

MÔ TẢ MỘT SỐ ĐẶC ĐIỂM HÌNH THÁI VÀ CHUẨN HÓA TÊN KHOA HỌC CHO CÂY SONG MAI DỰA TRÊN MÃ VẠCH ADN

Lê Thị Tuyết Châm¹, Mao Saven¹, Hoàng Đăng Dũng², Đoàn Thu Thủy^{1*}

¹*Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam*

²*Trung tâm Nông nghiệp sinh thái và Đào tạo nghề, Học viện Nông nghiệp Việt Nam*

*Tác giả liên hệ: doanthuy@vnua.edu.vn

Ngày nhận bài: 14.04.2025

Ngày chấp nhận đăng: 10.04.2026

TÓM TẮT

Nghiên cứu này nhằm xác định tên khoa học cho cây song mai dựa trên một số đặc điểm hình thái và mã vạch ADN. Các mẫu giống song mai đã được đánh giá hình thái kết hợp với phân tích trình tự ADN mã vạch là vùng trình tự *psbA-trnH*. Kết quả đánh giá hình thái cho thấy các mẫu giống song mai thu thập có thân xòe ngang, lá hình trứng ngược, gốc lá nhọn, quả tròn có màu thịt quả vàng, hạt hình elip rộng có độ nhám cao. Thêm vào đó, kết quả khảo sát trình tự *psbA-trnH* cho thấy các mẫu giống song mai có trình tự tương đồng lên đến 99,68% so với mẫu giống *Prunus salicina* trên ngân hàng gen NCBI. Cây chủng loại phát sinh cũng cho thấy các mẫu giống song mai được xếp cùng nhóm với loài *Prunus salicina* với giá trị bootstrap cao (73%). Như vậy, một số đặc điểm hình thái và mã vạch ADN vùng *psbA-trnH* đã cho thấy tên khoa học của loài cây song mai là *Prunus salicina* thuộc họ Hoa hồng (Rosaceae).

Từ khóa: Mã vạch ADN, cây song mai, *Prunus salicina*, *psbA-trnH*.

Evaluating some Morphological Characteristics and Standardizing the Scientific Name for the Song Mai Tree Based on DNA Barcode

ABSTRACT

This study aimed to determine the scientific name of the *song mai* plant based on selected morphological characteristics and DNA barcoding. The *song mai* samples were evaluated morphologically in combination with DNA barcode sequence analysis of the *psbA-trnH* region. The morphological assessment showed that the collected *song mai* samples had a horizontally spreading growth habit, obovate leaves with acute leaf bases, round fruits with yellow flesh, and broadly elliptical seeds with high surface roughness. In addition, analysis of the *psbA-trnH* sequences indicated that the *song mai* samples shared up to 99.68% sequence similarity with *Prunus salicina* sequences in the NCBI GenBank database. Phylogenetic analysis further demonstrated that the *song mai* samples clustered with *Prunus salicina* with a high bootstrap value (73%). Therefore, both morphological characteristics and DNA barcoding of the *psbA-trnH* region support the conclusion that the scientific name of the *song mai* plant is *Prunus salicina*, belonging to the family Rosaceae.

Keywords: DNA barcode, Japanese plum, *Prunus salicina*, *psbA-trnH*.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Mơ Nhật Bản (*Prunus mume* Sieb. et Zucc.) và mận Nhật Bản (*Prunus salicina* Lindl.) là những cây ăn quả ôn đới quý giá được trồng ở các nước Đông Bắc Á như Trung Quốc, Nhật Bản, Hàn Quốc, Đài Loan, Thái Lan và Việt Nam (Mehlenbacher & cs., 1991, Moore &

Yoneda, 2022). Ở Việt Nam, cây mơ và mận phân bố rải rác tại nhiều khu vực phía Bắc có mùa đông lạnh với các giống nổi tiếng như mơ Hương Tích (Hà Nội); mơ Đồng Mỹ (Hà Hoa - Phú Thọ), mơ Vân Nam; mơ Ghinê (Phú Thọ); mơ song mai (Hải Hậu), mận tam hoa, mận hậu, mận cơm (Sơn La)... Trong đó, do giá bán mơ quá thấp nên diện tích trồng mơ ngày càng thu hẹp

từ những năm 2010, chỉ còn rải rác tại một số khu vực như Thái Nguyên, Mộc Châu - Sơn La, Mỹ Đức - Hà Nội. Người dân ở các khu vực trồng mơ xưa đã thay thế cây mơ bằng cây ăn quả khác có hiệu quả cao hơn (Đào Thị Thu Lành, 2024).

Trong nhóm các mẫu giống mơ mạn, mẫu giống mơ song mai mang nhiều đặc điểm hình thái của nhóm mẫu mơ như hình dạng và màu sắc quả như trong mô tả của Nguyễn Hữu Hải (2024), nhưng lại có đặc điểm khác biệt như quả kết từng đôi, vì vậy được gọi là “song mai”, lá dài hình trứng ngược, gốc lá hình nêm và quả trơn nhẵn, không có lông rất giống đặc điểm quả của mạn Nhật bản. Những đặc điểm khác biệt này khiến mơ song mai trở thành đối tượng cần được chuẩn hóa tên loài hay nói cách khác là thuộc loài nào trong nhóm mơ/mạn.

Bên cạnh đó, Xue & cs. (2019) cho rằng các loài mơ Nhật Bản *Prunus mume*, mơ *Prunus armeniaca* và mạn Nhật Bản *Prunus salicina* có nhiều đặc điểm tương đồng; cả ba đều thuộc phân họ Prunoideae. Mối quan hệ di truyền giữa ba loài này khá phức tạp do khả năng lai được với nhau và hiện tượng tự bất hợp. Vì vậy, việc chuẩn hóa tên loài cho các mẫu giống song mai và mơ là rất cần thiết để tránh nhầm lẫn trong sản xuất và nghiên cứu về sau.

Hiện tại, mã vạch ADN đã được áp dụng nhiều cho việc định danh loài để tăng độ chính xác. Trong số các mã vạch ADN dùng để nhận dạng loài trong chi *Prunus*, nhiều trình tự như *rbcl*, *psbA-trnH*, *trnL-trnF*, *ITS*, *ycf...* đã được sử dụng (Batnini & cs., 2019; Dong & cs., 2015; Halász & cs., 2023; Sayed & cs., 2022). Quan & Zhou (2011) đã chỉ ra vùng *psbA-trnH* có thể phân biệt 3 trong 5 loài *Prunus* sect. *Persica* thuộc họ Hoa hồng (Quan & Zhou, 2011). Sayed & cs. (2022) đã chỉ ra hai vùng ADN lục lạp là *psbA-trnH* và *trnL-trnF* có thể phân biệt và

nhận dạng mẫu giống của bốn loài thuộc chi *Prunus*, trong đó *psbA-trnH* hiệu quả phân biệt tốt hơn. Do đó, nghiên cứu này sử dụng vùng mã vạch *psbA-trnH* kết hợp với đánh giá một số đặc điểm hình thái nhằm chuẩn hóa tên loài cho các mẫu giống song mai.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Địa điểm và vật liệu

Thí nghiệm đánh giá được thực hiện trên 18 mẫu song mai thu thập tại thôn Đục Khê, xã Hương Sơn, Hà Nội; Văn Giang - Hưng Yên và Phương Tiến - Tuyên Quang (trung bình 6 mẫu giống/1 địa điểm).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Đánh giá một số đặc điểm hình thái của các mẫu giống song mai

Thí nghiệm đánh giá được tiến hành trên 18 cây, mỗi cây thu thập 10 mẫu lá và 10 mẫu quả để đo đếm. Các chỉ tiêu lá được đánh giá bao gồm chiều dài lá, chiều rộng lá, gốc lá. Các chỉ tiêu quả bao gồm; chiều cao quả (cm), đường kính quả (cm), khối lượng quả (g/quả), khối lượng hạt (g), hình dạng và màu sắc quả khi chín, hình dạng, chiều cao và chiều rộng hạt, khối lượng hạt (g/hạt) và bề mặt vỏ hạt, độ Brix(%). Bên cạnh đó, một số đặc điểm sinh trưởng cũng được đánh giá như dạng sinh trưởng, thời gian ra hoa và đậu quả, năng suất trung bình trên cây (kg/cây) (Głowacka & cs., 2021, Nguyễn Hữu Hải, 2024).

2.2.2 Định danh loài cho mẫu giống song mai

Do sự tương đồng cao về kiểu hình, thí nghiệm định danh loài đã chọn 3 cây song mai (SM3, SM4, SM5) từ 3 địa điểm thu mẫu.

Bảng 1. Trình tự và chu trình nhiệt của các môi được sử dụng trong nghiên cứu này

Tên môi	Trình tự môi (5'-3')	Chu trình nhiệt
<i>trnH</i>	CGCGCATGGTGGATTCACAATCC (Quan & Zhou, 2011)	94°C: 3 phút, 30 chu kỳ (94°C: 30 giây, 50°C: 2 phút, 72°C: 1 phút), và kéo dài 72°C: 5 phút
<i>psbA</i>	GTTATGCATGAACGTAATGCTC (Quan & Zhou, 2011)	

Phương pháp tiến hành:

- Tách chiết ADN tổng số: lá cây được thu thập và tách chiết ADN theo quy trình của Doyle & Doyle (1990). Các mẫu ADN tách chiết được kiểm tra độ tinh sạch bằng máy Nanodrop (Thermoscientific). Các mẫu ADN đạt tiêu chuẩn sẽ tiếp tục được khuếch đại vùng trình tự *psbA-trnH* bằng kỹ thuật PCR. Trình tự của cặp mồi sử dụng trong nghiên cứu này được thể hiện trong bảng 1.

- Trình tự *psbA-trnH* của các mẫu được nhân bản bằng kỹ thuật PCR: Thành phần của mỗi phản ứng PCR (20 μ) bao gồm các thành phần sau: 10 μ l My Taq HS (1x) (đệm, MgCl₂, dNTPs, Taq polymerase); 0,5 μ l mỗi xuôi và mỗi ngược (10 μ M); 0,5 μ l ADN tổng số (50 ng/ μ l) và 9 μ l nước khử ion. Chu trình nhiệt được thiết lập cho phản ứng PCR khuếch đại vùng *psbA-trnH* được thể hiện trong bảng 1.

- Các sản phẩm PCR thu được từ thí nghiệm trên được tinh sạch như sau: Sản phẩm PCR sau khi kết thúc phản ứng sẽ được tinh sạch trước khi gửi đi đọc trình tự. Các bước tinh sạch được thực hiện theo hướng dẫn của nhà sản xuất (Intron, Hàn Quốc).

- Sau khi tinh sạch, sản phẩm PCR được gửi đi đọc trình tự tại Phòng thí nghiệm trọng điểm của Viện Sinh học (Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam). Các trình tự thu được sẽ được tiếp tục xử lý để xây dựng cây chủng loại phát sinh.

2.3. Xử lý số liệu

Phân tích định danh loài: Kết quả giải trình tự ADN được kiểm tra trên chromatogram bằng chương trình Finch TV. Từ các trình tự của mẫu giống song mai, mẫu giống song mai này được xác định theo trình tự chung (Consensus sequence) và sự tương đồng giữa mẫu giống song mai trong nghiên cứu được so sánh (Alignment) với cơ sở dữ liệu của ngân hàng gene NCBI. Cây phát sinh chủng loại được xây dựng dựa trên phương pháp Neighbor Joining sử dụng phần mềm Mega 11 (Tamura & cs., 2021) với giá trị ủng hộ (bootstrap) 1.000 lần lặp

lại. Khoảng cách di truyền (p) giữa các loài trong chi được tính toán bằng phần mềm Mega 11.

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Một số đặc điểm kiểu hình của mẫu giống song mai

Nghiên cứu một số đặc điểm kiểu hình của mẫu giống song mai trồng tại Hương Sơn - Hà Nội, Văn Giang - Hưng Yên, Phương Tiến - Tuyên Quang trong vụ Xuân 2023 cho thấy các đặc điểm sau: thân cây có dạng sinh trưởng xòe ngang, lá hình trứng ngược và gốc lá nhọn (Bảng 2, Hình 1A, B). Quả có hình tròn, chiều cao quả thấp hơn đường kính quả. Hàm lượng các chất hòa tan xấp xỉ bằng 9. Hạt có hình elip rộng, bề mặt vỏ hạt rất nhám (Bảng 2, Hình 1C, D). Những đặc điểm sinh trưởng và hình dạng lá tương đồng với mô tả về giống mơ trơn của Nguyễn Hữu Hải (2024) và khác biệt so với các mô tả của giống mơ được trồng tại miền Bắc Việt Nam (Le Thi Tuyet Cham & cs., 2025).

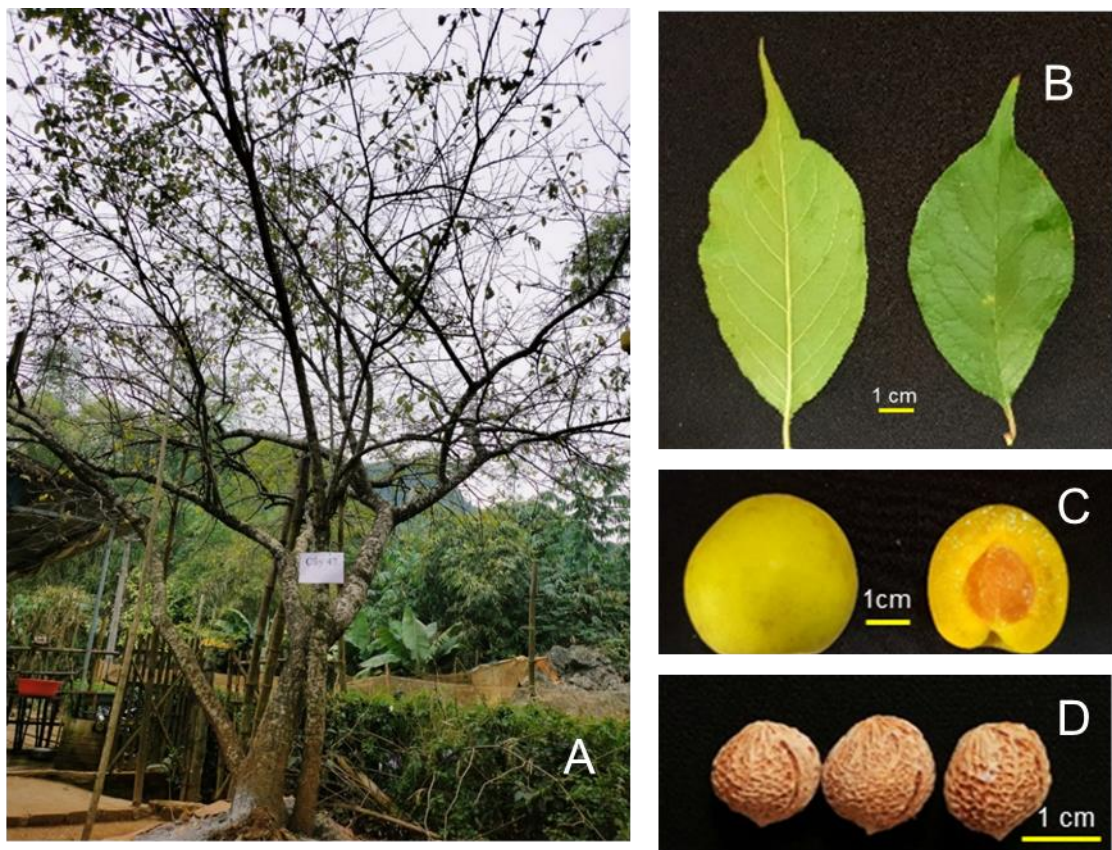
Tại vùng trồng mơ Hương Sơn cho thấy song mai nở hoa sớm vào giữa tháng 12 nhưng chín muộn vào cuối tháng 4 và sang tháng 5 mới thu hoạch. Tương đương với mẫu giống song mai tại Văn Giang - Hưng Yên, nhưng sớm hơn 12 ngày so với mẫu giống tại Phương Tiến - Tuyên Quang. Năng suất của mẫu giống này khá cao khoảng 60,08 kg/cây (Bảng 2). Tuy nhiên, so với cây mơ trồng tại miền Bắc Việt Nam, các mẫu giống song mai này ra hoa sớm hơn và chín muộn hơn (Le Thi Tuyet Cham & cs., 2025).

3.2. Kết quả khuếch đại vùng trình tự ADN *psbA-trnH* và giải trình tự

Kết quả điện di sản phẩm PCR khuếch đại vùng trình tự *psbA-trnH* được thực hiện trên gel agarose 1%. Kết quả đều cho sản phẩm PCR đặc hiệu với các băng ADN sáng rõ và có kích thước như mong đợi là ~ 327bp (Hình 2). Các sản phẩm PCR này đủ điều kiện cho giải trình tự nên sau đó được tinh sạch và gửi đi giải trình tự.

Bảng 2. Một số đặc điểm nông sinh học của mẫu giống song mai

Bộ phận của cây	Đặc điểm của mẫu giống song mai
Thân cây	Dạng sinh trưởng xòe ngang, đường kính tán của cây 10-15 tuổi khoảng 720 ± 55 (cm)
Lá	Hình trứng ngược, gốc lá nhọn. Chiều dài lá: $9,53 \pm 0,29$; chiều rộng lá: $4,7 \pm 0,22$
Quả	Có hình tròn, độ sâu rãnh quả nông, thịt quả có màu vàng, chiều cao của quả là $2,94 \pm 0,14$; đường kính quả: $3,13 \pm 0,18$; khối lượng quả trung bình: $17,96 \pm 5,13$; độ Brix: $9,1 \pm 0,64$
Vỏ hạt	Hình elip rộng, chiều cao hạt $1,81 \pm 0,12$; đường kính hạt $1,47 \pm 0,1$; khối lượng hạt trung bình $1,12 \pm 0,01$; bề mặt vỏ hạt rất nhám
Năng suất trung bình của cây	$60,08 \pm 5,08$ kg/cây
Thời gian ra hoa và quả chín	Giữa tháng 12 và chín vào cuối tháng 4 đến tháng 5



Hình 1. Hình ảnh minh họa một số đặc điểm hình thái của cây song mai (A) Dạng sinh trưởng của cây; (B) Hình dạng lá; (C) Hình dạng và màu sắc quả chín; (D) Hình dạng hạt và cấu trúc bề mặt vỏ hạt

3.3. Khoảng cách di truyền (p) và vị trí phân loại của mẫu giống song mai thí nghiệm

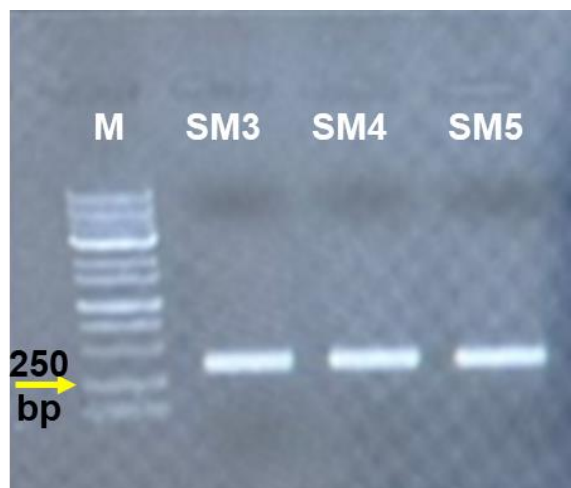
Kết quả đọc trình tự đã cho thấy đoạn ADN mã vạch của cả 3 mẫu song mai trên vùng trình tự *psbA-trnH* có chiều dài xấp xỉ như dự kiến ban đầu và có trình tự ADN giống nhau. Kết quả này nằm trong khoảng trình tự đã được

phát hiện trên chi *Prunus* là 316-352bp trong nghiên cứu của Sayed & cs. (2023). Các đoạn trình tự thu được chất lượng tốt, ít bị nhiễu, và cả 3 mẫu đều có trình tự giống nhau nên trình tự của mẫu giống SM5 được sử dụng cho các phân tích tiếp theo.

Kết quả sau khi so sánh các trình tự đoạn *psbA-trnH* của các loài khác nhau trong chi

Prunus như loài mơ Nhật Bản (*P. mume*), *P. armeniaca*, *P. pedunculata* và loài mận Nhật bản (*P. salicina*) được trình bày trong hình 3. So với loài *P. pedunculata*, trình tự của mẫu giống SM5 mất 1 nucleotit ở vị trí nucleotit 174. So với loài mơ *P. armeniaca*, trình tự của SM5 cũng mất 1 nucleotit ở vị trí 174, thay thế

nucleotit ở vị trí 194 (G → T) và vị trí 315 (A-G). Còn khi so sánh với loài mơ Nhật Bản có nguồn gốc Trung Quốc là *P. mume*, trình tự của SM5 còn thêm 1 nucleotit ở vị trí 58 và mất thêm đoạn AAAGT từ vị trí 196. Sự tương đồng giữa trình tự của mẫu giống SM5 với trình tự của *P. salicina* là 99,68%.

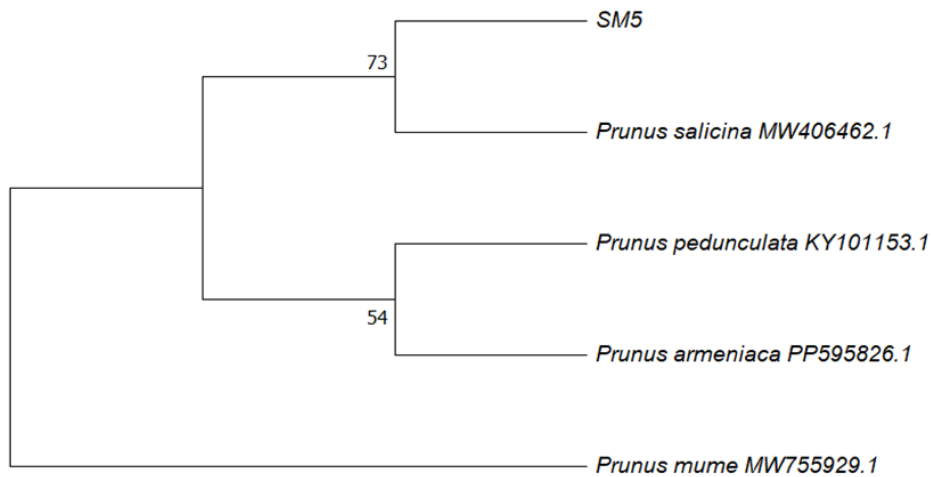


Ghi chú: M: thang chuẩn, SM3, SM4, SM5: mẫu sản phẩm PCR từ các mẫu song mai thu thập lần lượt ở Hà Nội, Hưng Yên và Tuyên Quang.

Hình 2. Ảnh điện di sản phẩm PCR với cặp mồi cho vùng ADN mã vạch *psbA-trnH*

#SM5	CGCGCATGGT	GGATTCACAA	TCCACTGCCT	TGATCCACTT	GGCTACATCC	GCCCCTTGTA	CTATTACAAA	TATTTACACC
#Prunus_salicina_MW406462.1
#Prunus_pedunculata_KY101153.1
#Prunus_armeniaca_PP595826.1
#Prunus_mume_MW755929.1
#SM5	ATTTATCATT	ACTTGTAAGA	TAAAATACAA	CATAAAATAA	ACTGAAACTT	TTAATATTTT	AATTAATTTT	TGTAGTAAAT
#Prunus_salicina_MW406462.1
#Prunus_pedunculata_KY101153.1
#Prunus_armeniaca_PP595826.1
#Prunus_mume_MW755929.1
#SM5	TAACTAAAAA	AAA-TATAGA	ACAATATAGT	AAAGT-----	TAAGTAGTAA	ATAAAAAAAA	TACTAAATAG	TAAAGGAGCA
#Prunus_salicina_MW406462.1
#Prunus_pedunculata_KY101153.1
#Prunus_armeniaca_PP595826.1
#Prunus_mume_MW755929.1
#SM5	ATAACAAAACC	GCTTGATATA	ACAAGAAATT	TATTATTGCT	CCTTTACTTT	CAAGAACTCG	TATATACTAA	GACCAAAGTC
#Prunus_salicina_MW406462.1	T.....
#Prunus_pedunculata_KY101153.1	T.....
#Prunus_armeniaca_PP595826.1	T.....
#Prunus_mume_MW755929.1	T.....
#SM5	TT
#Prunus_salicina_MW406462.1
#Prunus_pedunculata_KY101153.1
#Prunus_armeniaca_PP595826.1
#Prunus_mume_MW755929.1

Hình 3. So sánh trình tự *psbA-trnH* của mẫu giống song mai với trình tự của 4 loài *Prunus salicina* (MW406462.1), *Prunus pedunculata* (KY101153.1), *Prunus armeniaca* (PP595826.1) và *Prunus mume* (MW755929.1) thuộc họ Hoa hồng



Hình 4: Mối quan hệ họ hàng giữa mẫu giống nghiên cứu (SM5) với các loài trong cùng chi (*Prunus salicina* MW406462.1, *Prunus pedunculata* KY101153.1, *Prunus armeniaca* PP595826.1, *Prunus mume* MW755929.1) trên ngân hàng gen NCBI trên cơ sở phân tích trình tự nucleotide của vùng *psbA-trnH* bằng phương pháp Neighbor Joining (Các số trên các nhánh tượng trưng cho giá trị hỗ trợ bootstrap)

Dựa trên các khác biệt trong trình tự, trình tự mẫu giống song mai tiếp tục được so sánh về khoảng cách di truyền với 4 loài khác trong cùng chi *Prunus* trên ngân hàng gen NCBI (Hình 3). Kết quả đã xác định được 3 vị trí biến đổi, đồng thời cũng là 3 vị trí có ít nhất 2 nucleotit xuất hiện. Khoảng cách di truyền giữa các cặp loài trên cơ sở phân tích theo phương pháp p-distance đã chỉ ra mức độ khác nhau giữa các cặp loài trong chi *Prunus*. Kết quả cho thấy khoảng cách di truyền giữa các loài này khá nhỏ dao động từ 0,32 đến 0,95%.

Vị trí phân loại của mẫu giống song mai SM5 đã được xây dựng theo phương pháp cây (Hình 4). Mẫu nghiên cứu này và các mẫu thuộc loài *Prunus salicina* (MW406462.1) tạo thành một nhóm riêng có mức độ tương đồng di truyền cao và có quan hệ mật thiết với nhau với giá trị bootstrap (73%) tách biệt với nhóm mẫu *Prunus pedunculata* (KY101153.1) và *Prunus armeniaca* (PP595826.1). Toàn bộ các loài này được tách biệt so với loài mơ *Prunus mume* (MW755929.1). Kết quả cho thấy mẫu giống song mai SM5 được xếp cùng nhóm loài mơ Nhật bản *P. salicina*. Kết quả này tương tự với phát hiện trong nghiên cứu của Le Thi Tuyet

Cham & cs. (2025) cho thấy mẫu giống SM5 được xếp cùng nhóm với các mẫu giống thuộc loài *Prunus salicina* với tỷ lệ hỗ trợ bootstrap hơn 95%.

4. KẾT LUẬN

Qua đánh giá một số đặc điểm kiểu hình kết quả đã cho thấy các mẫu giống song mai có những đặc điểm khác biệt so với giống mơ Nhật Bản trồng phổ biến tại miền Bắc Việt Nam (*Prunus mume*) như thời gian ra hoa sớm hơn và chín muộn, lá cây song mai có dạng trứng ngược và gốc lá nhọn; quả của song mai tròn, rãnh quả nông và thịt quả màu vàng. Thêm vào đó, khi xác định vị trí phân loại bằng mã vạch ADN tại vùng trình tự *psbA-trnH* trên lục lạp, kết quả cho thấy trình tự *psbA-trnH* của mẫu giống này tương đồng với mẫu giống *P. salicina* trên ngân hàng NCBI là 99,68%, và mẫu giống song mai được xếp cùng nhóm loài *P. salicina* trên cây chủng loại phát sinh. Như vậy, mẫu giống song mai nghiên cứu xếp cùng với nhóm mơ Nhật bản thuộc loài *P. salicina* khác biệt với loài của các giống mơ khác là *P. mume* hay *P. armeniaca* dựa trên trình tự mã vạch *psbA-trnH*.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được tài trợ bởi nguồn kinh phí của Sở Khoa học và Công nghệ Thành phố Hà Nội thuộc đề tài “Nghiên cứu bảo tồn và phát triển nguồn gen mơ (*Prunus* sp.) Hương Tích gắn với du lịch sinh thái, mã số CT04/02-2023-04. Nhóm tác giả xin gửi lời cảm ơn đến Học viện Nông nghiệp Việt Nam đã tạo điều kiện về cơ sở vật chất và phòng thí nghiệm để thực hiện nghiên cứu này. Nhóm tác giả xin cảm ơn đến ông Nguyễn Mạnh Đông đã cung cấp các mẫu giống song mai tại Mỹ Đức, Hà Nội cho nghiên cứu này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Batnini M. A., Bourguiba H., Trifi-Farah N. & Krichen L. (2019). Molecular diversity and phylogeny of Tunisian *Prunus armeniaca* L. by evaluating three candidate barcodes of the chloroplast genome. *Scientia Horticulturae*. 245: 99-106.
- Dong W., Xu C., Li C., Sun J., Zuo Y., Shi S., Cheng T., Guo J. & Zhou S. (2015). *ycf1*. the most promising plastid DNA barcode of land plants. *Scientific Reports*. 5: 8348.
- Doyle J.J. & Doyle J.L. (1990). Isolation of Plant DNA from Fresh Tissue. *Focus*. 12(1): 13-15.
- Đào Thị Thu Lành (2024). Thực trạng và đề xuất giải pháp phát triển cây mơ Hương Tích tại rừng đặc dụng Hương Sơn. Kỷ yếu Hội thảo khoa học: Lịch sử trồng trọt, phát triển và những giá trị văn hóa của cây mơ Hương Tích, ngày 25/01/2024, Hà Nội. tr. 1-9.
- Głowacka A., Sitarek M., Rozpara E., & Podwyszyńska M. (2021). Pomological Characteristics and Ploidy Levels of Japanese Plum (*Prunus salicina* Lindl.) Cultivars Preserved in Poland. *Plants (Basel)*. 10(5): 884.
- Halász J., Szendy G., Ivanovska B., Tóth E. G & Hegedűs A. (2023). The self-incompatibility locus and chloroplast DNA regions of *Prunus domestica* reflect the origin and genetic diversity of traditional cultivars. *Journal of the American Society for Horticultural Science*. 148(5): 230-239.
- Le Thi Tuyen Cham, Vu Thi Mai Anh, Vu Thi Thuy Hang, Pham Thi Ngoc, Hoang Dang Dung, Doan Thu Thuy. (2025). Identification and genetic diversity of Japanese apricot (*Prunus mume*) accessions in northern Vietnam. *Biodiversitas*. 26: 2383-2392.
- Mehlenbacher S. A., Cociu V. & Hough F.L. (1991): APRICOTS (*Prunus*). In: James, N. Moore and James, R. Ballington Jr. (eds) Genetic resources of temperate fruit and nuts crop I. The International Society for Horticultural Science, Wageningen. Moore R, Yoneda K. 2022. 1029. *Prunus mume*: Rosaceae. *Curtis's Bot Mag* 39(3): 409-431. DOI: 10.1111/curt.12455.
- National Center for Biotechnology Information (NCBI). (n.d.). (2024). BLAST® Help: Query input and data selection. Retrieved November 11, 2024, from <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
- Nguyễn Hữu Hải (2024). Sự đa dạng nguồn gen cây mơ tại Việt nam. Kỷ yếu Hội thảo khoa học: Lịch sử trồng trọt, phát triển và những giá trị văn hóa của cây mơ Hương Tích. Ngày 25/01/2024, Hà nội. tr. 20-24
- Quan X., & Zhou S. (2011). Molecular identification of species in *Prunus sect. Persica* (Rosaceae), with emphasis on evaluation of candidate barcodes for plants. *Journal of Systematics and Evolution*, 49(2): 138-145.
- Royal Botanic Gardens, Kew (2025). The World Checklist of Vascular Plants: *Prunus salicina* Lindl. Retrieved from <https://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:g:names:730232-1> on March 21, 2025.
- Sayed H.A., Mostafa S., Haggag I.M. & Hassan N.A. (2023). DNA Barcoding of *Prunus* Species Collection Conserved in the National Gene Bank of Egypt. *Molecular Biotechnology*. 65: 410-418. <https://doi.org/10.1007/s12033-022-00530-z>
- Tamura K., Stecher G. & Kumar S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*. 38(7): 3022-3027. doi:10.1093/molbev/msab120
- Xue S., Shi T., Luo W., Ni X., Iqbal S., Ni Z., Huang X., Yao D., Shen Z. & Gao Z. (2019). Comparative analysis of the complete chloroplast genome among *Prunus mume*, *P. armeniaca*, and *P. salicina*. *Horticulture Research*. 6: 89. <https://doi.org/10.1038/s41438-019-0171-1>.