	92	7	$15,1Ht + 8,5Ct + 5,5Chx + 6,3Bt + 5,6Tđ + 5,2X + 5,0K + 48,8Lk$

(Trong đó: Du: Dung; Dg: Dẻ gai; Ddđ: Dâu da đất; Chx: Chò xót; Ct: Cọng tia; Gt: Gáo trắng; Gx: Giỏi xanh; Ht: Hồng tùng; K: Kháo; M: Mỡ; P: Phay; Pm: Pơ mu; Sm: Sến mật; Tmq: Táo mặt quỷ; Tđl: Thông đà lạt; Tđld: Thông đỏ lá dài; Tđ: Trâm đỏ; Trv: Trâm vối; X: Xá xị; Lk: Loài khác).

3.1.2.2. Mối quan hệ giữa loài Xá xị với loài cây ưu thế trong sinh cảnh rừng

Kết quả chỉ ra 07 loài thường bắt gặp cùng Xá xị (Bảng 3.2).



Hình 3.1. Loài Xá xị ở VQG Tam Đảo, tỉnh Vĩnh Phúc (vỏ, cây tái sinh, cành mang cụm hoa và quả) (Ảnh: Phạm Mai Phương)

Bảng 3.2. Một số loài đặc trưng, sống cùng Xá xị trong các sinh cảnh rừng

Tên loài	TB	ĐB	BTB	NTB	TN	Tổng
<i>C. parthenoxylon</i> (Xá xị)	X	X	X	X	X	5
<i>Fokienia hodginsii</i> (Pơ mu)	X	X	X	X	X	5
<i>Syzygium wightianum</i> (Trâm trắng)	X	X	X	X	X	4
<i>Carallia brachiata</i> (Trúc tiết)	X	X	X		X	4
<i>Choerospondias axillaris</i> (Roxb.) Burtt et Hill.) (Xoan nhừ)	X	X	X		X	4
<i>Hopea odorata</i> Roxb. (Sao đen)	X	X	X		X	4
<i>Manglietia</i> spp. (Mỡ)	X	X	X		X	4

3.1.2.3. Cấu trúc tầng thứ khu vực loài Xá xị phân bố

Thảm thực vật phổ biến là rừng thứ sinh, cây gỗ tầng cao có mật độ thấp với các loài thuộc họ Dẻ (Fagaceae), Ngọc Lan (Magnoliaceae), Chè (Theaceae), Vang/Trinh nữ (Mimosaceae), Đậu (Fabaceae)... Tại Tây Nguyên, đường kính bình quân của rừng cao nhất tới 36,61cm (Bảng 3.3).

Bảng 3.3. Một số đặc trưng cơ bản của loài Xá xị và các loài cây gỗ trong cùng sinh cảnh rừng

Vùng STLN	Tỉnh đại diện	N (cây/ha)		G (m ² /ha)		$\bar{D}_{1,3}$ (cm)	
		Xá xị	Toàn bộ sinh cảnh rừng	Xá xị	Toàn bộ sinh cảnh rừng	Xá xị	Toàn bộ sinh cảnh rừng
Đông Bắc	PT	22	531	0,93	25,69	22,07±6,79	23,54±7,88
	VP	23	573	1,51	35,51	28,29±6,71	26,89±8,13
	QN	19	476	0,78	23,02	21,98±6,60	23,54±7,84
Tây Bắc	HB	20	548	1,03	30,64	24,79±6,31	25,6±7,48
Bắc Trung Bộ	TH	19	518	1,67	27,61	27,85±18,23	25,91±9,63
Nam Trung Bộ	PY	42	594	1,09	25,65	18,2±6,05	24,25±7,12
	QNm	40	578	0,97	23,90	17,6±5,59	23,74±6,15
Tây Nguyên	LĐ	52	605	3,39	35,74	28,9±6,45	30,97±7,55
	GL	53	715	5,34	36,05	35,70±6,94	36,61±8,94

3.1.3. Đặc điểm tái sinh tự nhiên của loài Xá xị và lâm phần nơi có loài Xá xị phân bố

Đã bắt gặp 373 cây tái sinh. Khả năng tái sinh hạt tương đối mạnh mẽ, ở Quảng Nam nhiều hơn các khu vực khác (Bảng 3.4).

3.2. MÔ HÌNH PHÂN BỐ LOÀI XÁ XỊ CHO CÁC THỜI KỲ TRONG QUÁ KHỨ, HIỆN TẠI VÀ TƯƠNG LAI THEO CÁC KỊCH BẢN BĐKH

3.2.1. Thuật toán, tham số môi trường nhằm tối ưu mô hình

3.2.1.1. Tham số đầu vào mô hình phân bố loài

Bộ 4 nhóm tham số môi trường và khí hậu F1-F4 tham gia vào mô hình (Nhóm **F1**: gồm 19 tham số khí hậu, **F2**: gồm loại đất và hàm lượng mùn trong đất, **F3**: thảm thực vật, **F4**: gồm độ cao, độ dốc và hướng phơi địa hình) (Bảng 3.5).

Bảng 3.4. Kết quả điều tra cây Xá xị tái sinh tại các lâm phần

Vùng STLN	Ký hiệu quần thể	Số OTC	Số cây	Chất lượng cây tái sinh (%)			Nguồn gốc (%)		Tỷ lệ cây triển vọng (%)
			Tổng	Tốt	Trung bình	Xấu	Hạt	Chồi	
Đông Bắc	QN	10	55	74,17	25,83	0	95,42	4,58	80,07
	VP	14	47	29,74	70,26	0	96,54	3,46	9,23
	PT	13	32	60,15	39,85	0	94,55	5,45	52,58
Tây Bắc	HB	12	56	22,08	77,92	0	79,31	20,69	49,17
Bắc Trung Bộ	TH	15	33	59,24	40,76	0	81,52	18,48	67,73
Nam Trung Bộ	PY	10	22	62,73	37,27	0	94,1	5,9	40,91
	QNm	10	23	22,81	77,19	0	100	0	26,09
Tây Nguyên	LĐ	12	41	73,17	26,83	0	90,9	9,1	65,85
	GL	15	64	81,88	18,12	0	96,2	3,8	65,63
Tổng		111	373						

3.2.1.2. Lựa chọn thuật toán

Triển khai 11 SDM sử dụng 05 thuật toán học máy, các mô hình được so sánh dựa trên chỉ số đánh giá độ chính xác là AUC (Bảng 3.3). Kết quả thuật toán Random Forest RF cho độ chính xác cao nhất (AUC=0,92).

3.2.2. Vùng sinh thái phù hợp của loài Xá xị ở giai đoạn hiện tại

Kết quả của mô hình thể hiện Xá xị phân bố tự nhiên, chủ yếu ở các vùng STLN: Đông Bắc (Zone II) và Tây Bắc (Zone III), Bắc Trung Bộ (Zone IV), Nam Trung Bộ (Zone V), Tây Nguyên (Zone VI) (Hình 3.5).

Bảng 3.5. Kết quả các mô hình phân bố loài đã được thử nghiệm với các công cụ và bộ tham số môi trường khác nhau

Tên mô hình	Thuật toán	Tham số	Kiểu dữ liệu	AUC
Model-1	RF	F1+F2+F3+F4	Presence-Absence	0,89
Model-2	RF	F1+F2	Presence-Absence	0,86
Model-3	RF	F1	Presence-Absence	0,92
Model-4	Boosting	F1	Presence-Absence	0,86
Model-5	CART	F1	Presence-Absence	0,82
Model-6	SVM	F1	Presence-Absence	0,68
Model-7	Maxent	F1	Presence-Absence	0,64
Model-8	Maxent	F1	Presence	0,74
Model-9	Maxent	F1 + F2	Presence-Absence	0,66
Model-10	Maxent	F1+F2+F3+F4	Presence-Absence	0,63
Model-11	Maxent	F1	Presence Only	0,74

3.2.3. Vùng sinh thái phù hợp của loài Xá xị theo các kịch bản khí hậu

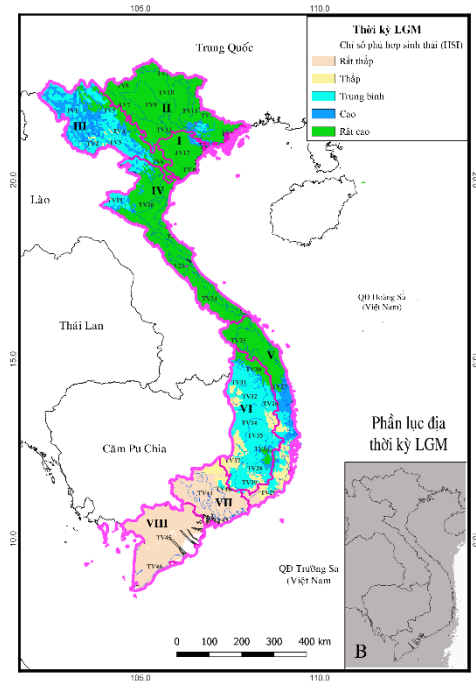
Trong giai đoạn LGM, khu vực phân bố chủ yếu tập trung ở phía Bắc Việt Nam (Hình 3.2). Thời kỳ HT, có sự xuất hiện các khu vực sinh thái thích hợp ở Tây Nguyên, được dự đoán bắt đầu từ thời kỳ chuyển tiếp LGM sang MH (Hình 3.3; 3.4; 3.5). Kịch bản BĐKH thể hiện xu hướng suy giảm diện tích phân bố rõ nét hơn khi mức phát thải gia tăng (Hình 3.4; 3.6).

3.3. ĐA DẠNG DI TRUYỀN VÀ CẤU TRÚC DI TRUYỀN LOÀI XÁ XỊ TRONG 5 VÙNG SINH THÁI LÂM NGHIỆP

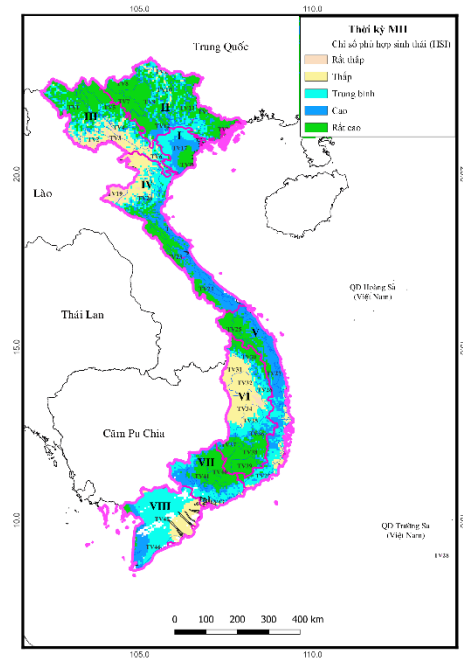
3.3.1. Xây dựng và phát triển bộ chỉ thị phân tử microsatellite (SSR) loài Xá xị ở Việt Nam

3.3.1.1. Đặc điểm hệ gen phiên mã loài Xá xị

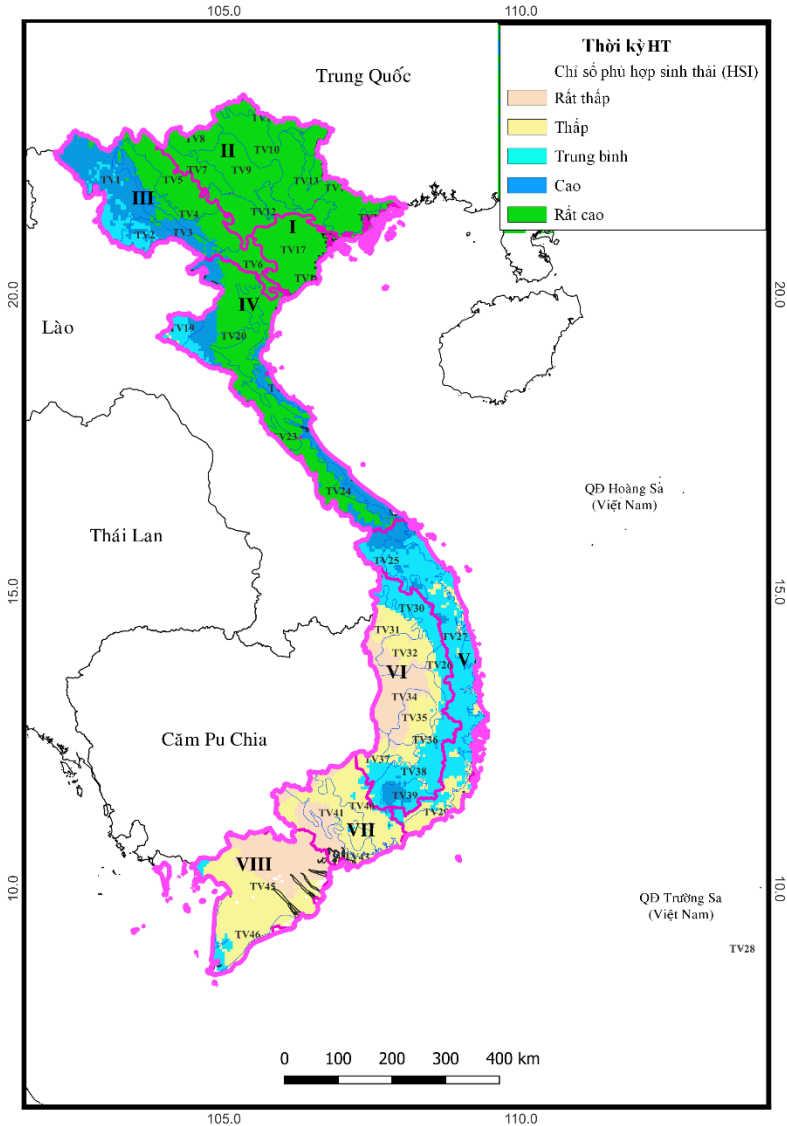
Kết quả lắp ráp cho thấy phần lớn Unigene và Transcripts tập trung ở khoảng 200-400 bp, phản ánh mức độ phân mảnh của dữ liệu lắp ráp. Chỉ số N50 của Transcripts (1.682 bp) cao hơn đáng kể so với Unigene và Contigs, cho thấy quá trình lắp ráp Transcripts đạt chất lượng tốt hơn.



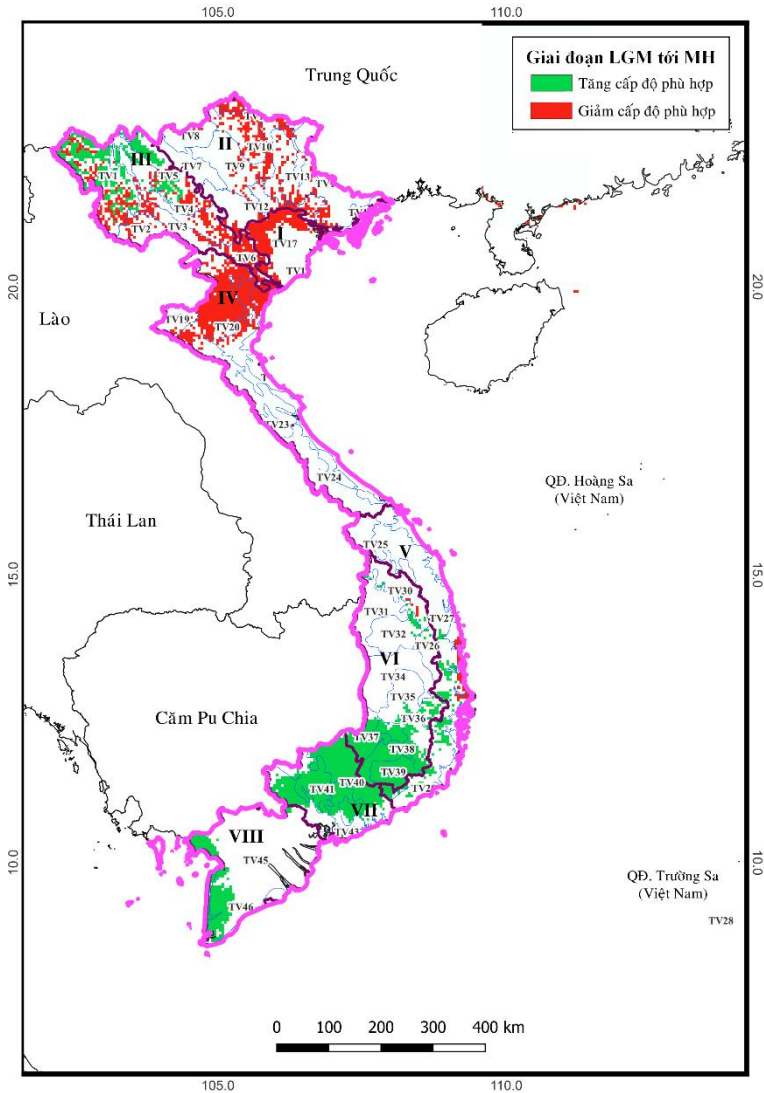
Hình 3.2. Bản đồ phân hạng mức độ phù hợp sinh thái loài Xa xị trong thời kỳ Last Glacial Maximum (LGM)



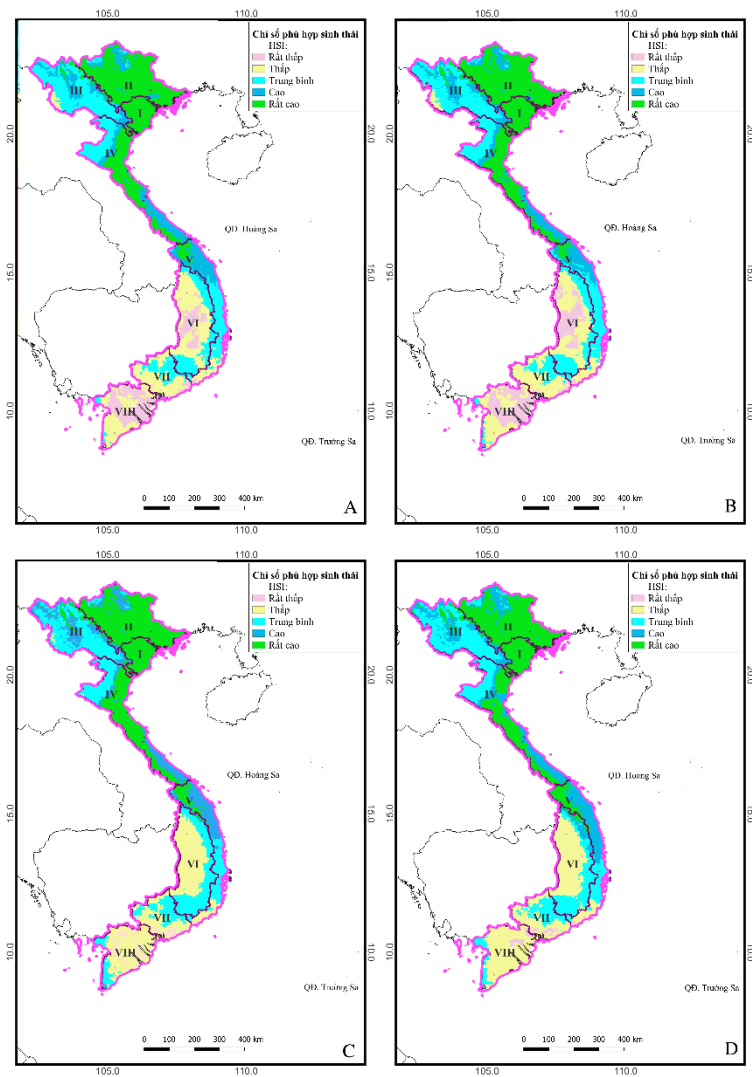
Hình 3.3. Bản đồ phân hạng mức độ phù hợp sinh thái loài Xa xị trong thời kỳ Mid-Holocene (MH)



Hình 3.4. Bản đồ phân hạng mức độ phù hợp sinh thái loài Xá xị trong thời kỳ hiện tại (HT)



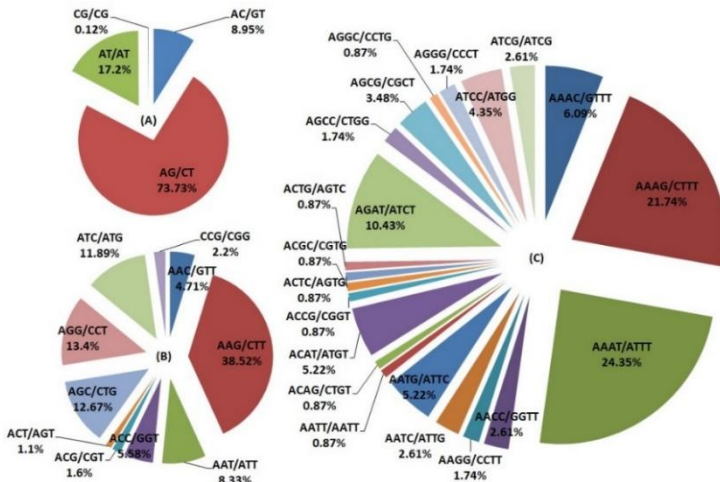
Hình 3.5. Biến động vùng phù hợp sinh thái (HSI cao đến rất cao) cho loài Xá xị giai đoạn Last Glacial Maximum (LGM) tới Mid-Holocene (MH).



Hình 3.6. Bản đồ phân hạng mức độ phù hợp sinh thái loài Xá xị theo các kịch bản phát thải trung bình ACCESS và EC.
(Trong đó, Hình A: Kịch bản ACCESS 245 (2061-2080); Hình B: Kịch bản ACCESS 245 (2081-2100); Hình C: Kịch bản EC 245 (2061-2080); Hình D: Kịch bản EC 245 (2081-2100).

3.3.1.2 Đặc điểm microsatellite (SSR) loài Xá xị

Sử dụng công cụ SSRIT, 12.849 chỉ thị SSR được xác định từ 18.246 đơn vị gen. Số lượng SSR có trong sự hình thành hợp chất là 816; 15 loại penta-nucleotide và 22 loại hexa-nucleotide lặp lại khác nhau được phát hiện (Hình 3.7). Từ các đoạn đơn vị gen (unigene), lựa chọn 134 đoạn trình tự chứa SSR tối ưu; đăng ký trên GenBank (mã số OR536813 đến OR536946).



Hình 3.7. Phân bố các loại trình tự lặp lại (microsatellite) trong hệ gen loài Xá xị

3.3.1.3 Đặc điểm bộ chỉ thị SSR đa hình cho loài Xá xị

Tổng 15 trong số 134 cặp mồi SSR thể hiện đa hình rõ rệt (Bảng 3.4).

3.3.2. Đa dạng di truyền và cấu trúc di truyền loài Xá xị trong 5 vùng STLN

3.3.2.1. Đa dạng di truyền loài Xá xị

Các quần thể Xá xị ở vùng Đông Bắc, Tây Bắc và Bắc Trung Bộ chỉ ra dấu hiệu của giao phối cận huyết. Quần thể Xá xị ở Nam Trung Bộ và Tây Nguyên có giá trị $F_{is} < 0$, chỉ ra sự vượt trội của kiểu gen dị hợp tử, phản ánh trong các quần thể này thụ phấn chéo cao (Bảng 3.5).

Bảng 3.4. Trình tự nucleotide 15 cặp mỗi *SSR* đã hình cho loài *Xá xị*

Tên cặp mỗi SSR	Trình tự nucleotide (5'–3')	Nu lặp lại	Kích thước (bp)	Ta (°C)	Mã số GenBank
PMP01	F: ACAGAAAGTGAACATTCCCGC R: TGCTGAAATGGGTGCTTGTA	(TCACGA)6	120-150	55	OR536945
PMP02	F: CATCCAGTCAACTCCATTG R: CATAGCAAGCCTTCCGAGTC	(AGG)7	105-133	55	OR536868
PMP03	F: CGCGAGTCTGGGTAATAAGC R: GAGAAATGGTGCAGGCAAT	(CTT)8	128-232	55	OR536874
PMP04	F: CAAAGTTACGGGCATGCTTT R: AGTCTCCAAACTCAAGGCCA	(CAG)7	245-259	55	OR536886
PMP05	F: TGCTGTGGCTGATACGAGTC R: AGCACACGAACAACACAAGC	(ATCCG)5	230-260	55	OR536940
PMP06	F: GCAGCCAGAAGTGGAACATT R: ATTTCCCAATTCACACAA	(GTC)7	147-175	55	OR536854
PMP07	F: ATTGTTGGGATTGCCTACTGC R: TCCATCTCTGCCTTTCAAGC	(AT)11	198-220	55	OR536843
PMP08	F: AACAGAATCCAGCCATGGAG R: TGTGGACTTGGGGGAGATA	(GGA)7	105-133	55	OR536901
PMP09	F: TGCAACCACCACAACCTTTCT R: ACTGCCAATCAAGCACTCT	(ATA)7	126-154	55	OR536877
PMP10	F: AAGGGAGTGGAGACAAGGGT R: CAATAGAACTGCCTCGGCA	(AGT)8	192-208	55	OR536855
PMP11	F: AAATCACAAGCATCATCATCA R: AGAGCTGGATTGGGGTCTT	(ACCAC)9	207-234	55	OR536941
PMP12	F: TTGGATTGGAAGTCGGAGAC R: TACGACCTCAACATGTCCA	(GTAT)6	240-258	55	OR536945
PMP13	F: AAAGTCCAGCACAAACACCC R: GGGTGCAGGAATAAGTTCCA	(ACT)7	112-133	55	OR536933
PMP14	F: ATCGAAATGGCGTATCGAAG R: GAGAGAGGAATCGCGATGAG	(TCC)7	168-182	55	OR536882
PMP15	F: TGAGTGCACACCATCTCTTCT R: AACGTTTATTGGCTGTGGC	(CTAGCC)5	180-195	55	OR536946

Trong đó: F là mỗi xuôi; R là mỗi ngược

Bảng 3.5. Đa dạng gen và kiểm tra Bottleneck 9 quần thể Xá xị của 5 vùng STLN Việt Nam

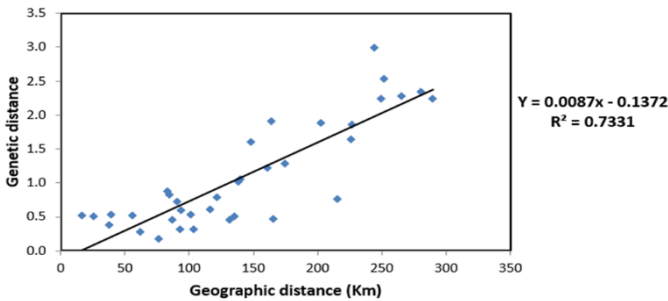
Vùng STLN	QT	N	Na	Ne	P%	Ho	He	Fis	FisIIM	P value of bottleneck	
										TPM	SMM
Tây Nguyên	GL	40	4,13	2,91	93,33	0,58	0,55	-0,14	0,027	ns	ns
	LĐ	31	4,40	2,71	100	0,55	0,54	-0,09	0,010	**	ns
Nam Trung Bộ	QNm	20	3,80	2,21	100	0,50	0,49	-0,03	0,017	ns	ns
	PY	22	2,67	1,85	100	0,68	0,41	-0,64	0,015	ns	ns
Bắc Trung Bộ	TH	20	3,93	2,40	100	0,52	0,54	0,01	0,018	ns	ns
Đông Bắc	VP	19	2,40	1,85	80,00	0,40	0,71	0,71	0,022	*	*
	PT	19	3,13	2,00	100	0,45	0,69	0,40	0,019	ns	ns
	QN	19	2,73	1,84	86,67	0,39	0,50	0,19	0,018	ns	ns
Tây Bắc	HB	18	2,40	1,84	86,67	0,39	0,39	0,01	0,038	ns	ns
Trung bình			3,29	2,18	94,07	0,56	0,47	-0,19	0,02		

Ghi chú: Số mẫu (N), Quần thể (QT), Số alen trong mỗi locus (Na); số alen hiệu quả (Ne); tỉ lệ % locus đa hình (P%); gen dị hợp tử quan sát (Ho); gen dị hợp tử kỳ vọng (He); FisIIM: chỉ số cận noãn được điều chỉnh với alen lặn, mô hình alen không xác định (IAM); mô hình đột biến 2 giai đoạn (TPM); không ý nghĩa (ns); mức ý nghĩa * $P < 0,05$; ** $P < 0,01$.

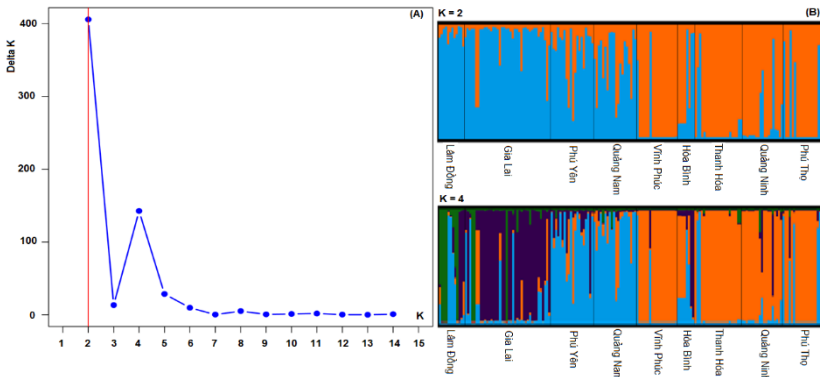
Mô hình đột biến 2 giai đoạn (TPM) và mô hình đột biến từng bước (SMM) chỉ ra quần thể VP xuất hiện dấu hiệu "thắt nút cổ chai" ($p < 0,05$).

3.3.2.2 Cấu trúc di truyền quần thể và kiểm nghiệm Mantel

Tương quan giữa khoảng cách di truyền và khoảng cách địa lý: $r = 0,856$, chứng tỏ có sự tương quan thuận giữa khoảng cách di truyền và khoảng cách địa lý (có giá trị thống kê) (Hình 3.8). Phân tích Structure xác định 02 nhóm di truyền: Nhóm 1 gồm Tây Nguyên và Nam Trung Bộ. Nhóm 2 gồm Bắc Trung Bộ, Tây Bắc, và Đông Bắc (Hình 3.9).



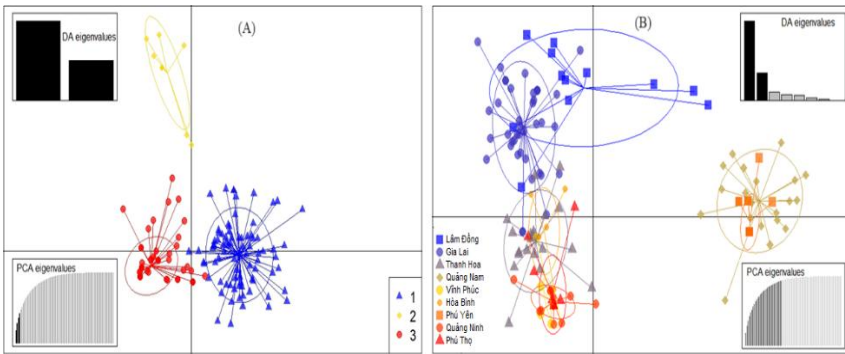
Hình 3.8. Kiểm nghiệm Mantel về khoảng cách di truyền và khoảng cách địa lý của 9 quần thể



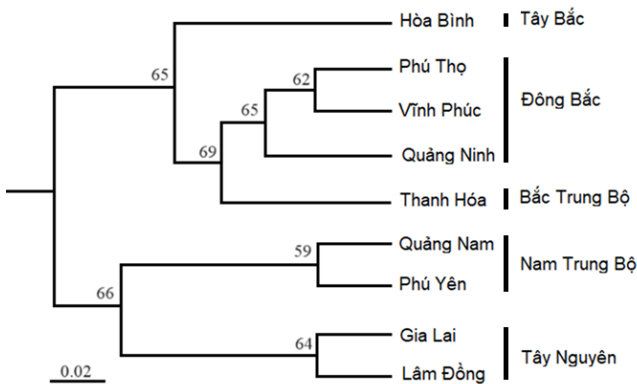
Hình 3.9. Phân bố gen loài Xá xị (Giá trị ΔK lớn nhất với $K=2$) trên cơ sở Bayesian

3.3.2.3. Khoảng cách di truyền giữa các quần thể

Phân cụm di truyền theo phương pháp UPGMA (Hình 3.10) củng cố sự tồn tại của ba nhóm tương ứng với ba vùng địa lý lớn. Nhóm 1 gồm hai quần thể Tây Nguyên - khu vực được biết đến với điều kiện sinh thái khá ổn định và ít bị chia cắt; Nhóm 2 gồm hai quần thể Nam Trung Bộ; Nhóm 3 bao gồm năm quần thể trải rộng từ Bắc Trung Bộ, Tây Bắc đến Đông Bắc (Hình 3.11).



Hình 3.10. Phân tích khác biệt thành phần chính (DAPC) của loài Xá xị.
Biểu đồ DAPC không có thông tin trước (A) và Biểu đồ DAPC
có thông tin trước (B)



Hình 3.11. Quan hệ di truyền giữa 9 quần thể Xá xị trong 5 vùng STLN
Việt Nam trên bằng UPGMA

3.3.3. Nhận định chung về biến động vùng sinh thái phù hợp của loài và các điểm nóng về di truyền

Kết quả mô hình và đánh giá đa dạng di truyền cho 9 QT có sự tương đồng, giải thích sự ra đời nhóm di truyền ở Nam Trung Bộ và Tây Nguyên.

3.4. ĐỀ XUẤT CÁC GIẢI PHÁP BẢO TỒN XÁ XỊ TRONG CÁC VÙNG SINH THÁI LÂM NGHIỆP

3.4.1. Biến động diện tích rừng

Theo số liệu thống kê hàng năm của Cục Lâm nghiệp năm 2003-2023: Gia Lai và Lâm Đồng ghi nhận sự suy giảm diện tích rừng tự nhiên.

3.4.2. Nguyên nhân gây ra biến động diện tích rừng, suy thoái nguồn gen

Ghi nhận các nguyên nhân: (1) Khai thác gỗ; (2) Ô nhiễm môi trường và BĐKH; (3) Khai thác lâm sản trái phép; (4) Khai thác vì mục đích làm cảnh và lấy tinh dầu; (5) Xây dựng các tuyến đường; (6) D lịch; (7) Chăn thả gia súc; (8) Mở rộng đất nông nghiệp; (9) Cháy rừng.

3.4.3. Đề xuất các giải pháp bảo tồn, phục hồi và phát triển loài Xá xị

Giải pháp bảo tồn loài Xá xị đáp ứng yêu cầu Phát triển giống cây lâm nghiệp của Luật Lâm nghiệp 2017: (1) Về phát triển giống cây Xá xị, xây dựng vườn giống chất lượng cao tại các khu vực ĐDDT cao như Tây Nguyên, đồng thời thu thập và lưu giữ nguồn gen từ các khu vực ĐDDT thấp (HB, VP, PY). Nâng cao phẩm chất di truyền, đề xuất chọn lọc và nhân giống cây trội + duy trì khoảng cách địa lý nhằm tăng cường ĐDDT và khả năng chống chịu BĐKH; (2) Về ứng dụng khoa học, Bộ chỉ thị phân tử SSR mà Luận án cung cấp để đánh giá ĐDDT và kiểm định nguồn gốc giống cây. Việc tích hợp mô hình phân bố loài xác định định hướng không gian ưu tiên bảo tồn. Khu vực Tây Nguyên cần kết hợp bảo tồn nguyên vị linh hoạt và chuyển vị chủ động. Các khu vực ĐDDT thấp (HB, PT, VP, QN, PY) tập trung vào bảo tồn chuyển vị. Kết hợp các giải pháp tuyên truyền và giáo dục cộng đồng về vai trò và giá trị của loài.

KẾT LUẬN VÀ KIẾN NGHỊ

Kết luận

1. Hiện trạng phân bố loài Xá xị:

Xá xị có phân bố rải rác khắp các tỉnh từ Bắc vào Tây Nguyên với số lượng 357 cá thể trưởng thành với chiều cao trung bình hơn 20m, đường kính ngang ngực trên 100cm. Loài phân bố đa số ở rừng kín thường xanh mưa mùa nhiệt đới và á nhiệt đới, các khu rừng tự nhiên đã qua khai thác.

Trong cấu trúc tổ thành loài cây của HST rừng nơi có Xá xị phân bố thường bắt gặp các loài Pơ mu, Trâm trắng, Trúc tiết, Xoan nhừ, Mỡ; Vùng Nam Trung Bộ và Tây Nguyên có số lượng loài đa dạng hơn cả.

Loài Xá xị tái sinh tự nhiên bằng chồi kém hơn bằng hạt. Tỷ lệ tái sinh hạt chiếm đa số tổng số cây tái sinh trên tất cả các vùng nghiên cứu.

2. Mô hình phân bố loài trong các giai đoạn lịch sử và dự báo tương lai:

Thuật toán Random Forest được thực hiện trên GEE cho hiệu suất cao hơn so với 4 phương pháp học máy là Maxent, Boosting, SVM, CART. Quần thể ở Tây Nguyên và Nam Trung Bộ là vùng phân bố hiện tại được mở rộng từ giai đoạn thời kỳ LGM tới MH. Mức độ giảm cấp độ phù hợp sinh thái dự báo trong mô hình tương lai (2061-2100), trong đó Tây Nguyên và Nam Trung Bộ là vùng bị ảnh hưởng rõ rệt.

3. Đa dạng di truyền và cấu trúc di truyền loài Xá xị trong 5 vùng STLN:

Tổng cộng có 12.849 đoạn trình tự nucleotide SSR đã được xác định và 134 locus SSR đã được gửi vào GenBank (OR536813-OR536946). Bộ chỉ thị phân tử SSR đa hình mới (15 chỉ thị phân tử SSR).

Nghiên cứu hiện tại cho thấy loài Xá xị hiện duy trì mức độ đa dạng di truyền trung bình và sự khác biệt di truyền thấp giữa các quần thể. Quần thể HB có đa dạng di truyền thấp nhất và quần thể GL và LD cao nhất.

Xác định được 2 nhóm gen: Nhóm 1 gồm Tây Bắc, Đông Bắc, Bắc Trung Bộ; Nhóm 2 gồm Tây Nguyên và Nam Trung Bộ.

4. Bảo tồn loài Xá xị:

Cần đẩy mạnh bảo vệ sinh cảnh rừng nơi loài phân bố, đặc biệt tại Tây Nguyên. Thu thập và xây dựng ngân hàng hạt giống của loài Xá xị từ các cây trội để bảo tồn phát triển bền vững loài Xá xị ở miền Bắc.

Kiến nghị

1. *Bảo tồn loài*: Quản thể ở Tây Nguyên cần được ưu tiên cao cho bảo tồn tại chỗ, thiết lập vườn ươm để tạo cây giống. Kết hợp bảo tồn nguyên vị linh hoạt và chuyển vị chủ động.

2. *Kỹ thuật mô hình hoá*: Mô hình được thực hiện hoàn toàn trên nền tảng Google Earth Engine (GEE), đã tận dụng được các dữ liệu GIS toàn cầu chia sẻ trên Cloud, do đó nâng cao hiệu suất thực hiện mô hình.

3. *Kiến thức về lịch sử tự nhiên của loài*: Nhiều yếu tố có thể ảnh hưởng đến kích thước của một quần thể như hoạt động của con người, các rào cản địa lý và các tương tác sinh học.

4. *Những tồn kiến nghị cần thực hiện các nghiên cứu tiếp theo*: Nâng cao độ chính xác và tính toàn diện của dự báo mô hình. Thực hiện nghiên cứu ĐDDT để khám phá biến thể di truyền và mối liên hệ tiến hóa. Tiến hành theo dõi dài hạn động thái quần thể Xá xị dưới tác động của BĐKH.

NHỮNG ĐÓNG GÓP MỚI CỦA LUẬN ÁN

+ Cập nhật các thông tin về hình thái, sinh thái, đặc điểm phân bố và ĐDDT quần thể và loài Xá xị đang bị đe dọa tuyệt chủng ở Việt Nam theo 5 vùng sinh thái lâm nghiệp;

+ Lần đầu tiên định hướng không gian ưu tiên bảo tồn và phát triển nguồn gen loài Xá xị dựa trên sự kết hợp giữa mô hình phân bố loài và phân tích ĐDDT;

+ Lần đầu tiên xây dựng và phát triển bộ chỉ thị phân tử microsatellite (SSR) đặc hiệu nhằm đánh giá mức độ ĐDDT quần thể, ứng dụng cho chương trình chọn giống và quản lý nguồn gen loài Xá xị trong các HST rừng tự nhiên ở Việt Nam.

DANH MỤC CÔNG TRÌNH CÔNG BỐ LIÊN QUAN ĐẾN LUẬN ÁN

A. BÀI BÁO QUỐC TẾ

1. Pham Mai Phuong, Bui Thi Tuyet Xuan, Vu Dinh Giap, Nguyen Van Sinh, Nguyen Minh Duc, Vu Dinh Duy, 2024, Microsatellite markers reveal genetic diversity and population genetic structure of the threatened Martaban camphor [*Cinnamomum parthenoxylon* (Jack) Meisn], *Biologia plantarum*, 68, pp. 87-96. (SCIE, IF=1.74, Q2).
2. Pham Mai Phuong, Vu Dinh Duy, Bei Cui, Bui Thi Tuyet Xuan, Vu Dinh Giap, Syed Noor Muhammad Shah, 2024, Characterisation of the *Cinnamomum parthenoxylon* (Jack) Meisn (Lauraceae) transcriptome using Illumina paired-end sequencing and EST-SSR markers development for population genetics, *Biodiversity Data Journal*, 12, e123405. (SCIE, IF=1.2, Q2).
3. Pham Mai Phuong, Vu Dinh Duy, Nguyen Thanh Tuan, Nguyen Van Sinh, 2024, Predictive ecological niche model for *Cinnamomum parthenoxylon* (Jack) Meisn.(Lauraceae) from last glacial maximum to future in Vietnam, *Biodiversity Data Journal*, 12, e122325. (SCIE, IF=1.2, Q2).
4. Vu Dinh Duy, Pham Mai Phuong, Dang Ngoc Huyen, Le Xuan Dac, Dang Hung Cuong, Nguyen Huu Thuc, Nguyen Dang Hoi, 2024, Identification and genetic diversity analysis of *Cinnamomum parthenoxylon* (Jack) Meisn species in Song Hinh protection forest, Vietnam based on three chloroplast gene regions, *Biomed Biotechnol Resources Journal*, 8, pp. 415-21. (ESCI, Scopus, Q3).

B. BÀI BÁO TRONG NƯỚC

1. Vu, D. D., Pham, M. P., Bui, T. T. X., Vu, D. G., Nguyen, Q. T., & Hoang, T. T., 2025, Molecular based identification and phylogenetic relationship by using ITS-rDNA and YCF1 gene of *Cinnamomum parthenoxylon* (Jack) Meisn. in Northern Vietnam, *Vietnam Journal of Biotechnology*, 23(3), 369-390.
2. Phạm Mai Phương, Nguyễn Thị Thu Nga, Nguyễn Quốc Khánh, Nguyễn Duy Liêm, Vũ Đình Duy, 2025, Ứng dụng nền tảng điện toán đám mây hỗ trợ xây dựng bản đồ phân hạng thích ứng với biến đổi khí hậu cho loài Xá xị *Cinnamomum parthenoxylon* (Jack) Meisn. ở Tây Nguyên, Việt Nam, *Tạp chí Nông nghiệp và Môi trường*, 12, tr. 88-100.