

PHÂN TÍCH QUAN HỆ DI TRUYỀN MỘT SỐ GIỐNG LÚA ĐẶC SẢN, CHẤT LƯỢNG, TRỒNG PHỔ BIẾN Ở VIỆT NAM BẰNG CHỈ THỊ PHÂN TỬ SSR

Trần Thị Lương¹, Lưu Minh Cúc², Nguyễn Đức Thành^{1*}

¹Viện Công nghệ sinh học, Viện Hàn lâm KH & CN Việt Nam, *nguyenducthanh_pcg@ibt.ac.vn

²Viện Di truyền Nông nghiệp

TÓM TẮT: Phân tích quan hệ di truyền các giống lúa đặc sản, chất lượng ở Việt Nam là vấn đề rất quan trọng trong việc quản lý, bảo tồn nguồn gen, xác định giống cây trồng mới. Trong nghiên cứu này, 60 giống lúa đã được chọn lựa để nghiên cứu với 40 chỉ thị SSR. Tổng cộng có 180 allen được phát hiện bởi 33 chỉ thị cho đa hình với trung bình 5,45 allen/locus. Trong số 33 locus đa hình, tìm thấy 61 allen hiếm và 14 allen đặc trưng ở 11 locus. Kết quả cho thấy, các allen đặc trưng có thể nhận dạng đặc điểm phân tử, DNA của 12 giống lúa nghiên cứu. Hệ số đa hình di truyền (PIC) dao động từ 0,06 đến 0,83 với giá trị trung bình là 0,6. Hệ số tương đồng di truyền của 60 giống lúa nghiên cứu dao động từ 0,056 đến 0,77; hai giống có hệ số tương đồng di truyền thấp nhất là Jamin 85 (DS28) và LC93-1; hai giống có hệ số tương đồng di truyền cao nhất là Q5ĐB (DS42) và KDĐB (DS43). Các số liệu thu được trong nghiên cứu này cung cấp những thông tin quan trọng cho việc nghiên cứu chọn tạo các giống lúa đặc sản và chất lượng bằng phương pháp truyền thống và phương pháp phân tử.

Từ khóa: Allen, chất lượng, chỉ thị SSR, đa dạng di truyền, lúa đặc sản.

MỞ ĐẦU

Lúa đặc sản là loại lúa cho sản phẩm chất lượng cao và mang tính đặc thù của vùng. Lúa đặc sản bao gồm các giống lúa thơm, lúa nếp và một số lúa japonica được trồng ở các vùng sinh thái khác nhau của Việt Nam. Trong các giống lúa thơm có Hương cốm, Hương chiêm, lúa Nàng nhen thơm. Các giống lúa nếp đặc sản có nếp Hoa vàng 1,2, nếp Cẩm đen, nếp Lá xanh... Các giống lúa này cùng với một số giống đặc sản cải tiến đã góp phần vào sự phát triển lúa gạo nước ta. Việc nghiên cứu đa dạng nguồn gen tập đoàn lúa đặc sản không chỉ có ý nghĩa trong việc bảo tồn các giống lúa đặc sản bản địa mà còn có ý nghĩa trong công tác chọn tạo giống lúa chất lượng cao.

Bên cạnh những giống lúa đặc sản, những giống lúa chất lượng là một trong những giống đóng vai trò quan trọng nhất, tác động ảnh hưởng đến giá cả thị trường và người tiêu dùng. Nhu cầu về giống lúa chất lượng cao những năm gần đây thay đổi bởi sở thích của người tiêu dùng và yêu cầu thị trường mạnh mẽ. Phát triển giống lúa chất lượng cao là một trong những hướng đi chính trong tiến trình cải biến giống cây trồng mới.

Sự tăng trưởng và phát triển các nguồn tài

nguyên nông nghiệp chủ yếu phụ thuộc vào đa dạng di truyền giữa các giống cây trồng khác nhau. Các giống có cấu trúc di truyền khác biệt là nguồn nguyên liệu tốt để tạo ra các giống lúa cải tiến trong tương lai. Như vậy, xác định kiểu gen và mối quan hệ giữa các các kiểu gen là vô cùng quan trọng. Sự phát triển của kỹ thuật công nghệ sinh học mới cung cấp công cụ hữu hiệu hỗ trợ đánh giá sự biến đổi di truyền ở cả hai cấp độ kiểu gen và kiểu hình. Chỉ thị phân tử là công cụ mạnh mẽ trong việc đánh giá các biến dị di truyền, giải thích mối quan hệ di truyền trong và giữa các loài, hỗ trợ việc quản lý các nguồn tài nguyên di truyền thực vật [16, 17, 20].

Trình tự lặp lại đơn giản (SSR) là công cụ quan trọng để xác định sự biến đổi di truyền nguồn gen [7, 9]. Nhờ có ưu điểm là đánh giá nhanh chóng, chính xác, cho đa hình cao và ổn định, do đó chỉ thị SSR được sử dụng rộng rãi trong phân tích đa dạng di truyền, lập bản đồ phân tử [7, 22], xây dựng dấu vân tay DNA [7, 21], kiểm tra độ tinh khiết di truyền [7, 8], phân tích sự đa dạng các nguồn gen [5, 7, 23].

Trong nghiên cứu này, chỉ thị SSR được sử dụng để nghiên cứu đa dạng nguồn gen của 60 giống lúa đặc sản và chất lượng trồng phổ biến ở Việt Nam, giúp nhận dạng các giống phục vụ cho

công tác bảo tồn và cung cấp thông tin hữu ích cho công tác chọn tạo giống lúa chất lượng cao.

VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

Vật liệu

60 giống lúa được nhận từ Viện Di truyền Nông nghiệp Việt Nam. Các giống lúa có nguồn gốc khác nhau (bảng 1).

Bảng 1. Danh sách 60 giống lúa nghiên cứu

SDK	Tên giống	Nguồn gốc	Ghi chú	SDK	Tên giống	Nguồn gốc	Ghi chú
DS1	Nếp bồ hóng Hải Dương	Việt Nam	ĐS	DS31	TL6	Việt Nam	CL
DS2	Nếp cẩm đen	Việt Nam	ĐS	DS32	TĐB6	Việt Nam	CL
DS3	Khẩu lao	Việt Nam	ĐS	DS33	Hương chiêm	Việt Nam	ĐS
DS4	Blaodang	Việt Nam	ĐS	DS34	Basmati 370	Ấn Độ	ĐS
DS5	Nếp hoa vàng 1	Việt Nam	ĐS	DS35	Nàng Hoa 9	Việt Nam	ĐS
DS6	Nếp Hải Phòng	Việt Nam	ĐS	DS36	Thái Bonet thơm	Thái Lan	ĐS
DS7	Nếp IRi352	Philippin	ĐS	DS37	OM4101	Việt Nam	CL
DS8	Nếp rồng Hà Bắc	Việt Nam	ĐS	DS38	Lúa nàng nhen thơm	Việt Nam	ĐS
DS9	Nếp 415	Việt Nam	ĐS	DS39	IR64-Sub I	Philippin	CL
DS10	Nếp BM9603	Việt Nam	ĐS	DS40	FL478	Philippin	CL
DS11	Nếp Dầu Hương	Việt Nam	ĐS	DS41	OM6975	Việt Nam	CL
DS12	Nếp ruộng 1	Việt Nam	ĐS	DS42	Q5	Trung Quốc	CL
DS13	Nếp bồ	Việt Nam	ĐS	DS43	Q5ĐB	Việt Nam	CL
DS14	Nếp vải	Việt Nam	ĐS	DS44	KDĐB	Việt Nam	CL
DS15	Nếp nồn tre	Việt Nam	ĐS	DS45	Khang dân 18	Trung Quốc	CL
DS16	Nếp hoa vàng 2	Việt Nam	ĐS	DS46	LT2	Việt Nam	CL
DS17	Nếp MTL668	Việt Nam	ĐS	DS47	Lưỡng Quảng 164	Trung Quốc	CL
DS18	Nếp lá xanh	Việt Nam	ĐS	DS48	Khâm dục	Trung Quốc	CL
DS19	Nếp nương dạng 1-2	Việt Nam	ĐS	DS49	Đoàn kết	Việt Nam	CL
DS20	Khẩu nu na	Việt Nam	ĐS	DS50	LC93-1	Việt Nam	CL
DS21	Khẩu tan hay	Việt Nam	ĐS	DS51	S103	Trung Quốc	CL
DS22	Khẩu pe	Việt Nam	ĐS	DS52	BM9820	Việt Nam	CL
DS23	Tám đứng Hải Dương	Việt Nam	CL	DS53	NN4B	Philippin	CL
DS24	Tám thơm áp bẹ	Việt Nam	CL	DS54	LT3	Việt Nam	CL
DS25	Tám xuân dài	Việt Nam	CL	DS55	ĐB6	Việt Nam	CL
DS26	Tám cao cây	Việt Nam	CL	DS56	Nam Định 1	Việt Nam	CL
DS27	Bắc thơm số 7	Trung Quốc	CL	DS57	BM9855	Việt Nam	CL
DS28	Jasmin 85	Philippin	CL	DS58	Bao thai	Việt Nam	CL
DS29	Hương thơm số 1	Trung Quốc	CL	DS59	Mộc tuyền	Việt Nam	CL
DS30	Hương cốm	Việt Nam	CL	DS60	DT122	Việt Nam	CL

SDK. Số đăng ký; ĐS. Đặc sản; CL. Chất lượng.

40 chỉ thị SSR nằm trên 12 nhiễm sắc thể của bộ gen lúa. Các chỉ thị được tổng hợp bởi hãng IDT (Hoa Kỳ) dựa vào trình tự trên Ngân hàng Gen quốc tế (GenBank) và do phòng Di truyền tế bào thực vật, Viện Công nghệ sinh học, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam cung cấp.

Phương pháp

DNA genome của các giống lúa nghiên cứu được tách chiết và tinh sạch theo phương pháp CTAB (Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide) của Saghai-Marooof et al. (1984) [13] có cải tiến cho phù hợp với điều kiện phòng thí nghiệm.

Phản ứng PCR được thực hiện với hỗn hợp phản ứng gồm 1 μ l DNA genome (25 ng/ μ l); 13,4 μ l H₂O; 2,0 μ l Buffer 10xPCR; 2,5 μ l dNTP (1 mM); 0,5 μ l mỗi F (50 ng/ μ l); 0,5 μ l mỗi R (50 ng/ μ l); 0,1 μ l enzyme Taq polymerase (5 U/ μ l). Điều kiện phản ứng PCR như sau: 94°C trong 4 phút; 35 chu kỳ của 5 phút 94°C; 30 giây 55°C-60°C (tùy thuộc Tm của mỗi); 45 giây 72°C và bước cuối cùng 72°C trong 5 phút.

Sản phẩm PCR được kiểm tra trên gel agarose 1% và tiếp tục được phân tích trên gel polyacrylamide 5% trong dung dịch đệm 0,5 X TBE ở 75V, thời gian chạy phụ thuộc vào kích thước của sản phẩm PCR, dao động từ 1-3 giờ.

Kết quả phân tích dựa trên sự xuất hiện (đánh số '1') và không xuất hiện (đánh số '0') của các băng DNA. Hàm lượng thông tin đa hình (PIC-Polymorphic Information Content) được tính toán theo phương pháp của Saal & Wricke (1999) [12].

$$PIC_i = 1 - \sum P_{ij}^2$$

Trong đó, P_{ij} là tần số xuất hiện của allen thứ j của kiểu gen i được kiểm tra. Phạm vi giá trị PIC từ 0 (không đa hình) tới 1 (đa hình hoàn toàn).

Xác định hệ số tương đồng di truyền Jaccard, thiết lập sơ đồ hình cây để so sánh hệ số tương đồng di truyền giữa 60 giống lúa dựa theo phương pháp UPGMA trong NTSYSpc 2.1.

KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Sự đa hình của các chỉ thị SSR với 60 giống lúa nghiên cứu

Kết quả thu được dựa trên sự phân tích 60 giống lúa sử dụng chỉ thị SSR cho đa hình được trình bày ở bảng 2.

Số liệu ở bảng 2 cho thấy, số lượng allen rất khác nhau giữa các locus. Trong tổng số 40 chỉ thị SSR được sử dụng nghiên cứu có 33 (82,5%) chỉ thị cho đa hình với tổng cộng 180 allen. Số lượng allen dao động từ 2 đến 10 allen, có 3 cặp mỗi cho 2 allen (RM283, RM222, RM171), có đến 8 cặp mỗi cho 7 allen (RM547, RM307, RM5, RM408, RM206, RM241, RM300, RM190, RM247), riêng cặp mỗi RM72 cho 10 allen, giá trị trung bình là 5,45 allen/locus. Với giá trị trung bình 5,45 allen/locus chứng tỏ các giống lúa nghiên cứu có độ đa hình khá cao, điều này rất có ý nghĩa trong công tác chọn tạo và xác định giống lúa. Kết quả này cũng cao hơn so với kết quả nghiên cứu của Ashfaq et al. (2012) [1] khi nghiên cứu sự đa dạng di truyền giống lúa Basmati cho 3,6 allen/locus và Rahman et al. (2012) [10] khi nghiên cứu đa dạng di truyền các giống lúa ưu tú ở Bangladesh với giá trị trung bình là 4,18 allen cho mỗi locus. Tuy nhiên, số allen trung bình này lại thấp hơn hẳn so với Thomson et al. (2007) [18] khi nghiên cứu về đa dạng di truyền các giống lúa bản địa ở Indonesia với số allen trung bình là 13 allen mỗi locus.

Hàm lượng thông tin đa hình (PIC) của 33 chỉ thị SSR dao động từ 0,06 đến 0,83, trung bình đạt 0,60. Hệ số PIC trung bình đạt 0,60 cho thấy mức độ đa dạng nguồn gen của các giống lúa là khá đa dạng. Kết quả này cũng tương tự so với một số công bố trước đây, Lapitan et al. (2007) [6] khi đánh giá đa dạng di truyền giống lúa chất lượng ở Philippin đã chỉ ra hệ số PIC trung bình của các giống lúa 0,68 trên mỗi locus. Ravi et al. (2003) [11], Jain et al. (2004) [4] cũng chỉ ra hệ số PIC trung bình 0,582; 0,61. Hệ số PIC này cao hơn so với một số nghiên cứu như: Sajib et al. (2012) [14], Hossain et al. (2012) [3] với hệ số PIC trung bình lần lượt là 0,48; 0,508. Tuy nhiên, hệ số PIC trung bình trong nghiên cứu này cũng thấp hơn hệ số PIC trung bình của Shaptadvipa et al. (2009) [15], Borba et al. (2009) [2], Upadhyay et al. (2011) [19] với hệ số PIC trung bình lần lượt là 0,923; 0,75; 0,78.

Bảng 2. Số allen thể hiện, số allen hiếm và hệ số PIC của 33 cặp môi SSR

STT	SSR locus	Số allen	Số allen hiếm	Hàm lượng thông tin đa hình (PIC)	Kích thước (bp)
1	RM18	3	1	0,35	110-120
2	RM547	7	2	0,78	220-300
3	RM17	6	3	0,61	164-189
4	RM223	6	1	0,72	144-165
5	RM283	2	0	0,35	147-150
6	RM20	5	2	0,55	137-170
7	MADS11	5	0	0,54	245-270
8	ADS20	5	2	0,59	300-340
9	RM307	7	4	0,69	120-138
10	RM5	7	2	0,64	108-123
11	RM21	6	0	0,80	126-158
12	RM287	8	5	0,82	120-142
13	RM510	4	1	0,49	115-130
14	RM312	5	1	0,66	287-320
15	RM408	7	3	0,72	126-137
16	RM585	5	2	0,57	162-210
17	RM19	8	4	0,66	230-314
18	RM162	4	1	0,45	285-347
19	RM206	7	2	0,78	153-169
20	RM222	2	1	0,06	266-278
21	RM171	2	0	0,34	350-375
22	RM241	7	4	0,72	165-190
23	RM300	7	2	0,76	135-167
24	RM277	3	1	0,35	120-128
25	RM25	6	2	0,62	138-161
26	RM133	4	0	0,52	230-270
27	RM190	7	3	0,72	115-129
28	RM148	3	0	0,56	125-136
29	RM247	7	3	0,53	130-212
30	RM38	4	0	0,61	286-295
31	RM72	10	4	0,83	162-210
32	RM270	5	2	0,56	111-127
33	RM276	6	3	0,74	170-230

Các allen hiếm và allen đặc trưng

Các allen hiếm cũng được tìm thấy trong nghiên cứu này (bảng 2). Theo Jain et al. (2004) [4] allen được coi là hiếm nếu tần số xuất hiện

của chúng nhỏ hơn hoặc bằng 5% tổng số các kiểu gen phân tích. Trong số các locus đa hình, tạo ra tổng cộng 61 allen hiếm. Chi thị RM287 cho số lượng allen hiếm cao nhất với 5 allen,

tiếp đó là các chi thị RM307, RM19, RM241 và RM72 với 4 allen hiếm mỗi locus. Có 3 giống cho số allen hiếm nhiều nhất ở 6 locus đa hình đó là giống Tám thơm áp bẹ (DS24), Thái Bonet thơm (DS36) và LC93-1 (DS50). Các allen hiếm ở trong tập đoàn giống sẽ cung cấp thông tin hữu ích cho các nhà di truyền học và chọn giống.

Ngoài ra, trong số các locus đa hình nghiên cứu có 11 locus cho các allen đặc trưng ở 12 giống lúa nghiên cứu (bảng 3). Giống Nếp nỡn

(DS15) có thể nhận dạng được bằng chi thị RM276 và RM312 với kích thước allen thu được khoảng 170 bp, 320 bp so với 60 giống lúa nghiên cứu. Ba chi thị là RM19, RM276 và RM241 cho hai allen đặc trưng ở các giống. Tuy nhiên các allen thu được có kích thước khác nhau và giúp nhận dạng được các giống như Nếp 415, Thái Bonet thơm, Nếp vải, Nếp nỡn tre, Nếp BM9603, Nếp nương dạng 1, 2 với kích thước allen lần lượt khoảng 290 bp, 250 bp, 200 bp, 170 bp, 190 bp và 185 bp.

Bảng 3. Các chi thị SSR cho allen đặc trưng ở 12 giống lúa

STT	Số đăng ký	Tên giống	Tên chi thị SSR	Kích thước allen (bp)
1	DS1	Nếp bồ hồng Hải Dương	RM223	165 bp
2	DS5	Nếp hoa vàng 1	RM72	173 bp
3	DS9	Nếp 415	RM547, RM19	220 bp, 290 bp
4	DS10	Nếp BM9603	RM241	190 bp
5	DS14	Nếp vải	RM276	200 bp
6	DS15	Nếp nỡn tre	RM276, RM312	170 bp, 320 bp
7	DS17	Nếp MTL668	RM5	108 bp
8	DS19	Nếp nương dạng 1, 2	RM241	185 bp
9	DS22	Khẩu pe	RM247	210 bp
10	DS26	Tám cao cây	RM190	129 bp
11	DS36	Thái Bonet thơm	RM19	250 bp
12	DS55	ĐB6	RM287	130 bp

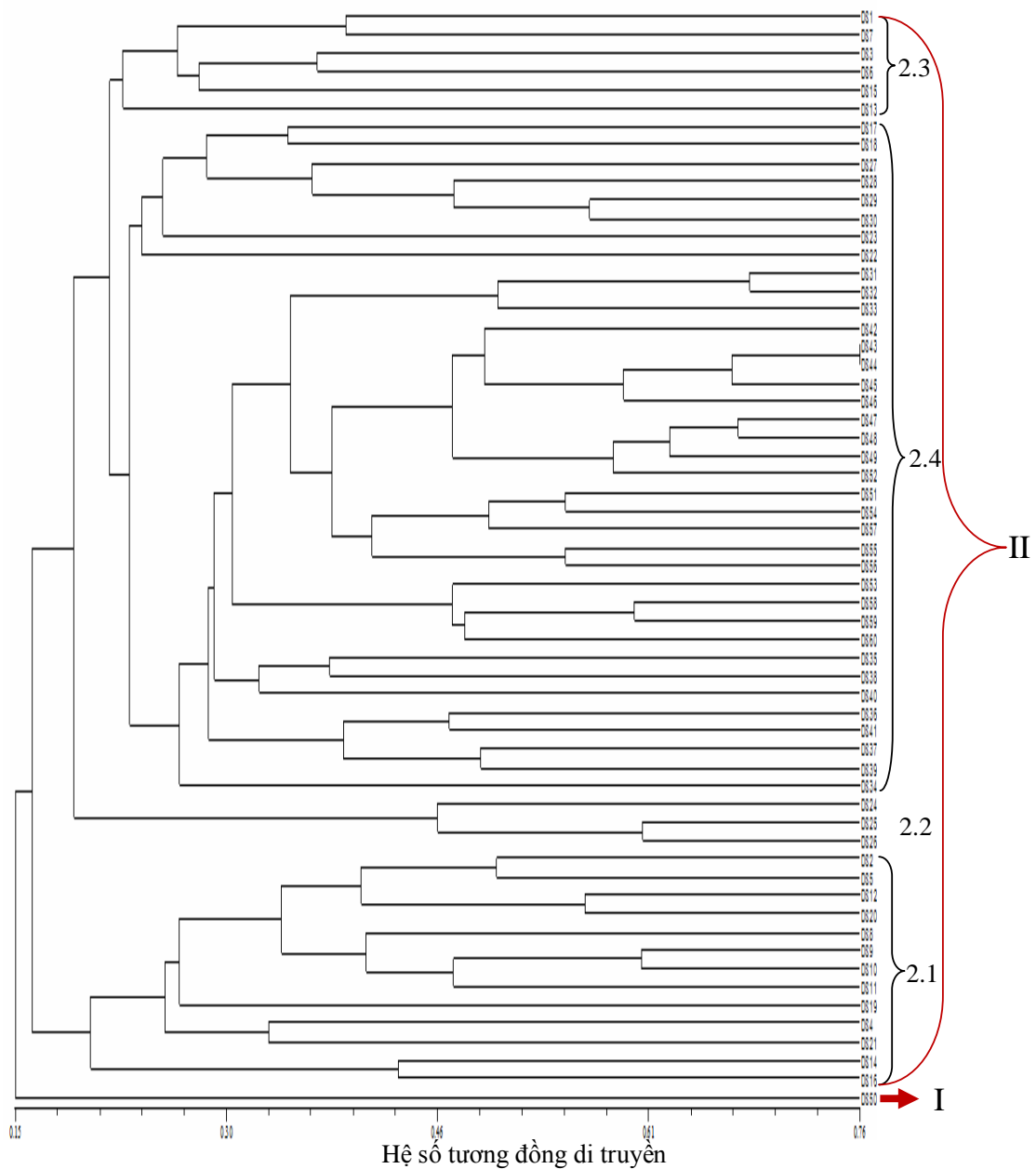
Quan hệ di truyền giữa các giống lúa nghiên cứu

Quan hệ di truyền giữa các giống lúa nghiên cứu được phân tích bằng phần mềm NTSYS 2.1, từ đó xác định được hệ số tương đồng di truyền và sơ đồ hình cây về mối quan hệ di truyền giữa các giống lúa (hình 1). Hệ số tương đồng di truyền của các giống lúa dao động từ 0,056 đến 0,77, hai giống có hệ số tương đồng di truyền thấp nhất (0,056) là Jamin 85 (DS28) có nguồn gốc từ Philippin và LC93-1 (DS50) là giống của Việt Nam chọn tạo từ giống lúa cận CT7739-2-M-3-3-2. Hai giống có hệ số tương đồng di truyền cao nhất (0,77) là Q5ĐB (DS42) với KDĐB (DS43), cả hai giống này đều là giống đột biến từ Q5, Khang Dân 18 có nguồn gốc xuất xứ từ Trung Quốc.

Ở mức độ tương đồng di truyền 14% tập

đoàn giống nghiên cứu chia làm hai nhóm. Nhóm I chỉ có duy nhất một giống là LC93-1 (DS50), với hệ số tương đồng di truyền so với các giống khác trong tập đoàn là 0,14. Giá trị hệ số tương đồng di truyền rất thấp chứng tỏ giống LC93-1 có quan hệ di truyền khá xa với các giống còn lại.

Nhóm II bao gồm 59 giống còn lại, ở mức tương đồng di truyền 16% nhóm chính II phân thành bốn nhóm phụ. Nhóm phụ 2.1 bao gồm 13 giống với hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,19 đến 0,61; hai giống có hệ số tương đồng di truyền thấp nhất (0,19) là Nếp hoa vàng 2 (DS16) và Khẩu tan hay (DS21), hai giống có hệ số tương đồng di truyền cao nhất (0,61) là Nếp 415 (DS9) và Nếp BM9603 (DS10). Các giống thuộc nhóm phụ 2.1 đều là các giống lúa đặc sản của Việt Nam.



Hình 1. Sơ đồ quan hệ di truyền của 60 giống lúa dựa trên số liệu phân tích DNA với 33 chỉ thị phân tử SSR

Nhóm phụ 2.2 gồm 3 giống là Tám thơm áp bẹ (DS24), Tám xuân dài (DS25), Tám cao cây (DS26) với hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,44 đến 0,61. Cả ba giống tám trên đều là giống lúa chất lượng của Việt Nam.

Nhóm phụ 2.3 gồm 6 giống lúa đặc sản là

Nếp bờ hóng Hải Dương (DS1), Nếp IRi352 (DS7), Khẩu lao (DS3), Nếp Hải Phòng (DS6), Nếp bờ (DS13), Nếp nỡn tre (DS15), trong đó giống Nếp bờ (DS13) có hệ số tương đồng di truyền thấp nhất (0,23) so với 5 giống còn lại và nằm ở một nhánh riêng rẽ. Hệ số tương đồng di

truyền trong nhóm này dao động từ 0,23 đến 0,39, với hệ số tương đồng di truyền như vậy chứng tỏ các giống lúa đặc sản trong nhóm này có quan hệ di truyền khá xa nhau, có thể sử dụng làm nguồn nguyên liệu tạo chọn giống lúa mới.

Nhóm phụ 2.4 bao gồm 38 giống còn lại, với mức tương đồng di truyền khoảng 23%, nhóm phụ 2.4 chia thành hai nhánh. Nhánh 2.4.1 gồm 8 giống với hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,24 đến 0,57; hai giống có hệ số tương đồng di truyền thấp nhất (0,24) là Khâu pe (DS22) và Tám đưng Hải Dương (DS23). Hai giống có hệ số tương đồng di truyền cao nhất (0,57) là Hương thơm số 1 và Hương cốm. Nhánh 2.4.2 gồm 30 giống còn lại, với hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,27 đến 0,77. Trong đó, giống Basmati 370 (DS34) có nguồn gốc từ Ấn Độ nằm riêng một nhánh, điều đó chứng tỏ giống này có quan hệ di truyền khá xa so với 37 giống còn lại. Đa số các giống trong nhóm đều là giống lúa chất lượng và có nguồn gốc khác nhau.

Nhìn chung, sơ đồ quan hệ di truyền của 60 giống lúa chia ra rất nhiều nhánh nhỏ khác nhau, đa số các giống nghiên cứu có mức tương đồng di truyền khá thấp, chỉ có một số giống có quan hệ di truyền gần nhau nhưng cũng dừng lại ở mức tương đồng di truyền cao nhất khoảng 77%. Kết quả cũng cho thấy đa số các giống lúa đặc sản có xu hướng xếp thành một nhóm, các giống lúa chất lượng cũng xếp thành một nhóm riêng rẽ với mức độ tương đồng di truyền khá xa nhau. Điều này cho thấy nguồn vật liệu hết sức phong phú cho việc nghiên cứu và phát triển các giống lúa đặc sản và chất lượng mới ở Việt Nam.

KẾT LUẬN

Trong số 40 chỉ thị SSR sử dụng trong nghiên cứu đa dạng di truyền của 60 giống lúa đặc sản và chất lượng được trồng phổ biến ở Việt Nam thì có 33 chỉ thị cho các băng DNA đa hình tại 33 locus, thu được 180 allen khác nhau, số allen dao động từ 2 đến 10 allen/locus, số allen trung bình đạt 5,45 allen/locus.

Hệ số PIC của 33 cặp môi nằm trong khoảng 0,06 đến 0,83. Hệ số PIC trung bình là 0,6.

Trong số 33 locus đa hình xuất hiện tổng cộng 61 allen hiếm. Chỉ thị RM287 cho số lượng allen hiếm cao nhất với 5 allen hiếm.

Trong số các locus đa hình nghiên cứu có 11 locus cho 14 allen đặc trưng giúp nhận dạng 12 giống lúa nghiên cứu,

Hệ số tương đồng di truyền của 60 giống lúa nghiên cứu dao động từ 0,056 đến 0,77, hai giống có hệ số tương đồng di truyền thấp nhất là Jamin 85 (DS28) và LC93-1. Hai giống có hệ số tương đồng di truyền cao nhất là Q5ĐB (DS42) và KDĐB (DS43). Các giống lúa đặc sản và chất lượng có xu hướng xếp thành các nhóm riêng rẽ.

Các số liệu thu được trong nghiên cứu này cung cấp những thông tin quan trọng cho việc nghiên cứu chọn tạo các giống lúa đặc sản và chất lượng bằng phương pháp truyền thống và phương pháp phân tử.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Ashfaq M., Khan A. S., 2012. Genetic diversity in basmati rice (*Oryza sativa* L.) germplasm as revealed by microsatellite (SSR) markers. *Genetica*, 48(1): 62-7.
2. Borba T. C. O., Brondani R. P., Rangel P. H., Brondani C., 2009. Microsatellite marker-mediated analysis of the EMBRAPA rice core collection genetic diversity. *Genetica*, 137(3): 293-304.
3. Hossain M. M., Islam M. M., Hossain H., Ali M. S., Teixeira da Silva J. A., Komamine A, Prodhan S. H., 2012. Genetic diversity analysis of aromatic landraces of rice (*Oryza sativa* L.) by microsatellite markers. *Genes, Genomes and Genomics*, 6(S11): 42-47.
4. Jain S., Jain R. K., McCouch S. R., 2004. Genetic analysis of Indian aromatic and quality rice (*Oryza sativa* L.) germplasm using panels of fluorescently-labeled microsatellite markers. *Theor. Appl. Genet.*, 109(5): 965-977.
5. Jin L., Lu Y., Xiao P., Sun M., Corke H., Bao J., 2010. Genetic diversity and population structure of a diverse set of rice

- germplasm for association mapping. *Theor. Appl. Genet.*, 121(3): 475-487.
6. Lapitan C. V., Darshan S. B., Toshinori A., Redona D. E., 2007. Assessment of genetic diversity of Philippine rice cultivars carrying good quality traits using SSR markers. *Breed. Sci.*, 57 : 263-270.
 7. Ma H., Yin Y., Guo Z. F., Cheng L. J., Zhang L., Zhong M., Shao G. J., 2011. Establishment of DNA fingerprinting of Liaojing series of japonica rice. *MEJSR.*, 8(2): 384-392.
 8. Peng S. T., Zhuang J. Y., Yan Q. C., Zheng K. L., 2003. SSR markers selection and purity detection of major hybrid rice combinations and their parents in China. *Chin. J. Rice. Sci.*, 17(1): 1-5.
 9. Powel W., Morgante M., Andre C., Hanafey M., Vogel J., Tingey S., Rafalski A., 1996. Comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR markers for germplasm analysis. *Mol. Breed.*, 2(3): 225-238.
 10. Rahman M. M., Rasaul G. M., Hossain A. M., Iftekharuddaula M. K., Hasegawa. H., 2012. Molecular Characterization and Genetic Diversity Analysis of Rice (*Oryza sativa* L.) Using SSR Markers. *J. Crop Dev.*, 26(2): 244-257.
 11. Ravi M., Geethanjali S., Sameeyafarheen F., Maheswaran M., 2003. Molecular Marker based Genetic Diversity Analysis in Rice (*Oryza sativa* L.) using RAPD and SSR markers. *Euphytica*, 133: 243-252.
 12. Saal B., Wricke G., 1999. Development of simple sequence repeat makers in rye (*Secale cereale* L.). *Genome*, 42(5): 964-972.
 13. Saghai-Marroof M. A., Soliman K. M., Jorgensen R. A., Allard R. W., 1984. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Medelian inheritance, chromosomal location and population dynamics. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, 81: 8014-8018.
 14. Sajib M. A., Hossain M. Md., Mosnaz J. M. T. A., Hossain Hosneara, Islam Monirul Md., Ali Shamsheer Md., Prodhan. H. S., 2012. SSR marker-based molecular characterization and genetic diversity analysis of aromatic landraces of rice (*Oryza sativa* L.). *J. Biosci. Biotech.*, 1(2): 107-116.
 15. Shaptadvipa B., Sarma N. R., 2009. Study on Apparent Amylose Content in Context of Polymorphism Information Content along with Indices of Genetic Relationship Derived through SSR Markers in *Birain*, *Bora* and *Chokuwa* Groups of Traditional Glutinous Rice (*Oryza sativa* L.) of Assam. *Asian J. Biochem.*, 4: 45-54.
 16. Song Z. P., Xu X., Wang B., Chen J. K., Lu B. R., 2003. Genetic diversity in the northernmost *Oryza rufipogon* populations estimated by SSR markers. *Theor. Appl. Genet.*, 107: 1492-1499.
 17. Teixeira da Silva J. A., 2005. Molecular markers for phylogeny, breeding and ecology in agriculture. In: Thangadurai D, Pullaiah T, Tripathy L (Eds) *Genetic Resources and Biotechnology* (Vol. III), Regency Publications, New Delhi, India, p: 221-256.
 18. Thomson M. J., Septiningsih E. M., Suwardjo F., Santoso T. J., Silitonga T. S., McCouch S. R., 2007. Genetic diversity analysis of traditional and improved Indonesian rice (*Oryza sativa* L.) germplasm using microsatellite markers. *Theor. Appl. Genet.*, 114(3): 559-68.
 19. Upadhyay P., Singh V. K., Neeraja C. N., 2011. Identification of genotype specific alleles and molecular diversity assessment of popular rice (*Oryza sativa* L.) varieties of India. *Int. J. Plant Breed. Genet.*, 5(2): 130-140.
 20. Virk P. S., Newbury J. H., Bryan G. J., Jackson M. T., Ford-Lloyd B. V., 2000. Are mapped or anonymous markers more useful for assessing genetic diversity. *Theor. Appl. Genet.*, 100: 607-613.
 21. Xiao X. Y., Wang Y. P., Zhang J. Y., Li S. G., Rong T. Z., 2006. SSR marker-based genetic diversity fingerprinting of hybrid

- rice in Sichuan, China. *Chin. J. Rice. Sci.*, 20(1): 1-7.
22. Zhang S. B., Zhu Z., Zhao L., Zhang Y. D., Chen T., Lin J., Wang C. L., 2007. Identification of SSR markers closely linked to eui gene in rice. *Yi Chuan (Hereditas-Beijing)*, 29(3): 365-370.
23. Zhou H. F., Xie Z. W., Ge S., 2003. Microsatellite analysis of genetic diversity and population genetic structure of a wild rice (*Oryza rufipogon* Griff) in China. *Theor. Appl. Genet.*, 107(2): 332-339.

**GENETIC RELATIONSHIP OF SPECIALTY AND QUALITY RICE
(*ORYZA SATIVA* L.) GROWN POPULARLY IN VIETNAM REVEALED
BY SIMPLE SEQUENCE REPEAT (SSR) MARKERS**

Tran Thi Luong¹, Luu Minh Cuc², Nguyen Duc Thanh¹

¹Institute of Biotechnology, VAST

²Agricultural Genetics Institute

SUMMARY

The genetic relationship analysis of specialty and quality rice in Vietnam is very important for genetic management, conservation and new varietal identification. In this study, sixty rice varieties were selected for the study with 40 SSR markers. A total of 180 alleles were detected by 33 polymorphic markers with an average of 5.45 per locus. Out of 33 polymorphic loci, 61 rare alleles and 14 unique alleles were identified. These unique alleles could be useful for molecular characterization and DNA fingerprinting of 12 rice varieties. Polymorphic information content (PIC) values ranged from 0.06 to 0.83, with an average of 0.6. Genetic similarity coefficient of 60 studied rice varieties ranged from 0.056 to 0.77. Two varieties Jamin 85 (DS28) and LC93-1 had the lowest genetic similarity coefficient. The highest genetic similarity coefficient was recorded in Q5DB (DS42) and KDDB (DS43).

The results of this study provide important informations for the study and development of specialty and high quality rice varieties by traditional methods and molecular technologies.

Keywords: Alleles, genetics diversity, quality, specialty, SSR marker.

Ngày nhận bài: 26-1-2013