

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA MỘT SỐ MẪU ĐIỀU (*Anacardium occidentale* L.) Ở CÁC TỈNH ĐÔNG NAM BỘ BẰNG KỸ THUẬT RAPD

Hồ Viết Thế*, Lâm Thị Kim Phụng, Đỗ Thị Thùy Trang

Trường Đại học Công nghiệp Thực phẩm TP.HCM

*Email: thehv@cntp.edu.vn

Ngày nhận bài: 22/6/2017; Ngày chấp nhận đăng: 02/12/2017

TÓM TẮT

Hiểu biết về đa dạng di truyền và tìm ra những chỉ thị đặc trưng cho từng giống điều là cần thiết để phát triển cây điều ở vùng Đông Nam Bộ. Trong nghiên cứu này, kỹ thuật Random Amplification of Polymorphic DNA (RAPD) được sử dụng với 5 primer để phân tích sự đa dạng di truyền của 12 mẫu điều. Kết quả cho thấy các mẫu điều trong nghiên cứu có độ đa dạng từ 0,54 đến 0,82. Ngoài ra nghiên cứu cũng xác định được các band vạch DNA đặc trưng có thể sử dụng để nhận diện các mẫu điều ở mức độ phân tử. Các kết quả nghiên cứu này sẽ cung cấp cơ sở khoa học cho việc chọn giống, lai tạo giống và bảo tồn nguồn quỹ gen cây điều ở khu vực.

Từ khóa: *Anacardium occidentale*, điều, đa dạng di truyền, RAPD.

1. MỞ ĐẦU

Điều (*Acanardium occidentale* L.) là cây trồng có vai trò kinh tế quan trọng đối với Việt Nam. Nước ta đang là một trong những nước dẫn đầu thế giới về sản lượng xuất khẩu hạt điều với 11 năm liên tục đứng hạng nhất về xuất khẩu loại hạt này [1], tuy nhiên, thời gian gần đây, chất lượng hạt điều không ổn định. Nguyên nhân cơ bản là giống điều canh tác đang bị thoái hóa mạnh, năng suất thấp, dễ sâu bệnh dẫn đến chất lượng kém làm giảm thu nhập của người nông dân [2].

Hiện nay, theo hiệp hội Điều Việt Nam, trên địa bàn các tỉnh miền Đông Nam Bộ đang tồn tại nhiều cơ sở sản xuất giống điều không rõ nguồn gốc, giống bị lẫn tạp [3]. Về mặt sinh học, điều là cây thụ phấn chéo nên thiếu ổn định về đặc tính di truyền. Vì thế cây điều con sẽ biến đổi nhiều so với cây bố mẹ khiến năng suất ở các cây con giảm sút. Do vậy, công tác đánh giá và bảo tồn nguồn gen của quần thể điều trên địa bàn các tỉnh Đông Nam Bộ là cần thiết, từ đó tìm ra những band DNA đặc trưng cho từng giống điều tốt để làm cơ sở khoa học cho việc nhận dạng, phân loại và nhân giống, góp phần phát triển vùng điều nguyên liệu.

Trên thế giới, đã có nhiều nghiên cứu sử dụng các chỉ thị phân tử để đánh giá tính đa dạng di truyền của quần thể điều. Năm 2003, Archak *et al* xác định được 56 band chỉ thị RAPD và 38 band chỉ thị ISSR (Inter simple sequence repeats) phù hợp để xác định 35 giống cây điều thương phẩm ở Ấn Độ [4]. Năm 2011, Shobha *et al* cũng đã xác định được các band đặc trưng liên quan đến khối lượng và kích thước cây điều thông qua chỉ thị RAPD [5]. Gần đây hơn, vào năm 2016, Kabita *et al* xác định được các giống điều lai nhờ chỉ thị phân tử và có thể sử dụng trong các chương trình nhân giống để tiếp tục cải tiến chất lượng và năng suất hạt [6]. Trong nghiên cứu này, kỹ thuật chỉ thị RAPD được sử dụng để đánh giá mức đa dạng di truyền của 12 giống điều ở Đông Nam Bộ. Kết quả nghiên cứu sẽ cung cấp cơ sở khoa học cho công tác chọn tạo giống và bảo tồn nguồn gen của cây điều.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

2.1. Vật liệu

Trong nghiên cứu này, vật liệu được sử dụng bao gồm 12 mẫu điều được thu thập từ các tỉnh ở Đông Nam Bộ và được trình bày ở Bảng 1.

Bảng 1. Danh sách 12 mẫu điều sử dụng trong nghiên cứu

STT	Tên mẫu	Ký hiệu	Nơi thu thập
1	PN1	D1	Hung Lộc - Đồng Nai
2	AB-0508	D2	Hung Lộc - Đồng Nai
3	AB-29	D3	Hung Lộc - Đồng Nai
4	AB-0508	D4	Đồng Phú - Bình Phước
5	AB-0508	D5	Đồng Phú - Bình Phước
6	AB-29	D6	Đồng Phú - Bình Phước
7	PN1	D7	Đồng Phú - Bình Phước
8	Điều cổ thụ 1	D8	Củ Chi - Tp. Hồ Chí Minh
9	Điều cổ thụ 2	D9	Củ Chi - Tp. Hồ Chí Minh
10	PN1	D10	Bù Đăng - Bình Phước
11	AB-0508	D11	Bù Đăng - Bình Phước
12	AB-29	D12	Bù Đăng - Bình Phước

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Tách chiết DNA

DNA được ly trích từ lá điều tươi theo quy trình của Kamirou năm 2015 có cải tiến: thời gian ủ ở 65 °C được tăng lên đến 24 giờ để cải thiện hiệu quả ly trích [7]. Sau đó, chất lượng DNA được kiểm tra thông qua điện di trên gel agarose 1,5% trong đệm 1X TAE và nhuộm 0,5 µg/mL Gelred TM. DNA được quan sát dưới ánh sáng cực tím bằng máy đọc gel Quantum - ST4 3000 (Montreal - Biotech, Canada). Nồng độ DNA được xác định bằng máy đo quang phổ (Optima SP3000 nano UV-VIS, Nhật Bản).

2.2.2. Thực hiện phản ứng RAPD-PCR

Trong nghiên cứu này tổng cộng 5 primer RAPD được sử dụng theo Samal năm 2003 và được trình bày ở Bảng 2 [8].

Bảng 2. Danh sách primer được sử dụng trong phương pháp chỉ thị RAPD

STT	Ký hiệu	Trình tự (5'-3')
1	OPA-02	TGCCGAGCTG
2	OPN-03	GGTACTCCCC
3	OPN-05	ACTGAACGCC
4	OPN-06	GAGACGCACA
5	OPA-07	GAAACGGGTG

Phản ứng RAPD-PCR được thực hiện theo Dasmohapatra *et al* với tổng thể tích 20 μ L bao gồm 30 ng DNA, 1X buffer, 2 mM $MgCl_2$, 0,3 μ M primer, 200 μ M dNTP, 1 đơn vị *Taq* polymerase và nước cho đủ thể tích [9]. Điều kiện phản ứng được thực hiện như sau: biến tính ban đầu ở 95 °C trong 2 phút; sau đó 40 chu kỳ 30 giây ở 95 °C, 30 giây ở 35 °C, 54 giây ở 72 °C và giai đoạn kết thúc trong 5 phút ở 72 °C bằng máy PCR SureCycler 8800 Thermal Cycler (Agilent, Mỹ). Sau đó, sản phẩm khuếch đại được kiểm tra bằng điện di tương tự đối với DNA.

2.2.3. Phân tích số liệu

Sau khi điện di kết quả RAPD-PCR, các band khuếch đại rõ ràng được sử dụng trong phân tích. Thông tin về chất lượng của các primer được xác định thông qua hệ số PIC (Polymorphism information content) theo công thức của Chesnokov và Artemyeva [10].

$$PIC_j = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2 .$$

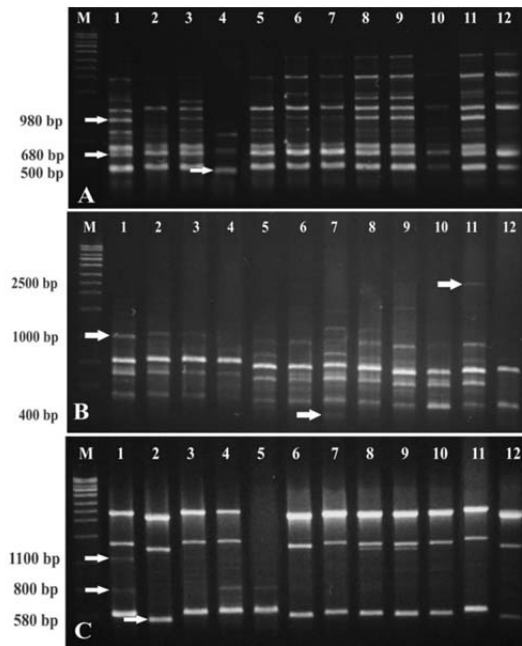
Trong đó i là band vạch thứ i của primer j , n là số lượng band vạch của primer j , P là tần số của band vạch. Sản phẩm RAPD-PCR được mã hoá theo phương pháp nhị phân: vị trí có band vạch là “1”, vị trí không xuất hiện là “0”. Cây phát sinh loài được xây dựng dựa trên thuật toán UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean and the algorithm) với module SAHN trong phần mềm NTSYSpc 2.1 [11]. Kỹ thuật phân tích thành phần chính PCoA (Principal Coordinate Analysis) tiếp tục được sử dụng để hiểu rõ hơn sự tương đồng về di truyền của các mẫu điều sử dụng trong nghiên cứu [12].

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả phân tích đa dạng di truyền

Sau khi xác định được các thông số tối ưu cho phản ứng RAPD-PCR, các mẫu điều được thực hiện phản ứng với 5 primer ở Bảng 2. Kết quả cho thấy các band khuếch đại xuất hiện rõ ràng trên gel agarose 1,5% (Hình 1). Tổng cộng 12 mẫu điều được phân tích, kết quả cho thấy rằng tất cả các primer đều phù hợp với việc nghiên cứu cho cây điều thông qua số lượng band khuếch đại nhiều và tỉ lệ đa hình cao cũng như chỉ số thông tin (PIC) của primer (Bảng 3). Tất cả các primer đều cho giá trị PIC cao từ 0,44 đến 0,60. Điều này có nghĩa tất cả các primer này đều thích hợp cho nghiên cứu đa dạng di truyền ở điều theo phân loại của Botstein *et al*: primer cho thông tin rất cao nếu $PIC \geq 0,5$; primer cho thông tin thông tin tương đối nếu $0,5 > PIC \geq 0,25$, và ít thông tin nếu $PIC < 0,25$ [13].

Khả năng tạo nhiều band đa hình của primer RAPD rất quan trọng trong phân tích đa dạng di truyền vì chúng cung cấp một lượng lớn thông tin về cấu trúc di truyền giữa các cá thể đem phân tích. Trong tổng số 123 band DNA thu được, có tới 122 band DNA đa hình chiếm 99,18% với trung bình 24,4 band đa hình xuất hiện trên mẫu. Điều này chứng tỏ các primer sử dụng trong nghiên cứu có khả năng khuếch đại ở những vùng khác biệt cao về mặt di truyền giữa các mẫu điều. Kết quả của nghiên cứu này phù hợp với công bố trước đây ở Ấn Độ vào năm 2009, Thimmappaiah *et al* đã cho thấy mối quan hệ di truyền của 100 mẫu điều khi sử dụng 10 primer RAPD và kết quả có tất cả 60 band, trong đó có 51 band đa hình chiếm 85% tổng số band và trung bình là 5,1 band trên mỗi primer [14]. Tương tự năm 2015, Jena *et al* đã dùng 15 primer cho 12 mẫu điều trong nghiên cứu, trong đó primer OPA-02 cho tỷ lệ band đa hình là 80% [15].



Hình 1. Kết quả phản ứng RAPD-PCR của 12 mẫu điều
(A: Primer OPA-02; B: Primer OPN-03; C: Primer OPN-05; M: DNA ladder 1kb;
1-12: các mẫu điều theo thứ tự như Bảng 1. Mũi tên thể hiện các band đặc trưng)

Bảng 3. Số band đa hình của 5 primer RAPD trong phân tích 12 mẫu điều

Primer	Tổng số band	Số band đa hình	Số band đặc trưng	Tỷ lệ band đa hình (%)	Giá trị PIC
OPA-02	21	20	7	95,23	0,44
OPN-03	29	29	13	100	0,60
OPN-05	22	22	10	100	0,58
OPN-06	27	27	6	100	0,55
OPA-07	26	26	1	100	0,50
Tổng	123	122	27	-	-
Trung bình	24,6	24,4	2,25	99,18	0,53

Sự kết hợp giữa các band khuếch đại trong nghiên cứu này thể hiện tiềm năng cao của các primer RAPD. Kết quả RAPD-PCR có thể sử dụng để phân biệt các mẫu điều. Ví dụ primer OPN-05 có khả năng nhận diện được mẫu D2 với band 580 bp và mẫu D1 được phân biệt bởi 2 band 800 bp và 1100 bp (Hình 1C). Ở primer OPA-02, có 7 band đặc trưng, trong đó band có kích thước 980 bp nhận diện được mẫu D1 và mẫu D4 cũng được phát hiện bởi band có kích thước 500 bp, kèm theo đó ở band 680 bp được tìm thấy ở 11 mẫu, riêng chỉ có mẫu D4 không xuất hiện, có thể xem đây là band đặc trưng dùng để nhận biết mẫu D4 (Hình 1A). OPN-03 là primer hiệu quả nhất với 13 band đặc trưng, trong đó, các band có kích thước 2500 bp, 1000 bp, 400 bp dùng để nhận diện các mẫu lần lượt là D11, D1, D7 (Hình 1B). Tổng số các band vạch đặc trưng có thể sử dụng để phân biệt 12 mẫu điều được trình bày trong Bảng 4.

Bảng 4. Khả năng phối hợp các primer RAPD để nhận diện các mẫu điều

Ký hiệu mẫu	Primer	Kích thước band (bp)
D1	OPA-02	750, 800, 980, 1100
	OPN-03	1000
	OPN-05	800, 1100
	OPN-06	400, 500, 850
D2	OPN-05	580, 2100
	OPN-06	450
D4	OPA-02	500, 700
	OPN-05	730
D5	OPA-02	950
	OPN-03	830
D6	OPN-03	580
	OPN-06	2250
D7	OPN-03	400, 780, 870, 1400
D8	OPN-03	500
	OPA-07	400
D9	OPN-03	560, 800, 900
D11	OPN-03	950, 2500
	OPN-05	680, 980, 1500, 2700
D12	OPN-05	600
	OPN-06	2000

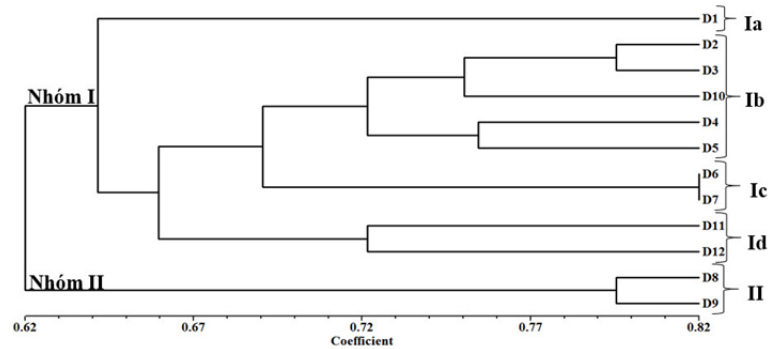
3.2. Mối quan hệ di truyền và đa dạng di truyền của các mẫu điều nghiên cứu

Để tính hệ số tương đồng di truyền và xây dựng sơ đồ phát sinh loài, kết quả RAPD-PCR được mã hoá và cây phát sinh loài được xây dựng bằng phần mềm NTSYSpc version 2.1 với phương pháp phân nhóm UPGMA trong chương trình SAHN. Kết quả cho thấy có sự biến động lớn về hệ số tương đồng giữa các mẫu: hệ số tương đồng cao nhất ở cặp mẫu D6 - D7 (0,82) và thấp nhất xuất hiện cặp mẫu D1 - D8 (0,53). Trong đó, tỷ lệ số cặp có hệ số tương đồng từ 0,65 trở lên là 73,3% (tương ứng 44/60 cặp mẫu), tỷ lệ cặp mẫu trong khoảng từ 0,50 đến 0,65 là 27,7% (tương ứng 16/60 cặp mẫu) (Bảng 5).

Bảng 5. Hệ số tương đồng di truyền của 12 mẫu điều

	D1	D2	D3	D4	D5	D6	D7	D8	D9	D10	D11
D2	0,66										
D3	0,75	0,80									
D4	0,72	0,70	0,76								
D5	0,60	0,65	0,74	0,76							
D6	0,60	0,65	0,67	0,67	0,77						
D7	0,55	0,68	0,69	0,66	0,72	0,82					
D8	0,53	0,64	0,59	0,57	0,62	0,70	0,65				
D9	0,54	0,62	0,59	0,58	0,59	0,69	0,66	0,80			
D10	0,72	0,73	0,77	0,74	0,76	0,72	0,67	0,63	0,67		
D11	0,59	0,64	0,65	0,67	0,62	0,60	0,62	0,64	0,67	0,65	
D12	0,61	0,66	0,67	0,73	0,67	0,70	0,67	0,65	0,65	0,73	0,72

Dựa vào các hệ số tương đồng ở Bảng 5, cây phát sinh loài được xây dựng để phân tích sự đa dạng di truyền của 12 mẫu điều. Cây phát sinh loài có thể chia thành hai nhóm chính (Hình 2).

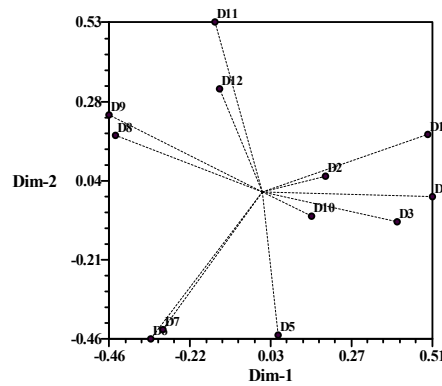


Hình 2. Sơ đồ cây phát sinh loài của 12 mẫu điều

Nhóm I chia thành 4 nhóm phụ gồm: Nhóm Ia với mẫu D1 ở Đồng Nai. Nhóm Ib gồm 5 mẫu D2, D3, D4, D5 và D10. Nhóm Ic với 2 mẫu D6, D7 ở Bình Phước có hệ số tương đồng rất cao (0,82). Nhóm Id có 2 mẫu D11, D12. Các mẫu có cùng tên thương mại (ví dụ giống PN1 gồm các mẫu D1, D7, D10 hay giống AB-29 gồm các mẫu D3, D6, D12) nhưng nằm ở các nhóm khác nhau nguyên nhân có thể do sự lẫn tạp trong quá trình nhân giống. Bên cạnh đó, có những mẫu mặc dù có tên khác nhau (D6 là AB-29, D7 là PN1) nhưng qua phân tích lại có quan hệ họ hàng gần nhau, việc này có thể do nhầm lẫn về tên gọi hoặc có sự lai tạp giữa các cá thể và được các nhà vườn mua về trồng ở 2 nơi khác nhau trong cùng địa bàn tỉnh Bình Phước.

Nhóm II gồm 2 mẫu điều cổ thụ D8 và D9. Hai mẫu điều này có hệ số tương đồng cao và có quan hệ di truyền khá xa với các mẫu khác, nguyên nhân có thể do đây là các mẫu thuộc cây lâu năm nên về mức độ di truyền khác xa so với các mẫu điều cao sản mới được lai tạo. Sử dụng kỹ thuật RAPD để xây dựng cây phát sinh loài nhằm thể hiện mức độ tương đồng về di truyền giữa các cá thể cũng đã được thực hiện ở nhiều nghiên cứu trước đây: năm 2003, Samal dùng 10 primer RAPD để xác định mối quan hệ di truyền của 20 mẫu điều ở Ấn Độ. Sau khi phân tích, kết quả cho hệ số tương đồng dao động từ 0,58 đến 0,9 [8]. Tương tự, đến năm 2009, Thimmappaiah dùng 10 primer RAPD cho 100 mẫu điều ở National Cashew Field Gene Bank (NCFGB). Kết quả là hệ số tương đồng dao động từ 0,43 đến 0,94 [14]. Kết quả từ các nghiên cứu này cũng cho thấy rằng có sự biến động lớn về cấu trúc di truyền của các quần thể điều ở các nơi trên thế giới.

Mối quan hệ di truyền giữa các mẫu điều sau đó được phân tích bằng PCoA. Đây là thuật toán được sử dụng rộng rãi trong các phân tích đa dạng di truyền có số lượng mẫu lớn, giúp giảm số chiều của dữ liệu cũ và làm xuất hiện các liên kết tiềm ẩn trong dữ liệu cũ. Phương pháp này đã được sử dụng thành công ở các nghiên cứu về đa dạng di truyền các cây trồng khác nhau như lúa mì [16], cao lương [17], bông vải [18]. Các mẫu điều trong nghiên cứu cũng được chia thành 5 nhóm nhỏ (Hình 3) và tương đồng với phân tích cây phát sinh loài ở Hình 2 về phân bố của các nhóm Ic gồm D6 và D7, nhóm Id gồm D11 và D12, nhóm II gồm D8 và D9. Tuy nhiên khi phân tích với PCoA, vị trí của mẫu D1 và D5 có sự thay đổi. Qua Hình 3 có thể thấy rằng D1 tạo thành nhóm chung với các mẫu D2, D3, D4 và D10. Trong khi đó mẫu D5 có sự phân biệt rõ ràng và tạo thành một nhóm riêng biệt.



Hình 3. Phân tích thành phần chính về mối liên hệ di truyền giữa 12 mẫu điều

4. KẾT LUẬN

Nghiên cứu này phân tích được mức độ đa dạng di truyền giữa một số mẫu điều được trồng ở các tỉnh Đông Nam Bộ. Kết quả đã xác định được các band DNA có tiềm năng sử dụng để phân biệt các mẫu điều ở mức độ phân tử. Các band DNA đặc trưng này có thể tiếp tục được phát triển thành chi thị SCAR (Sequence Characterized Amplified Region) để quá trình xác định các giống điều được thuận lợi và tăng độ chính xác.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Ngọc Minh - Hạt điều Việt Nam - số 1 về xuất khẩu, Hiệp hội Điều Việt Nam, 2016.
2. Nguyễn Văn Hòa, Nguyễn Như Hiến - Để cây điều Việt Nam phát triển bền vững, Tạp chí Cộng sản (1-5) (2014) 1.
3. Hoàng Khánh - Trung tâm nghiên cứu và phát triển cây điều: Khảo sát vườn điều ghép năng suất cao, Hiệp hội Điều Việt Nam (Vinacas) 2015. (truy cập tại http://www.vinacas.com.vn/index.php?route=common/news/details&news_id=579)
4. Archak S., Gaikwad A. B., Gautam D., Rao E. V. V. B, Swamy K. R. M., Karihaloo J.L. - Comparative assessment of DNA fingerprinting techniques (RAPD, ISSR and AFLP) for genetic analysis of cashew (*Anacardium occidentale* L.) accessions of India, *Genome* 46 (3) (2003) 362-369.
5. Shobha D., Thimmappaiah - Identification of RAPD markers linked to nut weight and plant stature in cashew, *Scientia Horticulturae* 129 (4) (2011) 637-641.
6. Kabita S., Kumar T. S., Charan L. P., Priyadarshini M. - Molecular assessment of genetic diversity and identification of elite cashew hybrids, *International Journal of Horticulture* 6 (2) (2016) 1-10.
7. Kamirou C. S., Timnit K., Hubert A-S, Leonard A., Aliou S., Lamine B-M, et al. - A simple and efficient genomic DNA extraction protocol for large scale genetic analyses of plant biological systems, *Plant Gene* 1 (2015) 43-45.
8. Samal S., Rout G. R., Lenka P. C. - Analysis of genetic relationships between populations of cashew (*Anacardium occidentale* L.) by using morphological characterisation and RAPD markers, *Plant, Soil and Environment* 49 (2003) 176-182.
9. Dasmohapatra R., Rath S., Pradhan B., Rout G. R. - Molecular and agromorphological assessment of cashew (*Anacardium occidentale* L.) genotypes of India, *Journal of Applied Horticulture* 16 (3) (2014) 215-221.

10. Chesnokov Y. V., Artemyeva A. M. - Evaluation of the measure of polymorphism information of genetic diversity, *Agricultural biology* 50 (5) (2015) 571-578.
11. Rohlf F. J. - NTSYS-pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.2, Exeter Software, Setauket, New York, 2000.
12. Ibrahim K. S., Gurusubramanian G., Zothansanga, Yadav R. P. Senthikumar N., Pandian S. K., Borah P., Mohan S. - *Bioinformatics - A student's companion*, Springer Science + Business Media, Singapore, 2017.
13. Botstein D., White R. L., Skolnick M., Davis R. W. - Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism, *The American Journal of Human Genetics* 32 (1980) 314-331.
14. Thimmappaiah, Santhosh W. G., Shobha D., Melwyn G. S. - Assessment of genetic diversity in cashew germplasm using RAPD and ISSR markers, *Scientia Horticulturae* 120 (3) (2009) 411-417.
15. Jena R. C., Samal K. C., Pal A., Das B. K., Chand P. K. - Genetic diversity among some promising Indian local selections and hybrids of cashew nut based on morphometric and molecular markers, *International Journal of Fruit Science* 16 (1) (2015) 69-93.
16. Bhanupriya, Das B., Satyanarayana N. H., Mukherjee S., Sarkar K. K. - Genetic diversity of wheat genotypes based on principal component analysis in Gangetic alluvial soil of West Bengal, *Journal of Crop and Weed* 10 (2) (2014) 104-107.
17. Jain S. K., Patel P. R. - Genetic diversity and principle component analyses for fodder yield and their component trait in genotypes of forage sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench), *Annals of Arid Zone* 55 (1&2) (2016) 17-23.
18. Elci E., Akiscan Y., Akgol B. - Genetic diversity of Turkish commercial cotton varieties revealed by molecular markers and fiber quality traits, *Turkish Journal of Botany* 38 (2014) 1274-1286.

ABSTRACT

EVALUATION OF GENETIC DIVERSITY OF CASHEW (*Anacardium occidentale* L.) GENOTYPES IN SOUTHEAST VIETNAM BY RAPD TECHNIQUE

Ho Viet The*, Lam Thi Kim Phung, Do Thi Thuy Trang
Ho Chi Minh City University of Food Industry
*Email: thehv@cntp.edu.vn

Understanding genetic diversity and finding genotype-specific DNA fragments are necessary for development of cashew production in Vietnam's Southeast region. In present study, the genetic relatedness of 12 cashew genotypes was characterized by Random Amplification of Polymorphic DNA (RAPD) technique by using 5 primers. The results revealed the relationship among 12 cashew samples ranging from 0.54 to 0.82. Several specific DNA amplifications were also detected which could be used to identify cashew cultivars at molecular level. The findings in this study could be potential for cultivar identification, genetic conservation and breeding of cashew in the region.

Keywords: *Anacardium occidentale*, cashew, genetic diversity, RAPD.