

**BỘ GIÁO DỤC
VÀ ĐÀO TẠO**

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

HỌC VIỆN KHOA HỌC VÀ CÔNG NGHỆ



Nguyễn Thị Thủy Trâm

**NGHIÊN CỨU ĐẶC ĐIỂM BỘ GENE TY THỂ CỦA MỘT SỐ
LOÀI LINH TRƯỞNG Ở TÂY NGUYÊN**

TÓM TẮT LUẬN ÁN TIẾN SĨ SINH HỌC ỨNG DỤNG

Ngành: Công nghệ sinh học

Mã số: 9 42 02 01

Hà Nội - 2026

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: *PGS. TS. Lê Thành Long, Viện Khoa học Sự sống – Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam*
2. Người hướng dẫn: *PGS. TS. Thái Kế Quân, Đại học Sài Gòn - Ủy ban nhân dân TP HCM*

Phản biện 1: *GS.TS. Đặng Thị Phương Thảo, Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, Đại học Quốc gia TP. Hồ Chí Minh*

Phản biện 2: *TS. Đoàn Chính Chung, Viện Khoa học Sự sống, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam*

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 giờ, ngày tháng năm

Có thể tìm hiểu luận án tại:

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

1 MỞ ĐẦU

Linh trưởng là nhóm động vật có vú có mối quan hệ tiến hóa gần gũi với con người và giữ vai trò quan trọng trong sinh học tiến hóa và bảo tồn đa dạng sinh học. Việt Nam, đặc biệt là khu vực Tây Nguyên, là nơi phân bố của nhiều loài linh trưởng quý hiếm như *Chà vá chân nâu*, *Chà vá chân nâu*, *Chà vá chân đen*, *Khỉ vàng* và *Khỉ mặt đỏ*, nhưng các quần thể đang suy giảm mạnh do mất sinh cảnh và săn bắt trái phép.

Nghiên cứu di truyền, đặc biệt dựa trên ADN ty thể, có ý nghĩa quan trọng trong việc làm rõ mối quan hệ phát sinh loài và hỗ trợ công tác bảo tồn. Tuy nhiên, dữ liệu bộ gene ty thể hoàn chỉnh của linh trưởng Việt Nam còn hạn chế. Vì vậy, luận án được thực hiện nhằm giải trình tự và phân tích bộ gene ty thể của một số linh trưởng ở Tây Nguyên Việt Nam, góp phần bổ sung dữ liệu di truyền và phục vụ nghiên cứu tiến hóa cũng như bảo tồn.

Mục tiêu nghiên cứu

(1) Giải trình tự, lắp ráp và chú giải bộ gene ty thể hoàn chỉnh hoặc các vùng gene ty thể chủ yếu của một số loài linh trưởng phân bố tại khu vực Tây Nguyên Việt Nam. (2) Phân tích và so sánh đặc điểm di truyền ty thể, bao gồm thành phần nucleotide, cấu trúc và tổ chức gene, nhằm đánh giá sai khác trình tự giữa các cá thể nghiên cứu và các dữ liệu đã công bố. (3) Tái dựng mối quan hệ phát sinh loài của các loài linh trưởng dựa trên các chỉ thị di truyền của ty thể và toàn bộ bộ gene ty thể, qua đó làm rõ vị trí phân loại và quan hệ tiến hóa giữa các loài nghiên cứu.

Nội dung nghiên cứu

(1) Thu thập mẫu, tách chiết ADN, xây dựng thư viện và giải trình tự thể hệ mới nhằm thu nhận dữ liệu bộ gene ty thể hoàn chỉnh của một số loài linh trưởng phân bố tại khu vực Tây Nguyên Việt Nam. (2) Lắp ráp, chú giải và phân tích đặc điểm cấu trúc bộ gene ty thể, bao gồm thành phần nucleotide, các gene mã hóa protein, gene *tRNA*, *rRNA*, vùng giàu A+T, các vùng lặp và vùng liên gene. (3) Phân tích, so sánh sai khác trình tự gene ty thể giữa các cá thể nghiên cứu và các trình tự tương đồng đã được công bố trên cơ sở dữ liệu quốc tế. (4) Xây dựng và phân tích cây phát sinh loài dựa trên các chỉ thị di truyền ty thể (*16S rRNA*, *cytochrome b*, *D-loop*) và toàn bộ bộ gene ty thể nhằm làm rõ mối quan hệ tiến hóa giữa các loài linh trưởng nghiên cứu.

Những đóng góp mới của luận án

Về mặt khoa học, luận án cung cấp dữ liệu bộ gene ty thể hoàn chỉnh của một số linh trưởng ở Tây Nguyên Việt Nam, góp phần bổ sung cơ sở dữ liệu di truyền và làm rõ đặc điểm cấu trúc, tổ chức cũng như mối quan hệ phát sinh loài dựa trên chỉ thị ADN ty thể.

Về mặt thực tiễn, các kết quả nghiên cứu cung cấp cơ sở khoa học cho phân loại, so sánh tiến hóa và bảo tồn linh trưởng, đồng thời hỗ trợ công tác quản lý, bảo tồn nguồn gen và xây dựng chiến lược bảo tồn các loài linh trưởng quý hiếm tại Việt Nam.

Chương 1. TỔNG QUAN VẤN ĐỀ NGHIÊN CỨU

1.1. Bối cảnh và sự cần thiết của nghiên cứu bảo tồn Linh trưởng

Linh trưởng là nhóm động vật có vú có vai trò sinh thái và giá trị khoa học quan trọng, góp phần duy trì cấu trúc hệ sinh thái rừng và cung cấp thông tin thiết yếu cho nghiên cứu tiến hóa và sinh học của con người. Tuy nhiên,

trên phạm vi toàn cầu, linh trưởng đang là một trong những nhóm động vật bị đe dọa nghiêm trọng nhất do mất sinh cảnh, săn bắt, buôn bán trái phép và tác động của biến đổi khí hậu.

Việt Nam là một trong những trung tâm đa dạng linh trưởng quan trọng của Đông Nam Á, với nhiều loài đặc hữu và nguy cấp, trong đó các quần thể tại khu vực Tây Nguyên đang suy giảm nhanh chóng. Thực trạng này cho thấy sự cần thiết của các nghiên cứu bảo tồn dựa trên cơ sở khoa học, đặc biệt là nghiên cứu di truyền học phân tử, nhằm làm rõ đặc điểm di truyền, mối quan hệ tiến hóa và hỗ trợ xác định các đơn vị bảo tồn ưu tiên cho linh trưởng tại Việt Nam.

1.1.1. Tầm quan trọng của Linh trưởng và tình trạng đe dọa toàn cầu

Linh trưởng giữ vai trò quan trọng trong hệ sinh thái rừng nhiệt đới, đặc biệt trong phát tán hạt giống, duy trì tái sinh rừng và cân bằng sinh thái. Do có mối quan hệ tiến hóa gần gũi với con người, linh trưởng còn có giá trị khoa học cao trong nghiên cứu sinh học, di truyền và y sinh học.

Tuy nhiên, trên phạm vi toàn cầu, linh trưởng đang là một trong những nhóm động vật bị đe dọa nghiêm trọng nhất do mất sinh cảnh, săn bắt và buôn bán trái phép, cùng với tác động của biến đổi khí hậu. Sự suy giảm nhanh chóng của quần thể linh trưởng làm gia tăng nguy cơ tuyệt chủng, nhấn mạnh sự cần thiết của các nghiên cứu khoa học nhằm hỗ trợ công tác bảo tồn hiệu quả.

1.1.2. Vị thế của Việt Nam trong khủng hoảng bảo tồn Linh trưởng toàn cầu

Việt Nam là một trong những trung tâm đa dạng linh trưởng quan trọng của thế giới, với tỷ lệ đặc hữu cao, đặc biệt ở các loài *chà vá*. Tuy nhiên, nhiều loài linh trưởng tại Việt Nam đang bị đe dọa do mất sinh cảnh, suy thoái rừng và áp lực săn bắt. Trong bối cảnh khủng hoảng bảo tồn linh trưởng toàn cầu, Việt Nam vừa là khu vực ưu tiên bảo tồn vừa đối mặt với nhiều thách thức, cho thấy sự cần thiết của các nghiên cứu di truyền nhằm hỗ trợ công tác bảo tồn linh trưởng hiệu quả và bền vững.

1.2. Vai trò của ADN ty thể trong nghiên cứu phát sinh loài

ADN ty thể là công cụ quan trọng trong nghiên cứu phát sinh loài nhờ di truyền theo dòng mẹ, tốc độ tiến hóa tương đối nhanh và cấu trúc bộ gene ổn định, cho phép phản ánh rõ các sai khác trình tự và lịch sử tiến hóa giữa các nhóm phân loại gần nhau. Các gene ty thể như *16S rRNA*, *cytochrome b* và vùng *D-loop* được sử dụng rộng rãi để phân tích quan hệ phát sinh loài, đánh giá sai khác di truyền và xác định ranh giới loài, qua đó cung cấp cơ sở khoa học quan trọng cho nghiên cứu đa dạng sinh học và bảo tồn.

1.2.1. Đặc điểm cấu trúc và di truyền của bộ gene ty thể

Bộ gene ty thể là một phân tử ADN dạng vòng, kích thước nhỏ, tồn tại độc lập với bộ gene nhân và được di truyền chủ yếu theo dòng mẹ. Ở động vật có xương sống, bộ gene ty thể thường bao gồm 37 gene, trong đó có 13 gene mã hóa protein, 22 gene *tRNA*, 2 gene *rRNA* và một vùng kiểm soát không mã hóa.

Về mặt di truyền, ADN ty thể không xảy ra tái tổ hợp và có tốc độ đột biến tương đối cao so với ADN nhân, cho phép tích lũy các biến dị di truyền theo thời gian. Những đặc điểm này giúp bộ gene ty thể phản ánh rõ lịch sử

tiến hóa và là cơ sở quan trọng cho các nghiên cứu phát sinh loài và so sánh tiến hóa.

1.2.2. Ứng dụng của ADN ty thể trong nghiên cứu Linh trưởng

ADN ty thể được ứng dụng rộng rãi trong nghiên cứu linh trưởng nhằm tái dựng mối quan hệ phát sinh loài, xác định vị trí phân loại và đánh giá mức độ khác biệt di truyền giữa các loài và quần thể. Các vùng gene ty thể như *cytochrome b*, *16S rRNA* và vùng kiểm soát (*D-loop*) cho phép phân giải hiệu quả các mối quan hệ tiến hóa ở nhiều mức độ phân loại khác nhau, từ liên loài đến nội loài.

Bên cạnh đó, ADN ty thể còn được sử dụng để ước tính thời gian phân tách tiến hóa thông qua đồng hồ phân tử, đánh giá đa dạng di truyền và nhận diện các quần thể có nguy cơ suy thoái di truyền cao. Nhờ các đặc tính sinh học thuận lợi, dữ liệu ADN ty thể đóng vai trò quan trọng trong nghiên cứu tiến hóa, bảo tồn và quản lý các loài linh trưởng.

1.3. Tổng quan nghiên cứu ADN ty thể ở Linh trưởng tại Việt Nam và trên thế giới

1.3.1. Tổng quan nghiên cứu ADN ty thể ở Linh trưởng tại Việt Nam

Tại Việt Nam, nghiên cứu ADN ty thể ở linh trưởng đã được triển khai cho một số loài nhằm phục vụ phân loại, đánh giá đa dạng di truyền và nghiên cứu phát sinh loài. Phần lớn các công trình tập trung vào các đoạn gene ty thể riêng lẻ như *cytochrome b*, *16S rRNA* hoặc *D-loop*, góp phần làm rõ mối quan hệ di truyền giữa các loài và quần thể linh trưởng.

Tuy nhiên, các nghiên cứu dựa trên bộ gene ty thể hoàn chỉnh còn rất hạn chế, cả về số lượng loài lẫn phạm vi địa lý, đặc biệt đối với các loài linh trưởng phân bố tại khu vực Tây Nguyên. Sự thiếu hụt dữ liệu hệ thống về hệ gene ty thể đã hạn chế khả năng so sánh tiến hóa và đánh giá đầy đủ mối quan hệ phát sinh loài của linh trưởng Việt Nam, cho thấy nhu cầu cấp thiết của các nghiên cứu bổ sung trong lĩnh vực này.

1.3.2. Tổng quan nghiên cứu ADN ty thể ở Linh trưởng trên thế giới

Trên thế giới, ADN ty thể đã được ứng dụng rộng rãi trong nghiên cứu linh trưởng nhằm làm rõ mối quan hệ phát sinh loài, lịch sử tiến hóa và thời gian phân tách giữa các nhóm phân loại. Các nghiên cứu ban đầu tập trung vào các marker ty thể như *cytochrome b*, *16S rRNA* và vùng kiểm soát (*D-loop*), sau đó mở rộng sang phân tích toàn bộ bộ gene ty thể nhằm nâng cao độ phân giải và độ tin cậy của các cây phát sinh loài.

Nhờ sự phát triển của công nghệ giải trình tự thế hệ mới, nhiều công trình đã sử dụng dữ liệu hệ gene ty thể để giải quyết các vấn đề phân loại phức tạp, làm rõ quan hệ tiến hóa giữa các loài linh trưởng và hỗ trợ nghiên cứu bảo tồn. Những kết quả này đã tạo nền tảng khoa học quan trọng và là cơ sở tham chiếu cho các nghiên cứu về ADN ty thể linh trưởng tại Việt Nam.

1.4. Mục tiêu nghiên cứu

Nghiên cứu nhằm làm rõ đặc điểm di truyền ty thể và mối quan hệ phát sinh loài của một số loài linh trưởng phân bố tại khu vực Tây Nguyên Việt Nam thông qua phân tích bộ gene ty thể hoàn chỉnh. Trên cơ sở đó, luận án hướng tới việc so sánh sai khác trình tự di truyền, xác định vị trí phân loại và

làm sáng tỏ quan hệ tiến hóa giữa các loài linh trưởng nghiên cứu trong bối cảnh so sánh với các dữ liệu đã công bố trên thế giới.

Chương 2. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu

Đối tượng nghiên cứu của luận án là một số mẫu tươi của 5 loài linh trưởng phân bố tại khu vực Tây Nguyên Việt Nam, bao gồm *Chà và chân nâu* (*Pygathrix cinerea*), *chà và chân nâu* (*Pygathrix nemaeus*), *Chà và chân đen* (*Pygathrix nigripes*), *Khỉ mặt đỏ* (*Macaca arctoides*) và *Khỉ vàng* (*Macaca mulatta*).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Tách chiết ADN và giải trình tự

ADN tổng số được tách chiết từ các mẫu tươi của linh trưởng được lưu trữ trong bảo tàng bằng các quy trình tiêu chuẩn nhằm đảm bảo chất lượng và độ tinh sạch cho phân tích di truyền. Sau khi kiểm tra chất lượng, ADN được sử dụng để xây dựng thư viện và tiến hành giải trình tự thế hệ mới, tạo ra dữ liệu trình tự phục vụ cho lắp ráp và phân tích bộ gene ty thể hoàn chỉnh của các loài linh trưởng nghiên cứu.

2.2.2. Lắp ráp bộ gene ty thể

Dữ liệu giải trình tự thu được được xử lý và lắp ráp nhằm tái dựng bộ gene ty thể hoàn chỉnh của các loài linh trưởng nghiên cứu. Quá trình lắp ráp được thực hiện bằng các phương pháp tin sinh học phù hợp, cho phép xác định cấu trúc, trật tự gene và tổ chức bộ gene ty thể, làm cơ sở cho các phân tích di truyền và phát sinh loài tiếp theo.

2.2.3. Phân tích tin sinh học

Các dữ liệu trình tự sau khi lắp ráp được xử lý và phân tích bằng các công cụ tin sinh học nhằm chú giải gene, căn chỉnh trình tự và xác định các đặc điểm di truyền của bộ gene ty thể. Các phân tích bao gồm thành phần nucleotide, cấu trúc và đặc điểm của các gene mã hóa protein, *tRNA*, *rRNA*, cũng như đánh giá các chỉ số di truyền phục vụ cho so sánh và nghiên cứu phát sinh loài.

2.2.4. Phân tích phát sinh loài

Các phân tích phát sinh loài được thực hiện dựa trên dữ liệu trình tự các marker ty thể và toàn bộ bộ gene ty thể nhằm tái dựng mối quan hệ tiến hóa giữa các loài linh trưởng nghiên cứu. Cây phát sinh loài được xây dựng bằng các phương pháp thích hợp, cho phép đánh giá mức độ sai khác di truyền và xác định vị trí phát sinh loài của các cá thể trong bối cảnh so sánh với các loài linh trưởng đã được công bố.

Chương 3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả giải trình tự gene

Quá trình giải trình tự bộ gene ty thể của các cá thể linh trưởng nghiên cứu được thực hiện thành công, tạo ra dữ liệu trình tự có chất lượng cao và độ bao phủ phù hợp cho các phân tích tiếp theo. Kết quả giải trình tự cho phép lắp ráp đầy đủ hoặc gần đầy đủ bộ gene ty thể của các loài nghiên cứu, đảm bảo độ tin cậy trong việc xác định cấu trúc và thành phần gene.

Dữ liệu thu được là cơ sở cho các phân tích chi tiết về tổ chức bộ gene ty thể, đặc điểm trình tự và so sánh di truyền giữa các loài linh trưởng phân

bổ tại khu vực Tây Nguyên Việt Nam, đồng thời phục vụ cho việc xây dựng và phân tích các mối quan hệ phát sinh loài.

3.1.1. Kết quả chuẩn bị thư viện giải trình tự toàn bộ hệ gene

Các thư viện giải trình tự được xây dựng thành công từ ADN của các cá thể linh trưởng nghiên cứu, đáp ứng các tiêu chí về kích thước mảnh, nồng độ và chất lượng cần thiết cho giải trình tự thế hệ mới. Việc chuẩn bị thư viện đồng đều và ổn định giữa các mẫu giúp giảm sai số kỹ thuật, đảm bảo tính so sánh và độ tin cậy của dữ liệu giải trình tự thu được.

3.1.2. Kết quả giải trình tự toàn bộ hệ gene

Giải trình tự thế hệ mới đã tạo ra tập dữ liệu trình tự có chất lượng cao, với độ bao phủ và độ sâu đọc phù hợp, cho phép lắp ráp chính xác bộ gene ty thể của các cá thể linh trưởng nghiên cứu. Các trình tự thu được đảm bảo khả năng nhận diện đầy đủ các gene ty thể và vùng không mã hóa, tạo nền tảng vững chắc cho các phân tích cấu trúc, di truyền và phát sinh loài trong nghiên cứu.

3.2.1. Đặc điểm bộ gene ty thể hoàn chỉnh của *Chà vá chân nâu* (*Pygathrix cinerea*) ở Tây Nguyên Việt Nam

Bộ gene ty thể hoàn chỉnh của cá thể *Chà vá chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam có cấu trúc điển hình của ADN ty thể linh trưởng, với đầy đủ 37 gene và trật tự sắp xếp gene được bảo tồn. Thành phần nucleotide thể hiện xu hướng giàu A+T, đặc biệt ở các gene mã hóa protein và các vùng không mã hóa. Cá thể nghiên cứu tạo thành một nhánh riêng biệt trong các phân tích phát sinh loài, cung cấp dữ liệu di truyền nền tảng cho một cá thể đại diện của loài linh trưởng đặc hữu và nguy cấp tại Việt Nam.

3.2.1.1. Thành phần nucleotide

Bộ gene ty thể của *Chà vá chân nâu* (*Pygathrix cinerea*) thể hiện rõ xu hướng giàu adenine (A) và thymine (T), là đặc điểm phổ biến của ADN ty thể ở linh trưởng. Thành phần nucleotide có sự khác biệt giữa các vùng chức năng, trong đó các gene mã hóa protein và vùng giàu A+T có tỷ lệ A+T cao hơn so với các gene RNA.

Đặc điểm phân bố nucleotide phản ánh các ràng buộc chức năng và tiến hóa của từng vùng gene, đồng thời cho thấy mức độ bảo tồn cao của bộ gene ty thể *Chà vá chân nâu* khi so sánh với các loài *chà vá* khác.

3.2.1.2. Các gene mã hóa protein

Các gene mã hóa protein trong bộ gene ty thể của cá thể *Chà vá chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam có đầy đủ thành phần và trật tự sắp xếp điển hình của linh trưởng, với các codon khởi đầu và kết thúc đặc trưng của ty thể. Trình tự các gene mã hóa protein thể hiện mức độ bảo tồn cao, phản ánh sự ổn định về mặt chức năng của hệ thống phosphoryl hóa oxy hóa. Kết quả này cung cấp dữ liệu protein ty thể nền cho một cá thể đại diện của loài linh trưởng đặc hữu và nguy cấp tại Việt Nam.

3.2.1.3. Vùng giàu A+T

Vùng giàu A+T trong bộ gene ty thể của *Chà vá chân nâu* (*Pygathrix cinerea*) là vùng không mã hóa, có tỷ lệ adenine và thymine cao và giữ vai trò quan trọng trong quá trình sao chép và phiên mã ADN ty thể. So với các vùng mã hóa, vùng này thể hiện mức độ biến đổi trình tự cao hơn, phản ánh áp lực chọn lọc thấp hơn.

Các đặc điểm cấu trúc và mức độ biến thiên của vùng giàu A+T ở *Chà và chân nâu* tương đồng với các loài linh trưởng khác, đồng thời cung cấp thông tin hữu ích cho các phân tích di truyền và phát sinh loài ở cấp độ nội loài và liên loài.

3.2.1.4. Các gene *tRNA* và *rRNA*

Các gene *tRNA* và *rRNA* trong bộ gene ty thể của cá thể *Chà và chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam được xác định đầy đủ và có cấu trúc điển hình của linh trưởng. Phần lớn các gene *tRNA* duy trì cấu trúc bậc hai dạng “lá chẻ ba” ổn định, trong khi các gene *rRNA* có mức độ bảo tồn cao về trình tự. Kết quả này cung cấp dữ liệu nền về hệ gene RNA ty thể cho một cá thể đại diện của loài linh trưởng đặc hữu và nguy cấp tại Việt Nam.

3.2.1.5. Vùng lặp và vùng liên gene

Phân tích bộ gene ty thể của *Chà và chân nâu* cho thấy sự tồn tại của một số vùng gene chùng chéo và các vùng liên gene ngắn, phản ánh đặc điểm tổ chức chặt chẽ của bộ gene ty thể. Các vùng lặp chủ yếu xuất hiện giữa các gene liền kề và có kích thước nhỏ, trong khi các vùng liên gene thường ngắn hoặc không đáng kể.

Mô hình phân bố các vùng lặp và vùng liên gene ở *Chà và chân nâu* tương đồng với các loài *chà và* khác và linh trưởng nói chung, cho thấy tính bảo tồn cao trong tổ chức bộ gene ty thể và chịu sự ràng buộc tiến hóa mạnh.

3.2.1.6. Cây phát sinh loài của *Chà và chân nâu*

Phân tích phát sinh loài dựa trên dữ liệu bộ gene ty thể hoàn chỉnh cho thấy *Chà và chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam được xếp vững chắc trong chi

chà vá, hình thành một nhánh riêng biệt và có quan hệ gần gũi với các loài *chà vá* khác. Vị trí phát sinh loài của *Chà vá chân nâu* phù hợp với phân loại hình thái học và nhất quán với các nghiên cứu di truyền trước đây.

3.2.1.7. Thảo luận

Bộ gene ty thể của *Chà vá chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy bộ gene này mang các đặc điểm điển hình của linh trưởng, với mức độ bảo tồn cao về tổ chức gene và thành phần di truyền. Sự tương đồng với các cá thể *chà vá* khác phản ánh mối quan hệ tiến hóa gần gũi, trong khi các sai khác trình tự đặc trưng góp phần xác định hệ gene ty thể trong vị trí phát sinh loài của *Chà vá chân nâu*. Kết quả này bổ sung dữ liệu di truyền quan trọng và có ý nghĩa cho nghiên cứu tiến hóa và bảo tồn *Chà vá chân nâu* tại Việt Nam.

3.2.2. Đặc điểm bộ gene ty thể hoàn chỉnh của *Khỉ mặt đỏ* (*Macaca arctoides*) ở Tây Nguyên Việt Nam

Bộ gene ty thể của cá thể *Khỉ mặt đỏ* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy sự khác biệt rõ rệt về trình tự nucleotide và tổ chức di truyền so với các cá thể *chà vá*, phản ánh sự phân hóa tiến hóa giữa hai nhóm linh trưởng. Các phân tích phát sinh loài xếp cá thể nghiên cứu ổn định trong nhóm *Khỉ mặt đỏ*, cung cấp dữ liệu di truyền đại diện cho chi khỉ tại khu vực Tây Nguyên Việt Nam.

3.2.2.1. Thành phần nucleotide

Thành phần nucleotide của bộ gene ty thể cá thể *Khỉ mặt đỏ* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy xu hướng giàu A+T tương tự các loài linh trưởng khác, nhưng có sự khác biệt rõ rệt về mô hình phân bố nucleotide khi so sánh với

các cá thể *chà vá*. Sự khác biệt này phản ánh sự phân hóa tiến hóa giữa hai nhóm linh trưởng thuộc các chi khác nhau và góp phần làm rõ mối quan hệ phát sinh loài ở cấp độ liên chi.

Mô hình phân bố nucleotide của *Khỉ mặt đỏ* Tây Nguyên Việt Nam tương đồng với các loài khác trong chi *Macaca*, phản ánh tính bảo tồn cao của bộ gene ty thể và các ràng buộc chức năng trong quá trình tiến hóa.

3.2.2.2. Các gene mã hóa protein

Phân tích các gene mã hóa protein của cá thể *Khỉ mặt đỏ* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy sự khác biệt rõ rệt về trình tự protein ty thể so với các cá thể *chà vá*, phản ánh sự phân hóa tiến hóa giữa hai nhóm linh trưởng thuộc các chi khác nhau. Mặc dù vậy, các gene mã hóa protein vẫn duy trì cấu trúc và chức năng ổn định, cung cấp dữ liệu so sánh quan trọng ở cấp độ liên chi trong các phân tích phát sinh loài.

3.2.2.3. Vùng giàu A+T

Vùng giàu A+T trong bộ gene ty thể của *Khỉ mặt đỏ* Tây Nguyên Việt Nam là vùng không mã hóa, có tỷ lệ A+T cao và liên quan trực tiếp đến quá trình sao chép và phiên mã ADN ty thể. Vùng này có mức độ biến đổi trình tự cao hơn so với các vùng mã hóa và thể hiện sự tương đồng với các loài khác trong chi *Macaca*, cung cấp thông tin hữu ích cho phân tích di truyền và phát sinh loài.

3.2.2.4. Các gene *tRNA* và *rRNA*

Phân tích các gene *tRNA* và *rRNA* của cá thể *Khỉ mặt đỏ* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy sự bảo tồn cao về cấu trúc và trình tự, đồng thời thể hiện

sự khác biệt rõ rệt khi so sánh với các cá thể *chà vá*. Những khác biệt này phản ánh sự phân hóa tiến hóa giữa hai nhóm linh trưởng thuộc các chi khác nhau, đồng thời cung cấp dữ liệu so sánh quan trọng ở cấp độ liên chi trong phân tích phát sinh loài.

3.2.2.5. Vùng lặp và vùng liên gene

Bộ gene ty thể của *Khỉ mặt đỏ* cho thấy sự hiện diện của một số vùng gene chồng chéo và các vùng liên gene ngắn, phản ánh tổ chức bộ gene ty thể chặt chẽ. Kiểu phân bố này tương đồng với các loài khác trong chi *Macaca*, cho thấy tính bảo tồn cao và các ràng buộc tiến hóa mạnh trong cấu trúc bộ gene ty thể.

3.2.2.6. Thảo luận

Phân tích bộ gene ty thể hoàn chỉnh của *Khỉ mặt đỏ* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy bộ gene này mang các đặc điểm điển hình của linh trưởng, với mức độ bảo tồn cao về tổ chức gene và thành phần nucleotide. Sự tương đồng lớn với các loài trong chi *Macaca* phản ánh mối quan hệ tiến hóa gần gũi, trong khi các sai khác trình tự đặc trưng góp phần làm rõ vị trí phân loại và tính đặc thù di truyền của cá thể nghiên cứu. Kết quả này bổ sung dữ liệu di truyền quan trọng và hỗ trợ nghiên cứu tiến hóa, bảo tồn linh trưởng tại Việt Nam.

3.2.3. Đặc điểm bộ gene ty thể hoàn chỉnh của *chà vá chân nâu* (*Pygathrix nemaeus*) ở Tây Nguyên Việt Nam

Phân tích bộ gene ty thể của cá thể *chà vá chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy mức độ bảo tồn cao về cấu trúc bộ gene và thành phần nucleotide, với sự tương đồng lớn so với các trình tự ty thể đã được công bố

trước đây. Các gene mã hóa protein, *tRNA* và *rRNA* đều thể hiện tính ổn định về mặt chức năng. Cá thể này đóng vai trò tham chiếu quan trọng trong so sánh sai khác trình tự và phân tích phát sinh loài giữa các cá thể *chà vá* được nghiên cứu trong luận án.

3.2.3.1. Thành phần nucleotide

Bộ gene ty thể của *chà vá chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam thể hiện rõ xu hướng giàu adenine (A) và thymine (T), là đặc điểm phổ biến của ADN ty thể ở linh trưởng. Thành phần nucleotide có sự khác biệt giữa các vùng chức năng, trong đó các gene mã hóa protein và vùng giàu A+T có tỷ lệ A+T cao hơn so với các gene RNA.

Mô hình phân bố nucleotide của *chà vá chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam tương đồng với các loài *chà vá* khác, phản ánh tính bảo tồn cao của bộ gene ty thể và các ràng buộc chức năng trong quá trình tiến hóa.

3.2.3.2. Các gene mã hóa protein

Các gene mã hóa protein trong bộ gene ty thể của cá thể *chà vá chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy mức độ tương đồng cao với các trình tự đã được công bố trước đây. Các đặc điểm về chiều dài gene, codon khởi đầu/kết thúc và cấu trúc protein được bảo tồn ổn định, cho thấy cá thể nghiên cứu phù hợp làm dữ liệu tham chiếu trong các phân tích so sánh trình tự và phát sinh loài giữa các cá thể *chà vá* trong luận án.

3.2.3.3. Vùng giàu A+T

Vùng giàu A+T trong bộ gene ty thể của *chà vá chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam là vùng không mã hóa, có tỷ lệ adenine (A) và thymine (T) cao và

đóng vai trò quan trọng trong quá trình sao chép và phiên mã ADN ty thể. So với các vùng mã hóa, vùng này thể hiện mức độ biến đổi trình tự cao hơn, phản ánh áp lực chọn lọc thấp hơn.

Các đặc điểm về thành phần nucleotide và mức độ biến thiên của vùng giàu A+T ở *chà vá chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam tương đồng với các loài *chà vá* khác, cho thấy tính bảo tồn chung của vùng này trong bộ gene ty thể linh trưởng, đồng thời cung cấp thông tin hữu ích cho các phân tích di truyền và phát sinh loài ở các mức độ phân loại khác nhau.

3.2.3.4. Các gene *tRNA* và *rRNA*

Các gene *tRNA* và *rRNA* trong bộ gene ty thể của cá thể *chà vá chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy mức độ tương đồng cao với các trình tự đã được công bố trước đây. Cấu trúc ổn định của các gene RNA phản ánh tính bảo tồn mạnh mẽ về mặt chức năng, cho thấy cá thể nghiên cứu phù hợp để làm dữ liệu tham chiếu trong so sánh các đặc điểm RNA ty thể giữa các cá thể *chà vá* trong luận án.

3.2.3.5. Vùng lặp và vùng liên gene

Phân tích bộ gene ty thể của *chà vá chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy sự tồn tại của một số vùng gene chồng chéo và các vùng liên gene ngắn, phản ánh đặc điểm tổ chức chặt chẽ của bộ gene ty thể. Kiểu phân bố các vùng chồng chéo và vùng liên gene ở *chà vá chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam tương đồng với các loài *chà vá* khác, cho thấy tính bảo tồn cao trong tổ chức bộ gene ty thể và các ràng buộc tiến hóa mạnh.

3.2.3.6. Thảo luận

Các kết quả phân tích bộ gene ty thể của *chà vá chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy bộ gene này mang các đặc điểm cấu trúc và di truyền điển hình của linh trưởng, với mức độ bảo tồn cao về tổ chức gene và thành phần nucleotide. Sự tương đồng lớn với các loài *chà vá* khác phản ánh mối quan hệ tiến hóa gần gũi trong chi, trong khi các sai khác trình tự đặc trưng góp phần khẳng định vị trí phát sinh loài và tính đặc thù di truyền của *chà vá chân nâu* Tây Nguyên Việt Nam

3.2.4. Đặc điểm bộ gene ty thể hoàn chỉnh của *Chà vá chân đen* (*Pygathrix nigripes*) Tây Nguyên Việt Nam

Bộ gene ty thể của cá thể *Chà vá chân đen* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy một số sai khác trình tự nucleotide và thành phần axit amin so với các cá thể *chà vá* khác trong nghiên cứu. Các sai khác này tập trung chủ yếu ở các gene mã hóa protein và các vùng không mã hóa. Cá thể nghiên cứu được xếp vào một nhánh phát sinh loài riêng biệt trong nhóm *chà vá*, góp phần làm rõ tính đặc thù di truyền của cá thể được phân tích.

3.2.4.1. Thành phần nucleotide

Thành phần nucleotide của bộ gene ty thể cá thể *Chà vá chân đen* Tây Nguyên Việt Nam vẫn thể hiện xu hướng giàu A+T đặc trưng của ADN ty thể, tuy nhiên đi kèm với các sai khác trình tự ở một số vùng chức năng khi so sánh với các cá thể *chà vá* khác trong nghiên cứu. Điều này cho thấy mặc dù thành phần nucleotide tổng thể được bảo tồn, cá thể *Chà vá chân đen* vẫn mang các đặc điểm di truyền riêng, góp phần làm rõ tính đặc thù của cá thể trong nhóm *chà vá*.

3.2.4.2. Các gene mã hóa protein

Bộ gene ty thể của cá thể *Chà vá chân đen* Tây Nguyên Việt Nam ngoài việc duy trì cấu trúc chung của các gene mã hóa protein còn ghi nhận một số sai khác trình tự nucleotide và axit amin so với các cá thể *chà vá* khác trong nghiên cứu. Những sai khác này tập trung ở một số gene mã hóa protein và góp phần tạo ra các tín hiệu hỗ trợ xác định vị trí phát sinh loài riêng biệt của cá thể này trong nhóm *chà vá*.

3.2.4.3. Vùng giàu A+T

Vùng giàu A+T trong bộ gene ty thể của *Chà vá chân đen* Tây Nguyên Việt Nam là vùng không mã hóa, có tỷ lệ adenine (A) và thymine (T) cao và giữ vai trò quan trọng trong quá trình sao chép và phiên mã ADN ty thể. So với các vùng mã hóa, vùng này thể hiện mức độ biến thiên trình tự cao hơn, phản ánh áp lực chọn lọc thấp hơn và khả năng tích lũy biến dị di truyền.

Các đặc điểm về thành phần nucleotide và mức độ biến thiên của vùng giàu A+T ở *Chà vá chân đen* Tây Nguyên Việt Nam tương đồng với các loài *chà vá* khác, đồng thời cung cấp tín hiệu di truyền hữu ích cho các phân tích so sánh và phát sinh loài ở các mức độ phân loại khác nhau.

3.2.4.4. Các gene *tRNA* và *rRNA*

Phân tích các gene *tRNA* và *rRNA* của cá thể *Chà vá chân đen* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy nhìn chung các gene này được bảo tồn cao, tuy nhiên vẫn ghi nhận một số sai khác nhỏ về trình tự hoặc cấu trúc dự đoán của *tRNA* so với các cá thể *chà vá* khác. Những sai khác này, dù không ảnh hưởng đến chức năng chung, góp phần làm rõ tính đặc thù di truyền của cá thể được nghiên cứu trong nhóm *chà vá*.

3.2.4.5. Vùng chồng chéo và vùng liên gene

Bộ gene ty thể của *Chà vá chân đen* Tây Nguyên Việt Nam có một số vùng gene chông chéo và các vùng liên gene ngắn, phản ánh tổ chức bộ gene ty thể chặt chẽ và tiết kiệm không gian. Kiểu tổ chức này tương đồng với các cá thể *chà vá* khác, cho thấy tính bảo tồn cao và các ràng buộc tiến hóa mạnh trong cấu trúc hệ gene ty thể.

3.2.4.6. Thảo luận

Các kết quả phân tích bộ gene ty thể của *Chà vá chân đen* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy bộ gene này mang các đặc điểm điển hình của linh trưởng, với mức độ bảo tồn cao về tổ chức gene, thành phần nucleotide và chức năng protein. Sự tương đồng lớn với *Chà vá chân nâu* và *chà vá chân nâu* phản ánh mối quan hệ tiến hóa gần gũi trong nhóm chà vá, trong khi các sai khác trình tự và thành phần axit amin đặc trưng góp phần làm rõ vị trí phát sinh loài của *Chà vá chân đen*. Kết quả này khẳng định giá trị của dữ liệu bộ gene ty thể hoàn chỉnh trong nghiên cứu phát sinh loài và bảo tồn *Chà vá chân đen* Tây Nguyên Việt Nam.

3.2.5. Đặc điểm bộ gene ty thể hoàn chỉnh của *Khỉ vàng (Macaca mulatta)* Tây Nguyên Việt Nam

Bộ gene ty thể của cá thể *Khỉ vàng* Tây Nguyên Việt Nam có mức độ tương đồng cao với các trình tự *Khỉ vàng* đã được công bố trên thế giới, cho thấy độ tin cậy của dữ liệu giải trình tự và phân tích. Cá thể này được xếp vững chắc trong nhóm *Khỉ vàng* trên cây phát sinh loài và đóng vai trò chuẩn hóa trong các phân tích phát sinh loài tổng thể của luận án.

3.2.5.1. Thành phần nucleotide

Phân tích thành phần nucleotide của bộ gene ty thể cá thể *Khỉ vàng* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy xu hướng giàu A+T và mô hình phân bố nucleotide tương đồng cao với các trình tự *Khỉ vàng* đã được công bố trên thế giới. Kết quả này khẳng định độ tin cậy của dữ liệu giải trình tự và cho thấy cá thể nghiên cứu phù hợp để sử dụng như một điểm chuẩn trong các phân tích so sánh và phát sinh loài của luận án.

3.2.5.2. Các gene mã hóa protein

Các gene mã hóa protein của cá thể *Khỉ vàng* Tây Nguyên Việt Nam có mức độ tương đồng cao với các trình tự *Khỉ vàng* đã được công bố trên thế giới. Sự ổn định về trình tự và cấu trúc protein khẳng định độ tin cậy của dữ liệu giải trình tự và cho phép sử dụng cá thể này như một chuẩn kiểm chứng trong các phân tích so sánh và xây dựng cây phát sinh loài của luận án.

3.2.5.3. Các gene *tRNA* và *rRNA*

Các gene *tRNA* và *rRNA* trong bộ gene ty thể của cá thể *Khỉ vàng* Tây Nguyên Việt Nam có mức độ tương đồng cao với các trình tự *Khỉ vàng* đã được công bố trên thế giới. Sự bảo tồn về cấu trúc và trình tự của các gene RNA ty thể khẳng định độ tin cậy của dữ liệu giải trình tự và cho phép sử dụng cá thể này như một chuẩn kiểm chứng trong các phân tích phát sinh loài của luận án.

3.2.5.4. Vùng lặp và vùng liên gene

Phân tích bộ gene ty thể của *Khỉ vàng* Tây Nguyên Việt Nam cho thấy sự hiện diện của một số vùng gene chồng chéo và các vùng liên gene ngắn, phản ánh tổ chức bộ gene ty thể chặt chẽ và tiết kiệm không gian. Kiểu tổ

chức này tương đồng với *Khi mặt đỏ* và các cá thể *chà vá*, cho thấy tính bảo tồn cao và các ràng buộc tiến hóa mạnh trong cấu trúc bộ gene ty thể.

3.2.5.5. Vị trí phát sinh loài của *Khi vàng*

Phân tích phát sinh loài dựa trên dữ liệu bộ gene ty thể hoàn chỉnh cho thấy *Khi vàng* Tây Nguyên Việt Nam được xếp vững chắc trong nhóm *Khi vàng*, tạo thành một nhánh rõ ràng trong chi *Khi*, phù hợp với phân loại hình thái học và các nghiên cứu di truyền trước đây. Kết quả này khẳng định độ tin cậy của dữ liệu bộ gene ty thể trong việc làm rõ quan hệ phát sinh loài của *Khi vàng* trong nhóm linh trưởng Cựu Thế giới.

3.2.5.6. Thảo luận

Bộ gene ty thể của *Khi vàng* Tây Nguyên Việt Nam mang các đặc điểm điển hình của linh trưởng, với mức độ bảo tồn cao về tổ chức gene, thành phần nucleotide và chức năng protein. Sự tương đồng lớn với *Khi mặt đỏ* và các cá thể *Khi vàng* khác phản ánh mối quan hệ tiến hóa gần gũi, trong khi một số sai khác trình tự đặc trưng giúp làm rõ vị trí phát sinh loài của cá thể nghiên cứu. Kết quả này khẳng định giá trị của dữ liệu bộ gene ty thể hoàn chỉnh trong nghiên cứu phát sinh loài và bảo tồn *Khi vàng* tại Tây Nguyên Việt Nam.

3.3. Phân tích sai khác trình tự ty thể phục vụ nghiên cứu phát sinh loài

Phân tích các marker ADN ty thể (*16S rRNA*, *cytochrome b* và vùng *D-loop*), kết hợp với dữ liệu bộ gene ty thể hoàn chỉnh, cho thấy sai khác trình tự nội loài thấp nhưng sai khác giữa các loài linh trưởng ở Tây Nguyên Việt Nam rõ ràng, với các biến dị chủ yếu tập trung ở các gene mã hóa protein và

vùng *D-loop*. Các cây phát sinh loài dựa trên các sai khác này đã phân tách rõ ràng các cá thể nghiên cứu theo đúng ranh giới loài, trong đó nhóm *chà vá* tạo thành một clade riêng biệt, tách biệt với nhóm khi, khẳng định hiệu quả của dữ liệu ADN ty thể trong nghiên cứu phát sinh loài.

3.3.1. Phân tích sai khác trình tự gene *16S rRNA* và mối quan hệ phát sinh loài

Phân tích sai khác trình tự gene *16S rRNA* cho thấy mức độ biến đổi thấp giữa các cá thể, phản ánh tính bảo tồn cao của gene này. Mặc dù khả năng phân giải ở cấp độ nội loài còn hạn chế, dữ liệu *16S rRNA* vẫn cho phép phân tách rõ ràng các nhóm loài linh trưởng và hỗ trợ xác định mối quan hệ phát sinh loài ở mức độ liên loài.

3.3.2. Phân tích sai khác trình tự gene *cytochrome b* và mối quan hệ phát sinh loài

Gene *cytochrome b* thể hiện mức độ sai khác trình tự cao hơn so với *16S rRNA*, đặc biệt ở các vị trí mã hóa axit amin, cho thấy khả năng phân giải tốt hơn trong nghiên cứu phát sinh loài. Các cây phát sinh loài dựa trên gene này phân tách rõ ràng các loài linh trưởng nghiên cứu, phù hợp với phân loại hình thái học và các nghiên cứu di truyền trước đây.

3.3.3. Phân tích sai khác trình tự gene *D-loop* và mối quan hệ phát sinh loài

Gene *D-loop* thể hiện mức độ biến thiên trình tự cao nhất trong các marker ty thể được phân tích, phản ánh áp lực chọn lọc thấp và khả năng tích lũy biến dị nhanh. Dữ liệu *D-loop* cho phép phân biệt rõ ràng giữa các loài

và cung cấp thông tin hữu ích cho nghiên cứu đa dạng di truyền và phát sinh loài ở các mức độ phân loại khác nhau.

3.3.4. Mối quan hệ phát sinh loài của các cá thể linh trưởng khu vực Tây Nguyên Việt Nam

Phân tích phát sinh loài tổng hợp dựa trên dữ liệu nhiều gene ty thể cho thấy các cá thể linh trưởng nghiên cứu được xếp vững chắc vào các nhóm loài tương ứng, hình thành các nhánh đơn ngành với giá trị hỗ trợ cao. Nhóm *chà vá* tạo thành một clade riêng biệt, tách biệt rõ ràng với nhóm khỉ, phản ánh mối quan hệ tiến hóa phù hợp với phân loại hiện hành.

3.3.5. Thảo luận

Các kết quả phân tích sai khác trình tự ty thể cho thấy sự khác biệt rõ ràng giữa các marker, trong đó *16S rRNA* có tính bảo tồn cao, *cytochrome b* có khả năng phân giải tốt, và *D-loop* thể hiện mức độ biến thiên cao nhất. Việc kết hợp nhiều marker ty thể đã nâng cao độ tin cậy trong phân tích phát sinh loài, đồng thời khẳng định giá trị của dữ liệu ADN ty thể trong nghiên cứu tiến hóa và bảo tồn linh trưởng tại khu vực Tây Nguyên Việt Nam.

Kết luận và kiến nghị

Kết luận

Kết quả nghiên cứu cho thấy bộ gene ty thể của các linh trưởng nghiên cứu (*Chà vá chân nâu*, *chà vá chân nâu*, *Chà vá chân đen*, *Khỉ mặt đỏ* và *Khỉ vàng*) đều mang cấu trúc điển hình của linh trưởng, với đầy đủ 37 gene, trật tự gene được bảo tồn cao và tổ chức bộ gene chặt chẽ. Thành phần nucleotide có xu hướng giàu A+T, đặc biệt ở các gene mã hóa protein và

vùng không mã hóa, trong khi các gene *tRNA* và *rRNA* có mức độ bảo tồn cao; các gene mã hóa protein và thành phần axit amin phản ánh tính ổn định chức năng của hệ gene ty thể.

Phân tích vùng giàu A+T, vùng chông chéo và vùng liên gene cho thấy các mức độ biến thiên khác nhau giữa các vùng chức năng, cung cấp tín hiệu di truyền hữu ích cho so sánh và phân biệt các loài linh trưởng. Phân tích phát sinh loài dựa trên dữ liệu bộ gene ty thể hoàn chỉnh và các marker ty thể đã phân tách rõ ràng các cá thể theo đúng ranh giới loài, phù hợp với phân loại hình thái học và các nghiên cứu trước đây.

Nhìn chung, luận án đã bổ sung dữ liệu bộ gene ty thể hoàn chỉnh của linh trưởng Việt Nam, góp phần làm rõ đặc điểm di truyền, mối quan hệ phát sinh loài và cung cấp cơ sở khoa học quan trọng cho nghiên cứu tiến hóa và bảo tồn linh trưởng tại khu vực Tây Nguyên Việt Nam.

Kiến nghị

Cần tiếp tục mở rộng nghiên cứu với số lượng cá thể lớn hơn và phạm vi phân bố rộng hơn để đánh giá đầy đủ đa dạng di truyền của linh trưởng tại Việt Nam. Việc kết hợp dữ liệu ADN ty thể với dữ liệu gene nhân sẽ giúp nâng cao độ phân giải trong nghiên cứu phát sinh loài. Các dữ liệu di truyền thu được nên được sử dụng như cơ sở khoa học phục vụ công tác bảo tồn và quản lý bền vững các loài linh trưởng tại khu vực Tây Nguyên Việt Nam.

**DANH MỤC CÁC BÀI BÁO ĐÃ XUẤT BẢN
LIÊN QUAN ĐẾN LUẬN ÁN**

1. Mai Thi Phuong Nguyen† & **Tram Thi Thuy Nguyen**†, Tung Thanh Ha, Chi Nguyen Quynh Ho, Cuong Phan Minh Le, Huy Nghia Quang Hoang, Quynh Thi Nhu Nguyen, Tao Thien Nguyen, Dung Tri Luu, Khoa Dang Dang, Quan Ke Thai and Long Thanh Le*. (2024). Characterization of the Complete Mitochondrial Genome of the Central Highland Grey-Shanked Douc Langur (*Pygathrix cinerea*), a Critically Endangered Species Endemic to Vietnam (Mammalia: Primates). *Curr Issues Mol Biol* 46(9): 9928-9947. <https://doi.org/10.3390/cimb46090592>
2. **Tram Thi Thuy Nguyen**, Chi Nguyen Quynh Ho, Cuong Phan Minh Le, Nhan Lu Chinh Phan, Loan Tung Dang, Quan Ke Thai, Mai Thi Phuong Nguyen, Phuc Bui Tran, Long Thanh Le, Vu Quang Manh. (2025). The complete mitochondrial genome of the Vietnamese *macaca mulatta*. *Natural history* 126(3): 2-20. <https://doi.org/10.59879/11a6i>
3. **Nguyen Thi Thuy Tram**, Le Thanh Long, Ho Nguyen Quynh Chi, Phan Lu Chinh Nhan, Ha Thanh Tung, Dang Thi Tung Loan, Nguyen Thi Phuong Mai (2025) Analysis of the complete mitochondrial genome of Vietnamese *Pygathrix nigripes*. *Vietnam Journal of Biotechnology* 23(1): 25-39. DOI: 10.15625/vjbt-21785