

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

- Các giống ớt cay mới của Hàn Quốc được đánh giá trong hai vụ thu đông 2018 và thu đông 2019 đều thể hiện khả năng sinh trưởng, phát triển phù hợp với điều kiện sinh thái vùng Gia Lâm, Hà Nội, cho năng suất cao, chất lượng tốt. Đặc biệt thể hiện tính chống chịu trên đồng ruộng khá với một số bệnh hại chính trên cây ớt như héo rũ, bệnh đốm lá và bệnh virus.

- Với nhóm ớt chỉ thiên xác định được giống PBI 301 là giống triển vọng, kích thước quả phù hợp với thị hiếu người tiêu dùng Việt Nam: quả nhỏ thon dài, thẳng, đạt năng suất cao trong vụ Thu Đông, chống chịu bệnh khá.

- Với nhóm chỉ địa xác định được giống SP-04, PR Sindaejang, 16-1392, 16-1393, Hukkeunwang là các giống sinh trưởng khỏe cho năng suất cao và khả năng chống chịu một số bệnh hại trên đồng ruộng. Đây là các giống ớt dạng quả to phù hợp với thị hiếu

của người tiêu dùng, trong đó có người Hàn Quốc như ăn tươi, salad, xào...

4.2. Đề nghị

Thử nghiệm sản xuất cho các giống ớt triển vọng của Hàn Quốc tại các vùng trồng ớt hàng hóa của Việt Nam.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

AVRDC, 1998. *Bệnh hại cây ớt (Tài liệu hướng dẫn đồng ruộng)*. Nhà xuất bản Nông nghiệp.

QCVN 01-64:2011/BNNPTNT. Quy chuẩn kỹ thuật quốc gia về khảo nghiệm giá trị canh tác và sử dụng của giống ớt.

Tổng cục Thống kê, 2020. Số liệu thống kê cây rau.

Dony, 2020. *Diện tích trồng, sản lượng và lượng nhập khẩu, quy mô thị trường ớt theo từng năm*. Địa chỉ: <https://m.blog.naver.com/donysuny/221799871571>; truy cập 25/8/2020.

KOPIA - Việt Nam, 2019. Báo cáo tiềm năng nhu cầu rau xanh của Hàn Quốc.

FAOSTAT, 2017. Diện tích, năng suất và sản lượng các cây rau.

Evaluation of new Korean hot pepper varieties in GiaLam, Hanoi

Hoang Minh Chau, Ngo Thi Hanh, Pham Thi Xuan, Un Jin Lee

Abstract

New Korean hot pepper varieties were evaluated in Autumn-winter 2018 and Autumn-winter 2019 crop seasons by the Fruit and Vegetable Research Institute and some promising ones were selected. For the erect hot pepper group, the promising variety PBI301 was identified to have medium fruit shape, high yield at 17.9 - 18.6 tons/ha, while control variety Diamond had small fruit shape with the yield of 12.6 - 13.0 tons/ha. For the pendent hot pepper group, varieties including SP404, PR Sindaejang, 16-1392, 16-1393, Hukkeunwang were considered as the promising varieties. They had vigorous growth, beautiful fruit shape, high yield, high disease resistance and good quality. Especially, SP 404 variety had the highest yield of 56.9 - 59.9 tons/ha, while hot chilli control variety had 23.4 - 25.56 tons/ha.

Key words: Korean hot peppers, evaluation, erect type, pendent type

Ngày nhận bài: 03/9/2020

Ngày phản biện: 19/9/2020

Người phản biện: TS. Tô Thị Thu Hà

Ngày duyệt đăng: 24/9/2020

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN MỘT SỐ GIỐNG QUÍT ĐỊA PHƯƠNG Ở VIỆT NAM BẰNG CHỈ THỊ SSR

Lê Thị Thu Trang¹, Đàm Thị Thu Hà¹, Lã Tuấn Nghĩa¹, Nguyễn Mạnh Điệp¹, Vũ Thị Thảo Mi¹, Hoàng Trọng Cảnh¹

TÓM TẮT

Nghiên cứu thiết lập tiêu bản ADN của tập đoàn 29 giống quýt địa phương, sử dụng 30 chỉ thị SSR để nghiên cứu đa hình giữa các giống quýt. Kết quả cho thấy tổng số alen phát hiện tại 30 locut là 93 alen khác nhau, trung bình 3,1 alen/locut. Hệ số thông tin đa hình của mỗi (PIC) cao nhất là 0,81, thấp nhất là 0,33, trung bình đạt 0,55; và mức

¹ Trung tâm Tài nguyên Thực vật

độ tương đồng di truyền trong khoảng từ 0,55 đến 0,89. Tại mức tương đồng di truyền 0,55, các giống quýt nghiên cứu chia làm 2 nhóm: nhóm I gồm 24 giống có mức tương đồng di truyền từ 0,59 đến 0,89, Nhóm II gồm 5 giống có mức tương đồng di truyền từ 0,59 đến 0,78. Nghiên cứu đã xác định được 5 chỉ thị cho nhận dạng đặc trưng gồm Ci07D10, CiBE1500, CiBE0105, CiBE0246, ACT09. Các kết quả thu được có ý nghĩa trong công tác nhận dạng giống phục vụ công tác bảo tồn cũng như chọn lọc giống quýt ở Việt Nam.

Từ khóa: Quýt địa phương, chỉ thị SSR, đa dạng di truyền, tiêu bản ADN

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Cây quýt (*Citrus reticulata*) là một trong những loài cây có múi được trồng phổ biến và mang lại giá trị kinh tế cao ở Việt Nam. Trong những năm gần đây, cây quýt được xem là một trong những đối tượng tham gia tích cực vào chuyển đổi cơ cấu cây trồng, nhất là tại các tỉnh miền núi phía Bắc. Các giống quýt được trồng tại Việt Nam khá đa dạng về đặc điểm hình thái, sinh lý và chất lượng quả nhờ vào sự đa dạng về khí hậu, địa hình phức tạp, và quá trình nhân giống chủ yếu từ hạt, thụ phấn chéo .v.v. Tuy nhiên, hiện nay, các tập đoàn cây có múi mới chỉ được thu thập, lưu giữ và đánh giá sơ bộ, rất ít kết quả nghiên cứu, đánh giá, tư liệu hóa một cách hệ thống. Đặc biệt, những dữ liệu, thông tin phân tích ở mức độ phân tử, mức độ gen, DNA barcoding, v.v... của các nguồn gen cây quýt địa phương/ bản địa có ý nghĩa khoa học và có vai trò thực tiễn rất cao trong việc xác định nguồn gốc, phân loại, khai thác và bảo tồn nguồn gen. Việc phân loại về phát sinh loài cây có múi nói chung và cây quýt nói riêng rất phức tạp, dễ nhầm lẫn và gây nhiều tranh cãi do quá trình lai tạo tự nhiên giữa các giống cùng loài hoặc khác loài,

tần số cao của đột biến chỗi, lịch sử canh tác lâu đời và phân bố rộng (Nicolosi E. *et al.*, 2000).

Vì vậy, với tính cấp thiết cao và nhu cầu thực tế hiện nay, chúng tôi đã sử dụng chỉ thị SSR để nghiên cứu đánh giá đa dạng di truyền, nhận dạng một số giống quýt địa phương có năng suất, chất lượng ở Việt Nam. Kỹ thuật SSR đã được ứng dụng rộng rãi ở nhiều nước trên thế giới, với nhiều đối tượng cây trồng khác nhau. Dựa vào kỹ thuật phân tử SSR, nghiên cứu sẽ giúp phát hiện chính xác sự khác biệt ADN giữa các giống quýt, từ đó chứng minh sự đa dạng của hệ gen cây quýt, tạo cơ sở dữ liệu phục vụ công tác bảo tồn, phát triển và hỗ trợ chọn tạo giống mới.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Hai mươi chín giống quýt địa phương có nguồn gốc thu thập ở Lạng Sơn, Bắc Kạn, Hà Giang, Tuyên Quang, Yên Bái, Phú Thọ, Sơn La, Huế, Đồng Tháp và Hà Nội; hiện đang được lưu giữ ở các vườn trong hệ thống mạng lưới bảo tồn của Trung tâm Tài nguyên thực vật (Bảng 1).

Bảng 1. Danh sách các giống quýt địa phương nghiên cứu

TT	Kí hiệu mẫu	Tên giống	Nơi thu thập	TT	Kí hiệu mẫu	Tên giống	Nơi thu thập
1	Q1	Quýt đường	Đồng Tháp	16	Q16	Quýt Sa Đường	Hà Giang
2	Q2	Quýt Chiềng Cọ	Sơn La	17	Q17	Quýt chùm	Hà Giang
3	Q3	Quýt hồng	Đồng Tháp	18	Q18	Quýt vàng vỏ dòn	Yên Bái
4	Q4	Quýt Tích Giang	Hà Nội	19	Q19	Quýt rừng	Ninh Bình
5	Q5	Quýt Hương Cẩn	Huế	20	Q20	Quýt Chu Sa	Bắc Giang
6	Q6	Quýt Tràng Định	Lạng Sơn	21	Q21	Quýt vàng	Hà Giang
7	Q7	Quýt lửa	Nghệ An	22	Q22	Quýt vòi	Thanh Hóa
8	Q8	Quýt Đông Khê	Phú Thọ	23	Q23	Quýt Lý Nhân	Nghệ An
9	Q9	Quýt Đỏ Ngọc Hội	Tuyên Quang	24	Q24	Quýt Đại Hồng	Nghệ An
10	Q10	Quýt chum	Hà Giang	25	Q25	Quýt Nghĩa Lộ	Yên Bái
11	Q11	Quýt hôi	Hà Giang	26	Q26	Quýt sen	Hà Giang
12	Q12	Quýt ngọt Hà Giang	Hà Giang	27	Q27	Quýt khớp	Hà Tĩnh
13	Q13	Quýt bộp	Hà Giang	28	Q28	Quýt sáp	Cần Thơ
14	Q14	Quýt Bắc Kạn	Bắc Kạn	29	Q29	Quýt giấy	Quảng Ninh
15	Q15	Quýt đỏ	Hà Giang				

Ba mươi chỉ thị SSR được định vị trên hệ genome cây có múi với thông tin về trình tự, kích thước, nhiệt độ gắn mỗi đã công bố trên NCBI được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền của 29 giống quýt.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Tách chiết ADN tổng số: ADN tổng số của các giống quýt nghiên cứu được tách chiết từ lá non và tinh sạch theo phương pháp của Doyle và Doyle (1990). Nồng độ ADN tổng số được xác định trên gel agarose 1% và máy nanodrop Lite.

- Kỹ thuật PCR: Phản ứng PCR với mỗi SSR được thực hiện với thành phần phản ứng gồm: 12,5 µl PCR Master Mix 2X (Themor), 1 µl mỗi xuôi (10 pmol); 1 µl mỗi ngược (10 pmol); 1 µl DNA (50 ng/ µl); 9,5 µl H₂O khử ion. Điều kiện phản ứng PCR như sau: 95°C trong 5 phút; 35 chu kỳ gồm: 94°C trong 1 phút, 55 - 60°C trong 30 giây (tùy thuộc vào Tm của mỗi), 72°C trong 30 giây; 72°C trong 7 phút, bảo quản 4°C.

- Kiểm tra sản phẩm PCR: Sản phẩm PCR được điện di trên gel polyacrylamide 8%, và phát hiện dưới tia UV bằng phương pháp nhuộm Ethidium Bromide, kích thước sản phẩm PCR được so sánh với thang ADN 50.

- Phân tích số liệu:

Số liệu phân tích SSR dựa vào kết quả điện di sản phẩm PCR và sự xuất hiện băng SSR của các giống quýt đối với từng cặp mỗi và được quy ước số hóa: số (1) xuất hiện băng SSR, số (0) không xuất hiện băng SSR.

Mức độ đa dạng của locut được đánh giá bằng hệ số thông tin đa hình PIC (Polymorphism information content) được tính theo phương pháp của Mohammadi và Prasanna (2003).

Sơ đồ hình cây và xác định khoảng cách di truyền của các giống được thiết lập bằng phần mềm NTSYSpc 2.11X theo phương pháp của Rohlf (2000).

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

- Thời gian nghiên cứu: Năm 2018 - 2019.

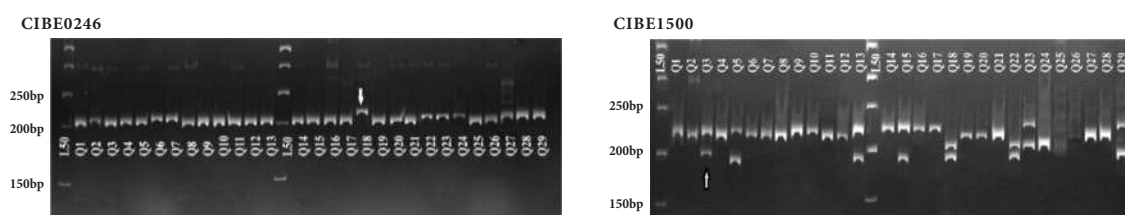
- Địa điểm nghiên cứu: Phòng thí nghiệm công nghệ sinh học, Bộ môn Đa dạng sinh học nông nghiệp, Trung tâm Tài nguyên thực vật - An Khánh, Hoài Đức, Hà Nội.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Lập tiêu bản ADN của các giống quýt

Các mẫu lá non của 29 giống quýt được sử dụng để tách chiết ADN tổng số, kết quả tách chiết thu được các mẫu ADN tổng số có độ tinh sạch nằm trong khoảng 1,8 - 2,0 và nồng độ khá cao từ 150 - 350 ng/µl, hoàn toàn đáp ứng được yêu cầu cho phản ứng PCR.

Tổng số 30 tiêu bản ADN của các giống quýt ở các locut SSR được thiết lập với 93 alen, trung bình 3,1 alen/locut. Có đến 9 chỉ thị có mức đa hình cao > 3 alen/locut có thể sử dụng các chỉ thị này như bộ chỉ thị phân tử cho xác định giống quýt, trong đó locut CiBE2165 có số alen cao nhất là 6 alen, tiếp đến là 3 locut P1223, CiBE1500 và CiBE1098 cho 5 alen và 5 locut AG14, CT02, CiBE1137, CiBE2016, CiBE2227 cho 4 alen.



Hình 1. Ảnh tiêu bản của các giống quýt với mỗi CiBE0246 và CiBE1500

(Ghi chú: L50: thang ADN 50bp, Q1- Q14: tương ứng với kí hiệu mẫu ở bảng 1)

Kết quả phân tích hình ảnh điện di sản phẩm PCR của các giống quýt nghiên cứu với 30 chỉ thị SSR trên gel polyacrylamide 8% cho thấy các băng ADN có kích thước nằm trong khoảng từ 106 bp - 380 bp. Tại mỗi locut, kích thước các alen thu được dao động trong khoảng từ 5bp (CT21) - 50bp (CT02). Tần số alen phổ biến tại mỗi locut dao động từ 23,07 % đến 93,1 %. Kết quả này thấp hơn nhiều so với kết quả nghiên cứu của Kinley Dorji và Chinawat Yapwattanaphun (2015) về nghiên cứu đa dạng di

truyền trên tập đoàn 50 mẫu giống cam quýt của 14 nước Châu Á với số alen trung bình đạt 7,82.

Trong tổng số 30 locut nghiên cứu, có 5 locut xuất hiện alen đặc trưng ở 5 giống. Các alen đặc trưng đã phát hiện sẽ giúp nhận dạng các giống trên nhờ xuất hiện các băng ADN có kích thước khác nhau như quýt Đường (Q1) có thể được nhận dạng bằng chỉ thị Ci07D10 với băng ADN có kích thước 185 bp, quýt hồng (Q3) được nhận dạng bằng chỉ thị CiBE1500 với băng ADN kích thước 250 bp, quýt Hương Cẩn

(Q5) được nhận dạng bằng chỉ thị ACT09 với băng ADN kích thước 165 bp, quýt Bốp (Q13) được nhận dạng bằng chỉ thị CiBE0105 với băng ADN có kích thước 160 bp, quýt vàng vỏ dòn (Q18) được nhận dạng bằng chỉ thị CiBE0246 với băng ADN có kích thước 220 bp (Bảng 2, Hình 1).

Bảng 2. Thông tin về đa dạng di truyền tại các locut SSR của giống quýt

TT	Locut SSR	Số alen	Kích thước alen (bp)	Tần số alen phổ biến	Giống xuất hiện alen đặc trưng và kích thước alen	Hệ số PIC
1	AG14	4	143 - 170	44,12		0,67
2	ACT09	3	165 - 200	61,54	Q5 (165 bp)	0,49
3	CAC23	2	250 - 275	65,63		0,45
4	Ci01C07	2	225 - 240	90,00		0,46
5	Ci02F07	2	175 - 185	53,19		0,50
6	Ci06A05b	3	190 - 220	61,76		0,54
7	Ci07B09	2	187 - 193	64,29		0,46
8	Ci07C09	3	245 - 255	50,00		0,62
9	Ci07D10	3	150 - 185	71,88	Q1 (185 bp)	0,42
10	Ci07E06	2	210 - 225	93,10		0,33
11	Ci08A10	3	156 - 170	51,51		0,59
12	CT02	4	125 - 175	37,14		0,70
13	CT21	2	135 - 140	58,62		0,49
14	GT03	2	150 - 175	62,50		0,47
15	mCrCiR01D06a	2	235 - 245	66,67		0,44
16	mCrCIR06A02	3	225 - 235	51,72		0,62
17	mCrCIR06A03	2	210 - 230	57,78		0,49
18	NTCP9	2	273 - 280	56,25		0,49
19	P1223	5	200 - 240	33,33		0,76
20	CiBE0246	3	205 - 220	65,52	Q18 (220bp)	0,47
21	CiBE0105	3	153 - 160	75,86	Q13 (160bp)	0,38
22	CiBE2165	6	260 - 294	24,07		0,81
23	CiBE1500	5	245 - 275	33,33	Q3 (250bp)	0,73
24	CiBE1098	5	106 - 125	35,56		0,75
25	CiBE1137	4	148 - 163	65,71		0,52
26	CiBE0890	3	260 - 275	65,52		0,51
27	CiBE1116	2	268 - 275	64,52		0,46
28	CiBE1168	3	360 - 380	66,67		0,50
29	CiBE2016	4	265 - 380	47,62		0,68
30	CiBE2227	4	140 - 155	32,61		0,74
	<i>Nhỏ nhất</i>	2		24,07		0,33
	<i>Lớn nhất</i>	6		93,10		0,81
	<i>Trung bình</i>	3,1				0,55
	<i>Tổng số</i>	93				

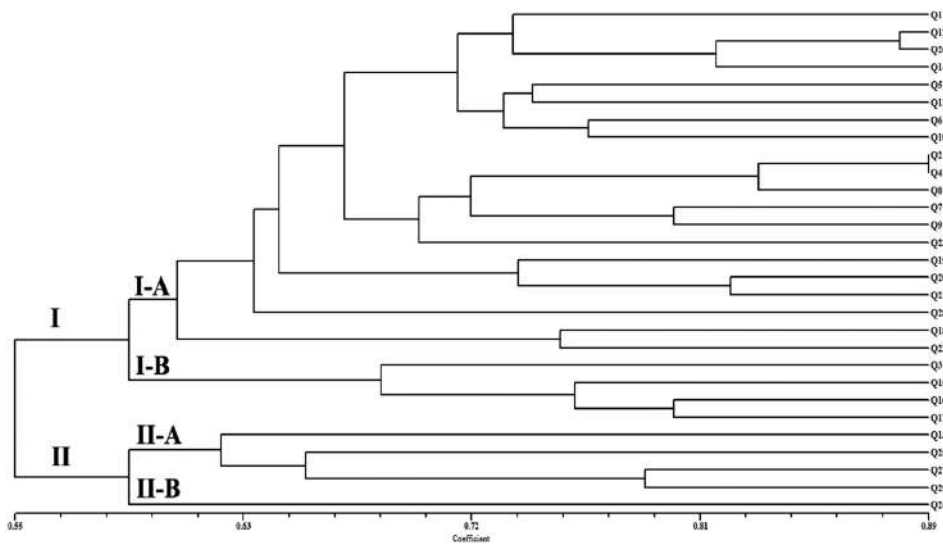
Ghi chú: PIC: Hệ số đa hình.

Hệ số thông tin đa hình của mỗi (PIC) được coi là thước đo tính đa dạng di truyền của các alen ở từng locus SSR. Kết quả phân tích số liệu ở Bảng 3 cho thấy, hệ số PIC thu được tại 30 locut SSR nghiên cứu dao động từ 0,33 (Ci07E06) đến 0,81 (CiBE2165); trung bình đạt 0,55. 16 mẫu cho tính đa hình cao với giá trị PIC $\geq 0,5$ (chiếm 53,33%) (bảng 2). Theo DeWoody và cộng tác viên (1995), các mẫu SSR có giá trị PIC lớn hơn hoặc bằng 0,50 sẽ cho sự phân biệt cao về tỉ lệ đa hình của các mẫu đó. Như vậy, mức độ đa dạng của các alen ở các giống quýt nghiên cứu là khá cao, tương đương với nghiên cứu của Digvender Pal và cộng tác viên (2013) và nghiên cứu của Nguyễn Phương Thủy và cộng tác viên (2019) với hệ số PIC trung bình là 0,50.

3.2. Quan hệ di truyền giữa các giống quýt trong tập đoàn

Quan hệ di truyền giữa 29 mẫu giống quýt với 30 mẫu SSR được phân tích UPGMA bằng phần mềm NTSYSpc2.1 từ đó thiết lập được bảng hệ số tương đồng di truyền và sơ đồ hình cây về mối quan hệ di truyền giữa các mẫu giống quýt nghiên cứu.

Dựa vào sơ đồ hình cây giữa các giống quýt nghiên cứu cho thấy mức tương đồng di truyền của cả nhóm giống biến động từ 0,55 đến 0,89, điều này chứng tỏ tập đoàn các giống nghiên cứu rất đa dạng (khác biệt di truyền giữa các giống nghiên cứu khá lớn từ 11 - 45%). Ở mức tương đồng 0,55 thì 29 mẫu giống quýt được phân tách thành 2 nhóm (Hình 2).



Hình 2. Sơ đồ hình cây về mối quan hệ di truyền của 29 giống quýt dựa trên các chỉ thị SSR

Nhóm I gồm 24 giống, tại mức tương đồng 0,59 được phân tách thành 2 phân nhóm I-A (20 giống) và I-B (4 giống). Phân nhánh I-A, gồm 20 giống có mức tương đồng di truyền từ 0,60 đến 0,89, trong đó có 2 giống có hệ số tương đồng cao nhất 0,89 là quýt Chiềng cọ (Q2) và quýt Tích Giang (Q4), tiếp đến là giống quýt ngọt Hà Giang (Q12) và quýt sen (Q26) có hệ số tương đồng di truyền là 0,88. Phân nhánh I-B gồm 4 giống Quýt hồng (Q3), quýt đỏ (Q15), quýt Sa đường (Q16) và quýt chùm (Q17) có mức tương đồng di truyền từ 0,67 đến 0,79.

Nhóm II gồm 5 giống, trong đó giống quýt Đại Hồng (Q24) nằm tách riêng với các giống còn lại tại mức tương đồng 0,59. Trong phân nhánh II-A, giống quýt Bộp (Q13) tách riêng với 3 giống quýt nghĩa lộ (Q25), quýt khớp (Q27) và quýt giấy (Q29) tại mức tương đồng 0,62.

Kết quả phân nhóm dựa vào khoảng cách di truyền đã phân tích có thể thấy, các giống quýt

nghiên cứu khá đa dạng, mức độ đa dạng di truyền của các giống rất khác nhau. Đây là cơ sở để phân loại, xác định các nhóm ưu thế lai, nhận dạng các giống phục vụ công tác bảo tồn, khai thác và chọn tạo giống ở Việt Nam.

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Với 30 chỉ thị SSR sử dụng trong nghiên cứu đa dạng di truyền 29 mẫu giống quýt thu được 93 alen khác nhau, 9 chỉ thị có mức đa hình cao >3 alen/locut có thể sử dụng các chỉ thị này như bộ chỉ thị phân tử cho xác định giống quýt địa phương. Hệ số đa hình di truyền (PIC) dao động từ 0,33 đến 0,81, trung bình là 0,55.

Mối quan hệ di truyền của 29 giống quýt từ các địa phương khác nhau đã xác định có mức độ tương đồng di truyền từ 0,55 đến 0,89. Tại mức tương đồng

di truyền 0,55, các giống quýt nghiên cứu chia làm 2 nhóm: nhóm I gồm 24 giống có mức tương đồng di truyền từ 0,59 đến 0,89, Nhóm II gồm 5 giống có mức tương đồng di truyền từ 0,59 đến 0,78.

Xác định được 5 chỉ thị ADN đặc trưng có thể nhận dạng được các giống quýt gồm Ci07D10 nhận dạng giống quýt Đường, CiBE1500 nhận dạng giống quýt Hồng, ACT09 nhận dạng giống quýt Hương Cẩn, CiBE0105 nhận dạng giống quýt Bộp, CiBE0246 nhận dạng giống quýt vàng vỏ dòn. Đây là thông tin hữu ích cho công tác bảo tồn và chọn tạo giống quýt trong tương lai.

4.2. Đề nghị

Sử dụng kết quả phân tích đa dạng di truyền giữa các giống quýt địa phương nghiên cứu làm cơ sở để lựa chọn tổ hợp lai có hiệu quả trong công tác chọn tạo giống mới.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được tự hiện với sự hỗ trợ kinh phí của đề tài: “Xây dựng cơ sở dữ liệu nguồn gen và mã vạch ADN (DNA barcode) cho các loài cây có múi (bưởi, cam, và quýt) bản địa/địa phương của Việt Nam” thuộc chương trình trọng điểm phát triển và ứng dụng công nghệ sinh học trong lĩnh vực nông nghiệp và phát triển nông thôn đến năm 2020, Bộ Nông nghiệp và PTNT. Nhóm tác giả xin trân trọng cảm ơn.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Nguyễn Phương Thúy, Trần Thị Thảo Như, Đinh Thị Thu Thảo, Trần Thị Oanh Yến, 2019. Đánh giá đa dạng di truyền các cá thể quýt đường Trà Vinh tuyển chọn bằng chỉ thị SSR. *Tạp chí Khoa học Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam*, 104 (7): 7-13.
- DeWoody J. A., R. L. Honeycutt, L. C. Skow, 1995. Microsatellite markers in white-tailed deer. *J. Hered.*, 86: 317-319.
- Digvender Pal, S. K. Malik, Susheel Kumar, Ravish Choudhary, K. C. Sharma, Rekha Chaudhury, 2013. Genetic Variability and Relationship Studies of Mandarin (*Citrus reticulata* Blanco). Using Morphological and Molecular Markers. *Agric. Res.*, 2 (3): 236-245.
- Doyle J. J. and Doyle J. L., 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12: 13-15.
- Kinley Dorji and Chinawat Yapwattanaphun, 2015. Assessment of the genetic variability amongst mandarin (*Citrus reticulata* Blanco) accessions in Bhutan using AFLP markers. *BMC Genetics*, 16 (39): 7.
- Mohammadi S.A. and Prasanna B.M., 2003. Analysis of genetic diversity in crop plant - Salient statistical tool and considerations. *Crop Sci.*, 43 (4): 1235-1248.
- Nicolosi E, Deng Z.N, Gentile A, La Malfa S, Continella G. and Tribulato E., 2000. Citrus phylogeny and genetic origin of important specie as investigated by molecular markers. *Theor. Appl. Genet.*, 100 (8): 1155-1166.
- Rohlf F. J., 2000. *NTSYS-Pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system*. Exeter Publishing Ltd, 1, version 2.1, New York, USA.

Genetic diversity of local tangerine (*Citrus reticulata*) varieties in Vietnam using microsatellite markers

Le Thi Thu Trang, Dam Thi Thu Ha, La Tuan Nghia, Nguyen Manh Diep, Vu Thi Thao Mi, Hoang Trong Canh

Abstract

DNA fingerprinting of 29 local tangerine (*Citrus reticulata*) varieties was investigated by 30 SSR markers. The results revealed that the total number of alleles detected in 30 loci was 93 with an average of 3.1 alleles per locus. Polymorphic information content (PIC) values varied from 0.33 to 0.81 with an average of 0.55; and genetic similarity coefficient from 0.55 to 0.89. At a genetic similarity coefficient of 0.55, tangerine varieties were divided into two groups: group I consisted of 24 tangerine varieties with genetic similarity coefficient ranging from 0.59 from 0.89; group II consisted of 5 tangerine varieties with genetic similarity coefficient ranging from 0.59 from 0.78. The research revealed 5 loci have unique alleles consisted of Ci07D10, CiBE1500, CiBE0105, CiBE0246, ACT09. The results are useful and handy for management of tangerine germplasm, tangerine variety identification and breeding programs.

Keywords: Local tangerine, SSR markers, genetic diversity, DNA fingerprinting

Ngày nhận bài: 08/9/2020
Ngày phản biện: 19/9/2020

Người phản biện: TS. Trần Thị Oanh Yến
Ngày duyệt đăng: 24/9/2020