

## PHÂN TÍCH ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA NGUỒN GEN NHÂN VÀ CÁC DÒNG NHÂN LAI TRIỂN VỌNG BẰNG CHỈ THỊ PHÂN TỬ SSRs

Trần Thị Oanh Yến<sup>1</sup>, Đinh Thị Thu Thảo<sup>1</sup>, Trần Thị Thảo Như<sup>1</sup>, Nguyễn Nhật Trường<sup>1</sup>, Đào Thị Bé Bảy<sup>1</sup>, Nguyễn Văn Hòa<sup>1</sup>

### TÓM TẮT

Công tác chọn tạo giống, thu thập và bảo tồn nguồn gen nhân đến nay vẫn còn một số hạn chế do việc xác định giống nhân chủ yếu dựa trên mô tả các đặc tính hình thái. Để khắc phục tồn tại đó, nghiên cứu phân tích đa dạng di truyền được thực hiện nhằm xác định nguồn gen còn thiếu và trùng lặp trong thu thập và bảo tồn nguồn gen nhân. Hai mươi tám chỉ thị SSRs được chọn lọc từ các chỉ thị SSRs của hệ gen cây vải được sử dụng để xác định tính đa dạng di truyền của 44 giống/dòng nhân, vải được thu thập, bảo tồn và các dòng nhân lai có triển vọng tại Viện Cây ăn quả miền Nam. Kết quả cho thấy có 81 đoạn DNA được nhân và phát hiện bằng 28 chỉ thị SSRs với trung bình 2,9 allen/SSR, PIC trung bình là 0,46. Phân tích đặc tính phân tử cho thấy có 28 cấu hình di truyền khác nhau. Hai giống nhân Bảy Tô và nhân Sóc Trăng có mối quan hệ di truyền rất gần, hai dòng lai T87 và T160 gần như tương tự nhau, nghiên cứu này là nền tảng xác định tính đa dạng di truyền của các giống nhân thu thập và các dòng nhân lai triển vọng.

**Từ khóa:** Đa dạng di truyền, nguồn gen nhân, nhân lai, SSRs

### I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Nhãn (*Dimocarpus longan* Lour.) là một loại cây ăn quả nhiệt đới được trồng phổ biến ở nhiều tỉnh, thành trải dài từ Bắc đến Nam Việt Nam với nhiều giống khác nhau. Tại Viện Cây ăn quả miền Nam, các giống nhân được thu thập, bảo tồn và đánh giá bằng phương pháp mô tả hình thái, đặc tính thực vật, chất lượng quả,... phục vụ sản xuất hoặc sử dụng làm nguồn vật liệu trong công tác tạo giống mới. Tuy nhiên, công tác đánh giá nguồn vật liệu nhân thu thập chủ yếu dựa trên hình thái chưa đánh giá dựa trên phân tích di truyền.

Việc xác định tính đa dạng di truyền bằng chỉ thị phân tử DNA trên nhiều loài cây trồng đã được thực hiện, các chỉ thị phân tử DNA sử dụng là các chỉ thị phản ánh trực tiếp mức độ đa hình của DNA, với độ tin cậy cao, số lượng thông tin lớn, khám phá nhanh chóng, dễ dàng giải thích. Chỉ thị thường được sử dụng là chỉ thị SSRs để phân tích tính đa dạng di truyền, đánh giá đặc tính phân tử của các giống cây trồng, xác định giống, xác định cây lai... trên cây ăn quả như táo (Goulao and Oliveira, 2001; Halasz *et al.*, 2005), lê (Bao *et al.*, 2007), hạnh hay tắc (Soriano *et al.*, 2005). Một số chỉ thị phân tử SSRs đã được phát triển cho sự phân tích di truyền trên cây vải (Viruel and Hormaza, 2004; Li *et al.*, 2006).

Trong bài báo này, nhóm tác giả đã tiến hành phân tích tính đa dạng di truyền của 31 giống nhân thu thập, 12 dòng nhân lai có triển vọng, 01 giống

nhân lai LĐ11 và 01 giống vải thu thập tại miền Nam; sử dụng chỉ thị phân tử SSRs được phát triển từ hệ gen vải (cùng họ với nhãn, họ Sapindaceae), nhằm xác định mức độ đa dạng di truyền và mối quan hệ di truyền của các giống/dòng, đồng thời xác định các chỉ thị có tính đa hình cao để ứng dụng trong xác định giống nhân.

### II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

#### 2.1. Vật liệu nghiên cứu

##### 2.1.1. Nguồn quỹ gen nhân

Tổng số 44 giống/dòng nhân, vải trong đó 31 giống/dòng nhân thu thập, 11 dòng nhân lai có triển vọng, 01 giống nhân lai LĐ11 được sản xuất thử tại các tỉnh phía Nam và 01 giống vải chua miền Nam được sử dụng cho phân tích đánh giá sự đa dạng di truyền. Tên các giống/dòng nhân, nguồn gốc, mã số và nơi thu thập giống được trình bày ở bảng 1.

##### 2.1.2. Các chỉ thị phân tử SSRs

Năm mươi chỉ thị phân tử SSRs được chọn lọc từ các chỉ thị phân tử SSRs được phát triển từ hệ gen cây vải của các tác giả Madhou và cộng tác viên (2013), Hu Wen-Shun và cộng tác viên (2015), Sun Qing-ming và cộng tác viên (2011). Trong số 50 chỉ thị SSRs có 28 chỉ thị SSRs (tên các chỉ thị tại bảng 2) được sử dụng cho phân tích đa dạng di truyền của các giống/dòng nhân.

<sup>1</sup> Viện Cây ăn quả miền Nam

**Bảng 1.** Danh sách các giống/dòng nhân, vải được sử dụng trong phân tích đánh giá sự đa dạng di truyền

STT	Tên giống/dòng	Nguồn gốc	Mã số	Nơi thu mẫu
01	Giống nhân Long trái lớn	Tiền Giang	1.LQL	Tiền Giang
02	Giống nhân Tiêu da bò	Tiền Giang	2.TDB	Tiền Giang
03	Giống nhân Long	Tiền Giang	3.NL	Tiền Giang
04	Giống nhân Tiêu da me	Tiền Giang	4.TD	Tiền Giang
05	Giống nhân Long tiêu	Tiền Giang	5.LT	Tiền Giang
06	Giống nhân Tiêu Vũng Tàu	Vũng Tàu	6.TVT	Tiền Giang
07	Giống nhân Super	Vĩnh Long	7.NSuper	Tiền Giang
08	Giống nhân Long da sần	Tiền Giang	8.LDX	Tiền Giang
09	Giống nhân Xuồng cơm trắng	Vũng Tàu	9.XCT	Tiền Giang
10	Giống nhân miền Bắc	Hưng Yên	10.NMD	Tiền Giang
11	Giống nhân Lồng Hưng Yên	Hưng Yên	11.LHY	Tiền Giang
12	Giống nhân Đường phèn	Tiền Giang	12.ĐP	Tiền Giang
13	Giống nhân Cùi	Hưng Yên	13.NC	Tiền Giang
14	Giống nhân Cùi diếc	Hưng Yên	14.CD	Tiền Giang
15	Giống nhân Trung Quốc	Trung Quốc	15.NTQ	Tiền Giang
16	Giống nhân Tiêu lá bầu	Bến Tre	16.TLB	Tiền Giang
17	Giống nhân Mã Lai	Mã Lai	17.NML	Tiền Giang
18	Giống nhân Xuồng cơm ráo	Vũng Tàu	18.XCR	Tiền Giang
19	Giống nhân Xuồng cơm vàng	Vũng Tàu	19.XCV	Tiền Giang
20	Giống nhân Xuồng bánh xe	Vũng Tàu	20.XBX	Tiền Giang
21	Giống nhân Vũng Tàu	Vũng Tàu	21.NVT	Tiền Giang
22	Giống nhân Thái Lan	Thái Lan	22.NTL	Tiền Giang
23	Giống nhân Tiêu Lá dài	Bến Tre	23.TLD	Tiền Giang
24	Giống nhân Tiêu Huế	Tiền Giang	24.TH	Tiền Giang
25	Giống nhân Sài Gòn	Bến Tre	25.NSG	Tiền Giang
26	Giống nhân Sóc Trăng	Sóc Trăng	26.NST	Sóc Trăng
27	Giống nhân Bảy Tô	Vĩnh Long	27.N7To	Vĩnh Long
28	Dòng TD1 (Cá thể lai)	TDB × XCV	28.TD1	Tiền Giang
29	Dòng TD3 (Cá thể lai)	TDB × XCV	29.TD3	Tiền Giang
30	Dòng TD6 (Cá thể lai)	TDB × XCV	30.TD6	Tiền Giang
31	Dòng X-148 (Cá thể lai)	XCV × TDB	31.X-148	Tiền Giang
32	Dòng X-138 (Cá thể lai)	XCV × TDB	32.X-138	Tiền Giang
33	Dòng T-140 (Cá thể lai)	TDB × XCV	33.T-140	Tiền Giang
34	Dòng T-138 (Cá thể lai)	XCV × TDB	34.T-138	Tiền Giang
35	Dòng T-87 (Cá thể lai)	TDB × XCV	35.T-87	Tiền Giang
36	Dòng T-160 (Cá thể lai)	TDB × XCV	36.T-160	Tiền Giang
37	Dòng T-208 (Cá thể lai)	TDB × XCV	37.T-208	Tiền Giang
38	Dòng T-207 (Cá thể lai)	TDB × XCV	38.T-207	Tiền Giang
39	Giống nhân lai LD11	TDB × XCV	39.LD11	Tiền Giang
40	Dòng nhân MĐ 02	Cây trồng hạt	40.NMĐ02	An Giang
41	Dòng nhân MĐ Tiêu	Cây trồng hạt	41.NMĐ01	An Giang
42	Dòng nhân MĐ Xanh	Cây trồng hạt	42.NMĐ03	An Giang
43	Dòng nhân MĐ Hồng	Cây trồng hạt	43.NMĐ04	An Giang
44	Giống vải miền Nam	Cây trồng hạt	44.VaiCL	Tiền Giang

## 2.2. Phương pháp nghiên cứu

### 2.2.1. Tách chiết DNA

Bốn mươi ba mẫu lá nhãn và một mẫu lá vải không bị sâu bệnh, được thu thập vào buổi sáng. Các mẫu lá được bảo quản ở nhiệt độ 15°C, mỗi mẫu lá lấy 5 g và nghiền mịn bằng dung dịch nitơ, sau khi nghiền cân 100 mg bột mịn của mỗi mẫu sử dụng tách chiết DNA bằng bộ Kit DNeasy của QIAGEN (các bước tách chiết DNA có sẵn trong bộ kit).

Các mẫu DNA sau khi tách chiết được kiểm tra hàm lượng và độ tinh sạch của DNA bằng máy đo Nanodrop và điện di trên gel agarose (0,8%).

### 2.2.2. Nhân đoạn DNA chuyên biệt bằng chỉ thị phân tử SSRs

Các đoạn DNA chuyên biệt của các giống/dòng nhãn được nhân lên bằng các đoạn mồi SSRs (Bảng 2) sử dụng máy nhân phân tử PCR. Phản ứng PCR (25 µl) gồm: 10 mM Tris-HCl buffer; 0,2 mM dNTP; 0,3 µM primer; 2 mM MgCl<sub>2</sub>; 1 unit *Taq* DNA polymerase và 50 ng DNA mẫu. Chu kỳ khuếch đại gồm các bước: bước 1: tách sợi đôi ở 94°C trong 5 phút; bước 2: được thực hiện 35 chu kỳ với 94°C trong 1 phút, 56 - 58°C trong 0,5 phút, 72°C trong 1 phút; bước 3: 72°C trong 7 phút; bước 4: kết thúc ở 10°C.

Sản phẩm PCR được kiểm tra bằng điện di trên gel agarose 3%. Các sản phẩm PCR khuếch đại sau khi điện di được ghi nhận có sự hiện diện của đoạn DNA khuếch đại trên gel là 1 và không có sự hiện diện là 0.

Phân tích, đánh giá đa dạng di truyền các giống/dòng nhãn dựa trên hệ số tương đồng Jaccard và phương pháp UPGMA sử dụng phần mềm NTSYSpc 2.1.

Hàm lượng thông tin đa hình PIC (Polymorphic Information Content) của mỗi cặp mồi SSR được xác định theo công thức:

$$PIC_i = 1 - \sum P_i^2$$

Trong đó:  $P_i$  là tần số xuất hiện của allen thứ  $i$ . Phạm vi giá trị PIC từ 0 (không đa hình) tới 1 (đa hình hoàn toàn) (Jannati et al., 2009).

## 2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện từ tháng 10 năm 2017 đến tháng 4 năm 2019 tại Phòng thí nghiệm Sinh học phân tử, Bộ môn Chọn tạo giống - Viện Cây ăn quả miền Nam.

## III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

### 3.1. Tính đa hình của các chỉ phân tử SSR trong nghiên cứu

Trong số 55 chỉ thị SSRs được chọn, có 26 chỉ thị SSRs không nhân đoạn hay nhân đoạn DNA ở vải mẫu nhãn, hoặc vượt kích cỡ mong đợi và chỉ thị GLE13 đã thể hiện 3 allen ở các mẫu trong phân tích. Do đó, số chỉ thị SSR được sử dụng cho phân tích đa hình trong báo cáo này là 28 chỉ thị, các chỉ thị này đã nhân đoạn DNA trong phạm vi kích cỡ phù hợp.

Kết quả phân tích đa hình của 28 chỉ thị SSRs được trình bày trong bảng 2. Kết quả bảng 2 cho thấy có tổng số 81 đoạn DNA được nhân và được phân tích, kích thước các đoạn trong khoảng từ 140 - 520 bp, số allen trên mỗi chỉ thị SSRs từ 2 - 5 allen, trung bình 2,9 allen trên một locus. tần số allen biến động từ 0,13 đến 0,44 trung bình 0,28 và hệ số PIC trung bình 0,46 biến động từ 0,11 đến 0,72. Kết quả này cho thấy trong số 50 chỉ thị có tính đa hình cao trên cây vải được áp dụng cho cây nhãn thì có 28 chỉ thị SSRs có tính đa hình trên cây nhãn.

Từ kết quả bảng 2 cho thấy có 16 chỉ thị phân tử có từ 3 allen trở lên, mang tính đa hình cao là LMLY3, LMLY5, GLE6, GLE11, GLE23, GLE26, GLE27, GLE29, GLE30, GLE39, GLE44, GLE70, GLE75, GLE79, GLE84 và GLE95, các chỉ thị này có thể được sử dụng trong các nghiên cứu xa hơn.

### 3.2. Kết quả phân tích mối quan hệ di truyền của các cặp đoạn giống nhãn

Kết quả phân tích bằng phần mềm NTSYSpc-2.1 dựa trên dữ liệu SSRs cho thấy có tính đa dạng di truyền giữa các giống/dòng nhãn, trong đó sự tương đồng di truyền giữa các giống/dòng nhãn dao động từ 0,49 - 0,94. Giống nhãn Tiêu da bò và Tiêu lá bầu, có sự khác biệt di truyền cao 0,51 (sự tương tự di truyền là 0,49).

Mối quan hệ di truyền của 43 giống/dòng nhãn và 01 giống vải chua qua phân tích cho thấy, nếu lấy mức tương đồng di truyền là 0,71 thì các giống/dòng nhãn và vải được phân thành 6 nhóm như sau:

Nhóm 1 gồm các giống nhãn Long quả lớn (LQL), nhãn Tiêu da me (TD), nhãn Long tiêu (LT), nhãn Tiêu da bò (TDB), nhãn Long (NL), nhãn Tiêu Vừng Tàu (TVT), nhãn miền Bắc (NmB), nhãn Tiêu lá dài (TLD), nhãn Tiêu Huế (TH), nhãn Xưởng bánh xe (XBxe), nhãn Sóc Trăng (NST), nhãn Bảy Tô (N7T) và các dòng nhãn TD1, TD3, TD6, X-148.

Nhóm 2 là hai giống nhân Vũng Tàu (NVT) và nhân Thái Lan (NTL).

Nhóm 3 gồm các giống nhân Cùi, nhân Cùi điếc, nhân Trung Quốc (NTQ), nhân Tiêu lá bầu (TLB), nhân Mã Lai (NML), nhân Xuồng cơm ráo (XCR) và nhân Xuồng cơm vàng (XCV).

Nhóm 4 có các giống nhân Super (Nsuper), nhân Long da sần (LDS), nhân Xuồng cơm trắng (XCT),

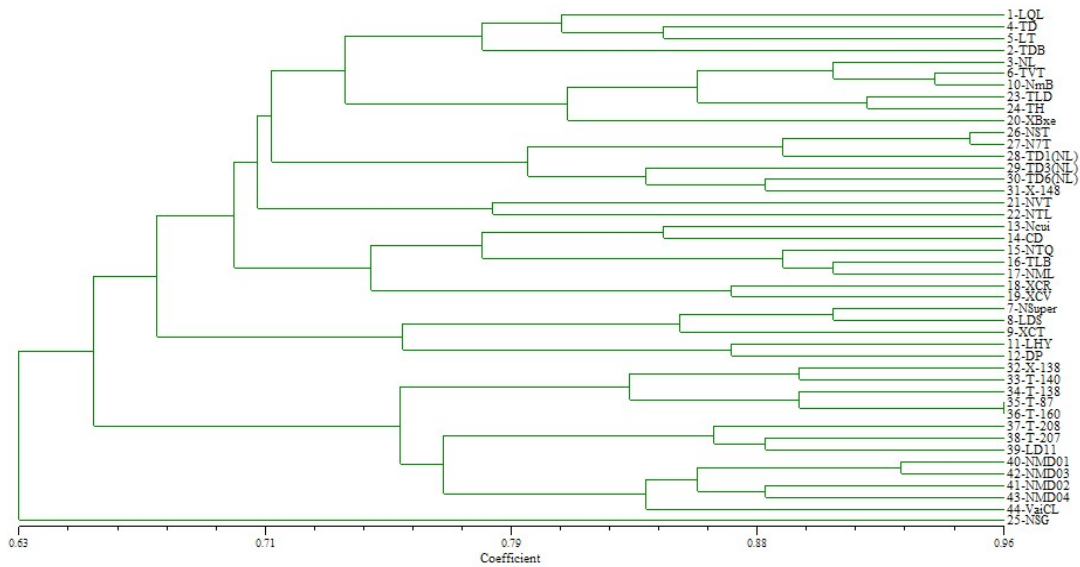
nhân Lồng Hưng Yên (LHY) và giống nhân Đường phèn (DP).

Nhóm 5 gồm các dòng nhân X-138, T-140, T-138, T-87, T160, T-208, T-207, giống nhân LD11, nhân MĐ Tiêu (NMD01), nhân MĐ xanh (NMD03), Nhân MĐ02 (NMD02), nhân MĐ hồng (NMD04), và giống vải miền Nam (VaiCL).

Nhóm 6 là giống nhân Sài Gòn.

**Bảng 2.** Số allen/locus, tần số allen của 28 chỉ thị SSRs được sử dụng trong phân tích và đánh giá các giống/dòng nhân, vải trong nghiên cứu

STT	Tên chỉ thị SSRs	Kích cỡ allen khuếch đại cần đạt (bp)	Kích cỡ allen quan sát (bp)	Số allen/ locus	Tần số allen	Hệ số PIC
01	LMLY3	178 - 190	180 - 200	3	0,33	0,48
02	LMLY5	280 - 304	280 - 320	3	0,29	0,19
03	LMLY6	136 - 159	150 - 170	2	0,40	0,11
04	LMLY7	216 - 240	220 - 250	2	0,30	0,43
05	LMLY14	-	190 - 210	2	0,32	0,50
06	GLE3	233	260 - 270	2	0,33	0,33
07	GLE5	129	150 - 160	2	0,36	0,50
08	GLE6	202	200 - 250	3	0,28	0,46
09	GLE11	293	300 - 380	4	0,13	0,65
10	GLE22	160	150 - 180	2	0,41	0,11
11	GLE23	255	220 - 350	4	0,22	0,51
12	GLE26	200	220 - 240	3	0,23	0,57
13	GLE27	154	140 - 160	3	0,26	0,26
14	GLE28	209	220 - 230	2	0,23	0,32
15	GLE29	212	180 - 220	3	0,27	0,48
16	GLE30	170	150 - 190	4	0,21	0,40
17	GLE33	177	160 - 170	2	0,31	0,48
18	GLE39	290a	390 - 420	3	0,28	0,56
19	GLE44	307	320 - 380	3	0,27	0,65
20	GLE52	201	210 - 230	2	0,31	0,35
21	GLE60	209	220 - 230	2	0,44	0,22
22	GLE70	247	250 - 340	5	0,19	0,70
23	GLE75	358	480 - 520	4	0,23	0,68
24	GLE76	340	320 - 440	2	0,36	0,49
25	GLE79	239	320 - 360	4	0,19	0,64
26	GLE81	376	240 - 270	2	0,31	0,47
27	GLE84	180	380 - 390	4	0,15	0,72
28	GLE95	300	180 - 240	4	0,22	0,60
	<i>Trung bình</i>			2,90	0,28	0,46



**Hình 1.** Giản đồ đa dạng di truyền 43 giống/dòng nhãn và một giống vải miền Nam theo hệ số di truyền giống nhau của Jaccard và kiểu phân nhóm UPGMA

Ghi chú: Nếu lấy mức tương đồng di truyền là 0,71 thì các giống/dòng nhãn và vải được phân thành 6 nhóm là: Nhóm 1: LQL, TD, LT, TDB, NL, TVT, NmB, TLD, TH, XBxe, NST, N7T, TD1, TD3, TD6 và X-148; Nhóm 2: NVT và NTL; Nhóm 3: NCui, CD, NTQ, TLB, NML, XCR và XCV; Nhóm 4: Nsuper, LDS, XCT, LHY và DP; Nhóm 5: X-138, T-140, T-138, T-87, T160, T-208, T-207, LD11, NMD01, NMD03, NMD02, NMD04, và VaiCL; Nhóm 6: NSG.

#### IV. KẾT LUẬN VÀ KIẾN NGHỊ

- Tổng số 55 chỉ thị phân tử SSRs được sử dụng trong nghiên cứu này, có 28 chỉ thị cho kết quả nhân đoạn đúng kích cỡ đã được sử dụng phân tích đa dạng di truyền trên 43 mẫu giống/dòng nhãn và 01 giống vải miền Nam. Có 81 allele được ghi nhận, với trung bình 2,9 allele trên một chỉ thị SSR hay một locus, hàm lượng thông tin đa hình từ 0,11 - 0,72; trung bình 0,46. Tại mức độ tương đồng di truyền 0,71; 44 mẫu giống dòng nhãn, vải được phân thành 6 nhóm.

- Mười sáu chỉ thị phân tử có tính đa hình đề nghị sử dụng trong xác định giống/dòng nhãn.

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

Bao L., Chen K.S., Zhang D., 2007. Genetic diversity and similarity of pear (*Pyrus L.*) cultivars native to East Asia revealed by SSR (Simple Sequence Repeat) markers. *Genet Resources and Crop Evolution*, 54: 959-971.

Goulao L. and Oliveira, C.M., 2001. Molecular characterization of cultivars of apple (*Malus x domestica* Borkh.) using microsatellite (SSR and ISSR) markers. *Euphytica*, 122: 81-89.

Halasz G., Kiss, E. and Heszky L., 2005. Molecular identification of commercial apple cultivars with microsatellite markers. *HortScience*, 40 (7): 1974-1977.

HU Wen-shun, HUANG Ai-ping, JIANG Fan, JIANG Ji-mou, CHEN Xiu-ping, and ZHENG Shao-quan, 2015. Identification and Genetic Diversity of

Reciprocal Hybrids in Longan (*Dimocarpus longan*) by SSR. *Acta Horticulturae Sinica*, 42 (10): 1899-1908.

Jannati M., Fotouhi R., Abad A.P., Salehi Z., 2009. Genetic diversity analysis of Iranian *Citrus* varieties using micro satellite (SSR) based markers. *Journal of Horticulture and Forestry*, 1 (7): 120-125.

Li M.F., Zheng, X.Q., Zhu, Y.Q. et al., 2006. Development and characterization of SSR markers in lychee (*Litchi chinensis*). *Molecular Ecology Notes*, 6: 1205-1207.

Madhou M., F. Normand, T. Bahorun, and J. I. Hormaza, 2013. Fingerprinting and analysis of genetic diversity of litchi (*Litchi chinensis* Sonn.) accessions from different germplasm collections using microsatellite markers. *Tree Genetics & Genomes*, 9: 387-396.

Soriano J.M., Romero C., Vilanova S., 2005. Genetic diversity of loquat germplasm [*Eriobotrya japonica* (Thunb) Lindl] assessed by SSR markers. *Genome*, 48: 108-114.

SUN Qing-ming, MA Wen-chao, MA Shuai-peng, Zhao Jun-sheng, Bai Li-jun, Chen Jie-zhen, CAI Chang-he, XIANG Xu, OU Liang-xi, 2011. Characteristics of SSRs Derived from ESTs and Development of EST-SSR Markers in Litchi (*Litchi chinensis* Sonn.). *Scientia Agricultura Sinica*, 44 (19): 4037-4049.

Viruel M.A. and Hormaza J.I., 2004. Development, characterization and variability analysis of microsatellites in lychee (*Litchi chinensis* Sonn., Sapindaceae). *Theoretical and Applied Genetics*, 108: 896-902.

## Analysis of genetic diversity of longan germplasm and promising longan hybrids by SSR markers

Tran Thi Oanh Yen, Dinh Thi Thu Thao, Tran Thi Thao Nhu, Nguyen Nhat Truong, Dao Thi Be Bay, Nguyen Van Hoa

### Abstract

One of the main limitations for breeding purposes and germplasm management in longan is the confusion in cultivar identification to use in longan germplasm collections and conservation. So far, longan cultivar identification is still mainly based on morphological characters. To address this gap and overlap in collection and conservation of longan germplasm, a molecular study was conducted to characterize longan accessions and to compare them to those obtained from longan cultivars from different origins conserved in a collected longan germplasm. Twenty-eight simple sequence repeats (SSRs) loci selected from SSR primers of litchi were used to characterize genetic polymorphisms among 43 accessions of longan germplasm and hybrids and one sour litchi variety in the South of Vietnam. A total of 81 amplification fragments was detected by those 28 SSRs, with an average of 2.9 alleles per a SSR locus, an average of PIC was 0.46. Molecular characterization revealed the existence of 28 different genetic profiles. The synonymy and homonymy in longan cultivar was found in Bay To longan and Soc Trang longan; T87 and T160. This study provides the basis for the molecular characteristics and genetic diversity of longan varieties collected in Vietnam.

**Keywords:** Genetic diversity, longan germplasm, longan hybrids, SSR markers

Ngày nhận bài: 29/9/2019  
Ngày phản biện: 4/10/2019

Người phản biện: TS. Trần Thị Thu Hoài  
Ngày duyệt đăng: 8/11/2019

## NGHIÊN CỨU QUY TRÌNH SẢN XUẤT BÁNH MÌ KHÔNG GLUTEN TỪ NGUỒN NGUYÊN LIỆU GẠO MẮM

Đàm Thị Kim Yến<sup>1</sup>, Lê Thị Kim Loan<sup>1</sup>, Nguyễn Minh Thủy<sup>2</sup>

### TÓM TẮT

Trong gạo mầm có chứa hoạt tính enzyme amylase cao, hàm lượng đường khử, protein nhiều nên được sử dụng làm nguyên liệu trong sản xuất bánh mì không gluten. Nghiên cứu được thực hiện nhằm khảo sát ảnh hưởng của tỷ lệ nước (70%, 80%, 90%, 100%), hydroxypropyl methyl cellulose (HPMC) (1,25%, 1,5%, 1,75%, 2%), nấm men (2%, 3%, 4%), thời gian lên men (20 phút, 30 phút, 40 phút) đến chất lượng của bánh mì không gluten. Kết quả nghiên cứu cho thấy sử dụng tỷ lệ nước 80%, HPMC 1,75%, nấm men 3%, thời gian lên men 30 phút thu được sản phẩm có thể tích riêng cao, độ cứng thấp, điểm đánh giá cảm quan về cấu trúc tốt. Kết quả so sánh cho thấy bánh mì làm từ gạo mầm lật đã nảy mầm có cấu trúc, thể tích riêng, độ cứng tốt hơn so với bánh mì làm từ gạo mầm đã tách cám. Ngoài ra, bánh mì gạo mầm lật đã nảy mầm có chứa nhiều chất khoáng, protein, anthocyanin và chất xơ cao hơn bánh mì gạo mầm đã tách cám.

**Từ khóa:** Bánh mì không gluten, gạo mầm, HPMC, lên men, nước

### I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bánh mì được xem là một trong những loại thực phẩm được sử dụng rộng rãi nhất trên thế giới. Việt Nam là một trong những nước sử dụng bánh mì như một loại thức ăn nhanh. Hiện nay, phần lớn bánh mì được làm từ nguyên liệu bột mì. Trong bột mì, hàm lượng gluten cao có thể gây dị ứng với người nhạy cảm với gluten và những người không dung nạp gluten. Đó là những người bị bệnh Celiac. Bệnh

dị ứng này ảnh hưởng chủ yếu ở ruột non. Ở châu Âu, tỷ lệ mắc bệnh Celiac từ 0,3% đến 2%, tùy thuộc vào khu vực được đánh giá (Mustalahti *et al.*, 2010). Bệnh Celiac đã trở thành một bệnh lý ngày càng phổ biến. Phương pháp điều trị bệnh này duy nhất là tuân thủ nghiêm ngặt chế độ ăn không có gluten (Hera *et al.*, 2014).

Chính vì thế, sản xuất bánh mì không gluten có chất lượng cao đang được yêu cầu rất lớn trong xã hội.

<sup>1</sup> Khoa Nông nghiệp và Công nghệ thực phẩm, Trường Đại học Tiền Giang

<sup>2</sup> Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ