

## LỜI CẢM ƠN

Nhóm tác giả xin chân thành cảm ơn Dự án Giống - Bộ Nông nghiệp và PTNT đã cấp kinh phí cho đề tài “Khai thác, phát triển hai nguồn gen lúa nếp xoắn Kiến Thụy, Hải Phòng và Khẩu đặc na Tương Dương, Nghệ An” để tiến hành nghiên cứu này.

## TÀI LIỆU THAM KHẢO

**Bộ Nông nghiệp và Phát triển nông thôn**, 2006. Quyết định số 4100- QĐ/BNN-KHCN, ngày 29 tháng 12 năm 2006. Quy trình kỹ thuật sản xuất hạt giống lúa (Tiêu chuẩn ngành 10TCN 395: 2006).

**Nguyễn Văn Hiến, Trần Thị Nhân**, 1982. *Giống lúa miền Bắc Việt Nam*. Nhà xuất bản Nông nghiệp. Hà Nội: 102-107.

**Nguyễn Hữu Hồng**, 2009. Nghiên cứu ảnh hưởng của một số tổ hợp phân bón NPK đến sinh trưởng, phát triển và năng suất của giống lúa Khang dân 18 trong vụ xuân 2008 tại Thái Nguyên. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ*, số 62 (13): 160-164.

**Đỗ Thị Ngọc Oanh (Chủ biên), Hoàng Văn Phụ, Nguyễn Thế Hùng, Hoàng Thị Bích Thảo**, 2004. Giáo trình phương pháp thí nghiệm đồng ruộng. NXB Nông nghiệp. Hà Nội.

**International Rice Research Institute**, 1996. *Standard Evaluation System for Rice*. Minila. Philippines.

## Study on technical measures for Nep xoan rice variety in Kien Thuy district, Hai Phong province

Nguyen Thi Bich Thuy, Tran Thi Thu Hoai,  
Nguyen Thi Hien, Le Thi Loan, Nguyen Thanh Tuan

### Abstract

Nep xoan is a local glutinous specialty rice variety in Kien Thuy, Hai Phong. This variety has high yield and good quality. This rice variety is still used in local production but there is no standard cultivation procedures leading to unstable productivity, quality and low economic efficiency. Therefore, technical measures including transplanting density, fertilizer dose and sowing time were studied. Experiments were arranged in a completely randomized block design (RCBD) with 3 replications in two Summer - Autumn seasons of 2018 and 2019 in Tan Xuan commune, Kien Thuy district, Hai Phong city. The results showed that the highest real yield reached 5.46 - 6.27 tons/ha when transplanting with density of 16 plants/m<sup>2</sup> and 5.17 - 6.00 tons/ha when sowing date on 11 - 14/6, and 5.15 - 6.00 tons/ha when applying fertilizer dose of 40 - 60 kg N/ha, respectively.

**Keywords:** Rice, Nep xoan rice variety, technical measures, transplanting density, fertilizer dose

Ngày nhận bài: 04/02/2021

Ngày phản biện: 15/02/2021

Người phản biện: TS. Phan Thị Thanh

Ngày duyệt đăng: 26/02/2021

## ỨNG DỤNG CHỈ THỊ PHÂN TỬ ĐỂ CHỌN HẠT GẠO KHÔNG BẠC BỤNG TRONG QUẦN THỂ LAI HỒI GIAO CỦA TỔ HỢP LÚA OM3673/TLR434//OM3673

Trương Ánh Phương<sup>1</sup>, Phạm Thị Kim Vàng<sup>2</sup>, Nguyễn Thị Lang<sup>3</sup>, Nguyễn Thị Ngọc Ân<sup>4</sup>

### TÓM TẮT

Nghiên cứu được thực hiện nhằm xác định các dòng lúa mang gen không bạc bụng qua ứng dụng chỉ thị phân tử và phân tích bản đồ di truyền của các cá thể trong quần thể bằng phần mềm GGT (Graphical genotyping) để phục vụ cho công tác chọn tạo giống. Kết quả nghiên cứu cho thấy các chỉ thị phân tử biểu hiện đa hình rõ ràng, liên kết với đặc tính không bạc bụng đã được ghi nhận trên quần thể lai hồi giao OM3673/TLR434//OM3673. Hai chỉ thị Indel 5 và RM21938 cho kết quả tương đồng giữa kiểu gen bạc bụng và không bạc bụng với tỷ lệ 57% trên quần thể BC1F2 và 66% trên quần thể BC2F2. Bốn dòng mang vùng gen không bạc bụng trên nhiễm sắc thể số 7, đồng hợp theo bộ gen của bố là: BC2F3-14-1, BC2F3-30-10, BC2F3-50-80 và BC2F3-80-20-3 đã được chọn lọc. Các dòng này sẽ tiếp tục được đánh giá kiểu gen nhờ giải trình tự và phát triển thành giống triển vọng đưa vào sản xuất trong tương lai.

**Từ khóa:** Cây lúa, bạc bụng, chỉ thị phân tử, đa hình

<sup>1</sup> Đại học An Giang; <sup>2</sup> Viện Lúa Đồng bằng sông Cửu Long

<sup>3</sup> Viện Nghiên cứu Nông nghiệp Công nghệ cao Đồng bằng sông Cửu Long

<sup>4</sup> Trường Đại học Khoa học Tự nhiên

## I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Chất lượng hạt gạo do nhiều yếu tố quyết định: giống, môi trường, kỹ thuật canh tác, công nghệ chế biến... Trong đó, giống là yếu tố cơ bản quyết định chất lượng hạt gạo. Trong các đặc tính phẩm chất, bạc bụng là một trong những yếu tố chính xác định chất lượng và giá trị hạt gạo, được các nhà chọn giống cũng như người tiêu dùng quan tâm (Guo và *ctv.*, 2011; Peng và *ctv.*, 2014). Bạc bụng tạo vết đục trong phôi nhũ của hạt. Đối với gạo tẻ, tỉ lệ bạc bụng cao sẽ ảnh hưởng đến tỉ lệ gạo cao. Hơn nữa, dạng nội nhũ của hạt gạo là một trong số các yếu tố có vai trò quan trọng trong việc xuất khẩu lúa gạo. Hiện nay, việc sản xuất lúa ở Việt Nam đang phải đương đầu với nhiều thách thức như việc thay đổi khí hậu toàn cầu, nước biển dâng, xâm nhập mặn cộng với diện tích đất nông nghiệp giảm, thiếu nước trong mùa khô. Bên cạnh đó, độ bạc bụng tăng theo xu hướng ấm lên của trái đất, hàm lượng amylose cao, giá trị độ bền gel thuộc nhóm cứng cơm là thách thức lớn cho nhà chọn giống (Nguyễn Thị Lang và Bùi Chí Bửu, 2011). Gen bạc bụng được quy định bởi đa gen và liên kết trên nhiễm sắc thể số 7 được nghiên cứu với hai chỉ thị phân tử Indel 5 và RM21938 (Zhou và *ctv.*, 2009). Nghiên cứu này ứng dụng chỉ thị phân tử để đánh giá gen không bạc bụng trên tổ hợp lai hồi giao OM3673/TLR434//OM3673 và chọn lọc các con lai thông qua ứng dụng GGT.

## II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1. Vật liệu nghiên cứu

Quần thể lai hồi giao BC1F2, BC2F2 và BC2F3 của tổ hợp OM3673/TLR434//OM3673.

Chỉ thị phân tử: Indel 5, RM21938, RM51, RM180, RM261, RM248, RM6326, RM3635, RM3753, RM1362, RM20782, RM5436, RM5752, RM1335 (trình tự mỗi ngược và mỗi xuôi trên website trang <http://www.gramene.org/>).

Trình tự mỗi của Indel 5 như sau:

Indel 5 F: 5' ... CAGCTATGTGTAGCTTCG...3'

Indel 5 R: 5' ... GTGCTCATTGGGCGGTTT ...3'

### 2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Ly trích ADN theo phương pháp của Nguyễn Thị Lang (2002).

- Phân tích đa hình bằng kỹ thuật SSR: Mẫu ADN được chọn phân tích PCR-SSR theo phương pháp của Nguyễn Thị Lang (2002). PCR xong sẽ điện di sản phẩm trên bản gel agarose 3%.

- Lập bản đồ đánh giá sự di truyền các cá thể của quần thể con lai bằng phần mềm GGT 2.0 (Milne và *ctv.*, 2010). Phương pháp lập bản đồ bằng phần mềm GGT thông qua các bước như sau: (1) Lập file dữ liệu trên Excel: mã hóa gen của quần thể với A, B là kiểu gen đồng hợp tử của cây bố mẹ; H là kiểu gen dị hợp tử; U là kiểu gen chưa được xác định; (2) Nhập dữ liệu vào của sổ GGT: chuyển đổi dữ liệu Excel sang dữ liệu GGT; (3) Xử lý số liệu trong GGT; (4) Đăng xuất kết quả.

- Tỷ lệ phần trăm bạc bụng được đánh giá theo tiêu chuẩn của IRRI (2013) với các cấp độ: cấp 0 (không bạc bụng), cấp 1 (vết đục ít hơn 10% trong hạt gạo), cấp 5 (vết đục 11% - 20%) và cấp 9 (vết đục nhiều hơn 20%).

### 2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

- Thời gian nghiên cứu: Năm 2016 - 2017.

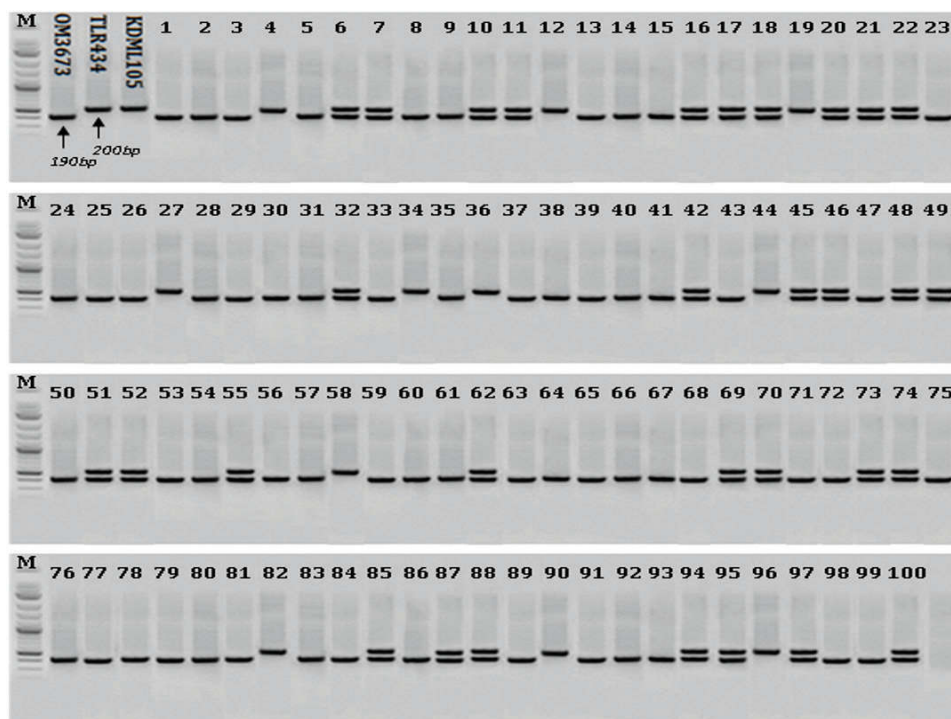
- Địa điểm nghiên cứu: Thí nghiệm được thực hiện tại phòng Phân tích di truyền phân tử, nhà lưới và ngoài đồng ruộng của Viện Lúa Đồng bằng sông Cửu Long và phòng thí nghiệm Công ty Công nghệ Sinh học PCR, Viện Nghiên cứu Nông nghiệp Công nghệ cao Đồng bằng sông Cửu Long.

## III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

### 3.1. Kết quả chọn tạo quần thể hồi giao BC1F2 của tổ hợp OM3673/TLR434//OM3673

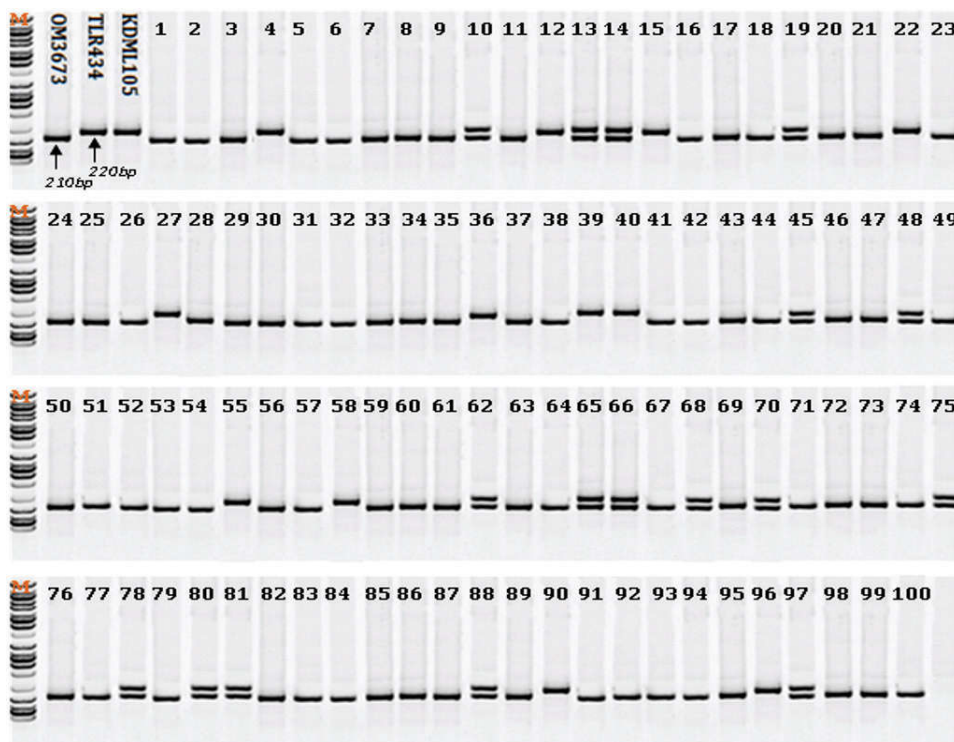
Ứng dụng chỉ thị phân tử trong đánh giá gen không bạc bụng trên quần thể lai hồi giao OM3673/TLR434//OM3673. Một trăm (100) cá thể BC1F2 khỏe mạnh được lựa chọn để đánh giá kiểu gen quy định tính trạng bạc bụng với hai chỉ thị phân tử Indel 5 và RM21938 (Zhou và *ctv.*, 2009). Các cây có kiểu gen đồng hợp trội sẽ được lựa chọn cho các nghiên cứu tiếp theo. Trên gel agarose 3%, vị trí băng thể hiện cá thể mang gen đích là ở kích thước 200 bp đối với chỉ thị Indel 5 và 220 bp đối với chỉ thị RM21938 (Hình 1 và Hình 2).

Các dòng BC1F2 của tổ hợp OM3673/TLR434//OM3673 được đánh giá kiểu gen liên quan tính trạng bạc bụng với chỉ thị phân tử Indel 5. Sản phẩm PCR với chỉ thị Indel 5 cho kết quả đa hình với hai kích thước 190 bp (không mang gen đích) và 200 bp (mang gen đích) (Hình 1). Trong đó, các cá thể mang gen mục tiêu đồng hợp bao gồm cá thể số 4, 12, 19, 27, 34, 36, 44, 58, 82, 90 và 96 (chiếm 11%). Các cá thể mang gen thể dị hợp gồm 31 cá thể và còn lại là các cây không mang gen mục tiêu.



**Hình 1.** Kết quả điện di sản phẩm PCR các cá thể của quần thể OM3673/TLR434//OM3673 ở thế hệ BC1F2 với chỉ thị Indel 5

Ghi chú: M: thang chuẩn (1 Kb+); 1-100: các cá thể BC1F2.



**Hình 2.** Kết quả điện di sản phẩm PCR các cá thể của quần thể OM3673/TLR434//OM3673 ở thế hệ BC1F2 với chỉ thị RM21938

Ghi chú: M: thang chuẩn (1 Kb+); 1 - 100: các cá thể BC1F2.

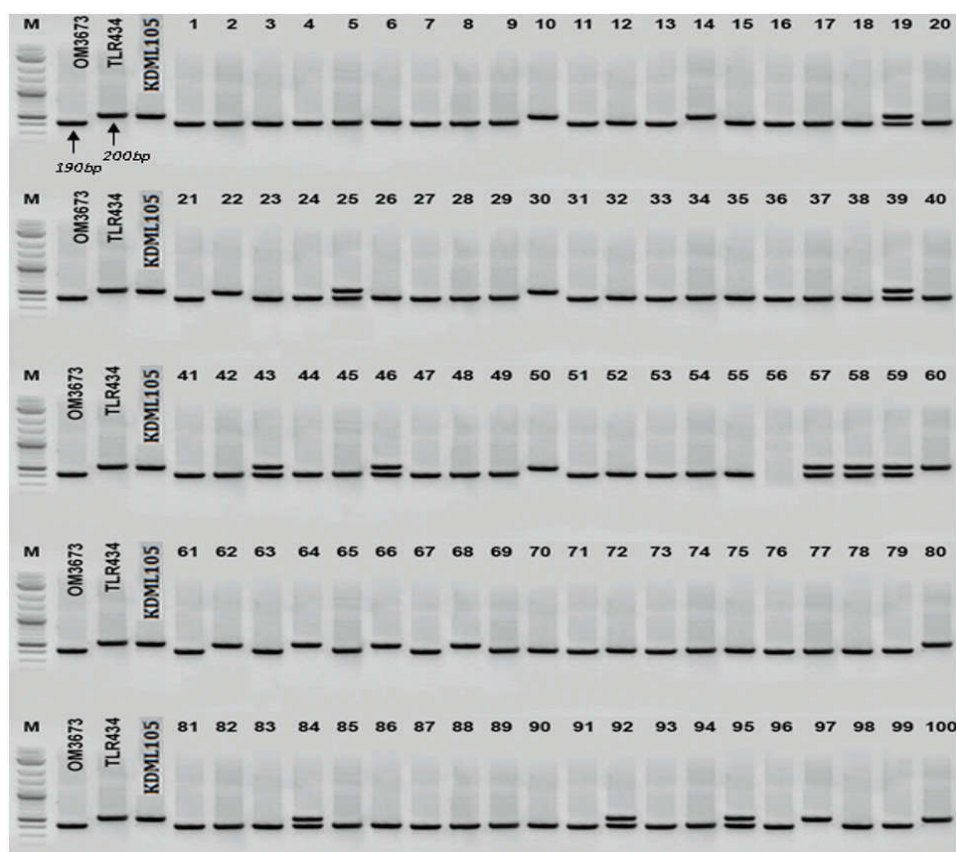
Sản phẩm PCR với chỉ thị RM21938 cũng cho kết quả đa hình với hai vị trí băng đa hình là 210 bp (không mang gen đích) và 220 bp (mang gen đích) (Hình 2). Các cá thể được dự đoán mang gen mục tiêu đồng hợp chiếm 12%, bao gồm cá thể số 4, 12, 15, 22, 27, 36, 39, 40, 55, 58, 90 và 96. Trong khi đó, các cá thể mang gen dị hợp chiếm 17%, còn lại là các cá thể không mang gen (72%).

Qua phân tích kiểu gen các cá thể của quần thể BC1F2 với hai chỉ thị Indel 5 và RM21938, những cá thể đồng thời mang băng ADN của cả hai chỉ thị đạt khoảng 57%. Các cá thể được đánh giá là mang gen

mục tiêu đồng hợp (AA) bao gồm cá thể số 4, 12, 27, 36, 58, 90 và 96. Bảy (7) cá thể này được chọn lựa, đánh dấu và cho lai hồi giao với cây mẹ (OM3673) để tạo quần thể BC2 cho các nghiên cứu tiếp theo.

### 3.2. Kết quả chọn tạo quần thể hồi giao BC2F2 của tổ hợp OM3673/TLR434//OM3673

Từ 7 cây được chọn ở thế hệ BC1F2 lai tạo quần thể BC2F1 được 156 cá thể. Các cá thể này được cho tự thụ đến thế hệ BC2F2, bao gồm 434 cá thể cây. Ở thế hệ BC2F2, đánh giá kiểu gen liên quan đến tính trạng bạc bụng được thực hiện với 100 cá thể cây khỏe mạnh được lựa chọn (Hình 3 và Hình 4).



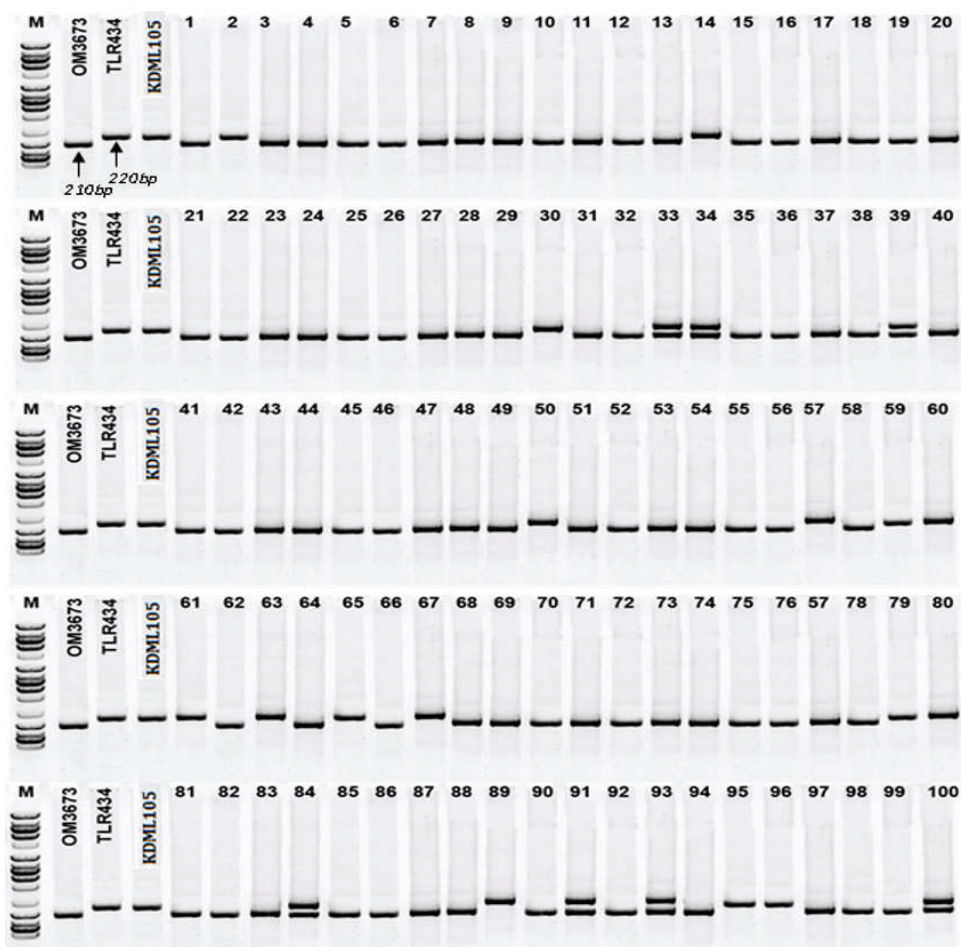
**Hình 3.** Kết quả điện di sản phẩm PCR các cá thể của quần thể OM3673/TLR434//OM3673 ở thế hệ BC2F2 với chỉ thị Indel 5

Ghi chú: M: thang chuẩn (1 Kb+); 1 - 100: các cá thể BC2F2.

Đối với chỉ thị Indel 5, kết quả sản phẩm PCR được thể hiện trên hình 3. Các cá thể mang gen mục tiêu đồng hợp (vị trí băng hình ở 200 bp) chiếm 13%, bao gồm các cá thể số 10, 14, 22, 30, 50, 60, 62, 64, 66, 68, 80, 97 và 100. Trong khi đó, cá thể dị hợp gen đích chiếm 11%, còn lại các cá thể khác không biểu hiện mang gen đích.

Đối với chỉ thị RM21938, sản phẩm PCR biểu hiện đa hình với băng 210 bp và 220 bp (Hình 4). Trong đó, vị trí băng tương ứng mang gen mục tiêu là 220 bp (vị trí của KDML105, TLR434). Các cá thể mang gen đích đồng hợp bao gồm cá thể số 2, 14, 30, 50, 57, 59, 60, 61, 63, 65, 67, 79, 80, 89, 95 và 96 (chiếm 16%). Bảy (7) cá thể mang gen dị hợp và các cá thể khác biểu hiện không mang gen mục tiêu.





**Hình 4.** Kết quả điện di sản phẩm PCR các cá thể của quần thể OM3673/TLR434//OM3673 ở thế hệ BC2F2 với chỉ thị RM21938

Ghi chú: M: thang chuẩn (1 Kb+); 1 - 100: các cá thể BC2F2.

Phân tích kiểu gen các cá thể của quần thể BC2F2 với hai chỉ thị phân tử Indel 5 và RM21938, những cá thể đồng thời mang băng ADN của cả hai chỉ thị đạt khoảng 66%. Các cá thể mang gen đồng hợp (AA) được chọn lọc qua phân tích kiểu gen là cá thể 14, 30, 50, 60 và 80. Các dòng này được sử dụng trong các nghiên cứu tiếp theo, các dòng khác mang gen dị hợp nhưng không đồng nhất giữa hai chỉ thị hoặc mang gen dị hợp được lưu trữ lại.

Năm (5) dòng (14, 30, 50, 60 và 80) được đánh dấu, thu hoạch và phân tích cấp độ bạc bụng, với hai đối chứng là OM3673 và TLR434. Kết quả đánh giá cho thấy đa số các dòng có tỷ lệ bạc bụng thấp, trong đó, 4 dòng có tỷ lệ bạc bụng trung bình rất thấp là dòng BC2F2-30 (cấp 1,81), BC2F2-80 (cấp 1,93), BC2F2-50 (cấp 2,39) và BC2F2-14 (cấp 2,51). Riêng dòng BC2F2-60, hạt bạc bụng cấp 9 cao (30%), dòng này sẽ không được chọn để tiếp tục phát triển giống ít bạc bụng.

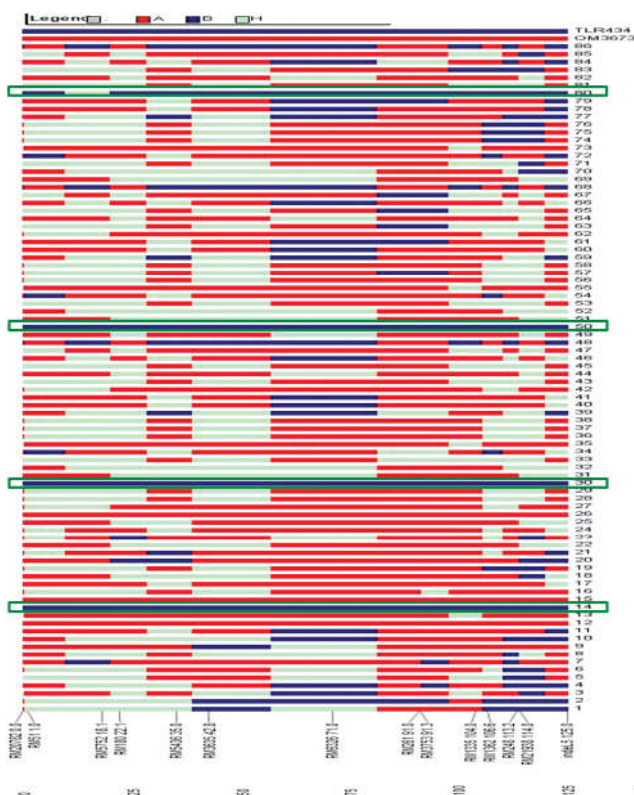
### 3.2. Chọn lọc các cá thể BC2F3 của quần thể lai hồi giao OM3673/TLR434//OM3673 thông qua bản đồ GGT

Tám mươi sáu (86) dòng BC2F3 tổ hợp lai OM 3673/TLR434//OM3673 được đánh giá kiểu gen với 14 chỉ thị phân tử Indel 5, RM21938, RM51, RM180, RM261, RM248, RM6326, RM3635, RM3753, RM1362, RM20782, RM5436, RM5752, RM1335. Kích thước các alen khi phân tích sản phẩm PCR của các chỉ thị phân tử được ghi nhận để lập bản đồ di truyền các cá thể trên phần mềm GGT.

Bản đồ GGT của quần thể BC2F3 tổ hợp lai OM 3673/TLR434//OM3673 được thành lập để kiểm tra các alen thể hiện đồng hợp trội, đồng hợp lặn, dị hợp ở tất cả các con lai trong một quần thể, cho phép chọn lọc các cá thể quy tụ những gen mong muốn một cách có hiệu quả nhất. Trên bản đồ này, các gen quy định tính trạng hạt gạo ít bạc bụng được đánh dấu bởi 14 chỉ thị phân tử trên nhiễm sắc thể

số 7 với độ dài/độ bao phủ 125 cM. Các cá thể con lai được lựa chọn phải mang gen đồng hợp trội trên vùng di truyền này. Qua bản đồ GGT ở hình 5, ba (3) cá thể (BC2F3-14-1; BC2F3-30-10 và BC2F3-50-80)

có 100% các vùng gen trùng hợp với bố (TLR434); 1 cá thể (BC2F3-80-20-3) có khoảng 93% vùng gen trùng với bố (mang gen mục tiêu). Bốn (4) dòng này được chọn để tiếp tục chọn lọc dòng thuần.



**Hình 5.** Bản đồ di truyền các cá thể của quần thể BC<sub>2</sub>F<sub>3</sub> của tổ hợp OM3673/TLR434//OM3673 trên nhiễm sắc thể số 7 (phân tích bằng phần mềm GGT)

*Ghi chú:* Màu xanh dương: kiểu gen theo cây bố (TLR434), màu đỏ: kiểu gen theo cây mẹ (OM3673), màu xám: kiểu gen dị hợp tử, khung màu xanh lá cây: đánh dấu các cá thể được lựa chọn, 1 - 86: các cá thể của quần thể lai hồi giao OM3673/TLR434//OM3673.

#### IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

##### 4.1. Kết luận

Hai chỉ thị Indel 5 và RM21938 được đánh giá trên quần thể lai hồi giao OM3673/TLR434//OM3673 cho kết quả tương đồng giữa kiểu gen bạc bụng và không bạc bụng với tỷ lệ 57% trên quần thể BC1F2 và 66% trên quần thể BC2F2.

Qua ứng dụng chỉ thị phân tử và phân tích bản đồ di truyền cá thể bằng phần mềm GGT chọn lọc được 4 dòng mang vùng gen không bạc bụng trên nhiễm sắc thể số 7, đồng hợp theo bộ gen của bố (TLR434): BC2F3-14-1; BC2F3-30-10, BC2F3-50-80 và BC2F3-80-20-3.

##### 4.2. Đề nghị

Các dòng này sẽ tiếp tục được đánh giá kiểu gen nhờ giải trình tự. Phương pháp này sẽ giúp kết quả

chọn dòng chính xác hơn. Từ đó, những dòng được chọn sẽ phát triển thành giống triển vọng đưa vào sản xuất trong tương lai.

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Nguyễn Thị Lang**, 2002. *Những phương pháp cơ bản trong công nghệ sinh học*. Nhà Xuất bản Nông nghiệp. TP Hồ Chí Minh: 219 trang.
- Nguyễn Thị Lang và Bùi Chí Bửu**, 2011. *Khoa học về cây lúa - Di truyền và chọn giống*. NXB Nông Nghiệp. TP. Hồ Chí Minh: 623 trang.
- Guo T., Liu X., Wan X., Weng J., Liu S., Liu X., Chen M., Li J., Su N., Wu F., Cheng Z., Guo X., Lei C., Wang J., Jiang L. and Wan J.**, 2011. Identification of a stable quantitative trait locus for percentage grains with white chalkiness in rice (*Oryza sativa* L.). *Journal of Integrative Plant Biology*, 53(8): 598-607.

International Rice Research Institute, 2013. *Standard evaluation system for rice (SES)*. IRRI, June 2013, pp.44.

Milne I., Shaw P., Stephen G., Bayer M., Cardle L., Thomas W.T.B., Flavell A.J., and Marshall D., 2010. Flapjack-graphical genotype visualization. *Bioinformatics* 26: 3133-3134.

Peng B., Wang L., Fan C., Jiang G., Luo L., Li Y., He Y., 2014. Comparative mapping of chalkiness components in rice using five populations across two environments. *BMC Genetics*, 15: 49.

Zhou L.J., Zhai H.Q., Wan J.M., 2009. Current status and strategies for improvement of rice grain chalkiness. *Yi Chuan*, 31(6): 563-572.

## Application of molecular marker to select unchalking rice grains from backcross OM3673/TLR434//OM3673 population

Truong Anh Phuong, Pham Thi Kim Vang, Nguyen Thi Lang, Nguyen Thi Ngoc An

### Abstract

The current study aimed to identify the unchalking genes-carrying rice lines *via* using molecular markers and GGT-map analysis for breeding program. The results showed that the utilized markers clearly revealed polymorphisms, and linked with the unchalking characteristics in the backcross populations of OM3673/TLR434//OM3673. Two molecular markers Indel 5 and RM21938 showed the similarity between the chalking and unchalking genotypes at a ratio of 45% on BC1F2 population and 70% on BC1F2 population, respectively. The study also selected four lines carrying unchalking genes on the locus in chromosome 7, these lines are homozygous according to the genome of parents (TLR434), those lines are BC2F3-14-1; BC2F3-30-10, BC2F3-50-80 and BC2F3-80-20-3. In conclusion, these rice lines will be used for the further study on the genotyping assessment based on genotyping by sequencing (GBS) for the development of new unchalking rice varieties in the future.

**Keywords:** Rice, chalkiness, molecular markers, polymorphism

Ngày nhận bài: 06/02/2021

Ngày phản biện: 15/02/2021

Người phản biện: PGS.TS. Lưu Minh Cúc

Ngày duyệt đăng: 26/02/2021

## PHÂN TÍCH ĐA DẠNG DI TRUYỀN NHÓM *Bacillus subtilis* BẰNG PHƯƠNG PHÁP GIẢI TRÌNH TỰ ĐOẠN PROTEIN NGÓN TAY KẼM (ZINC FINGER PROTEIN) VÀ KỸ THUẬT PCR DÙNG MÔ HÌNH THIẾT KẾ TRÊN CÁC CHUỖI LẶP (REP-PCR)

Bùi Thị Thanh Tịnh<sup>1</sup>, Lê Lưu Phương Hạnh<sup>1</sup>,  
Nguyễn Hoàng Chi Mai<sup>2</sup>, Trần Ngọc Phương Linh<sup>3</sup>,  
Lê Văn Hậu<sup>1</sup>, Nguyễn Đăng Quân<sup>1</sup>, Ngô Huỳnh Phương Thảo<sup>1</sup>

### TÓM TẮT

Đa dạng di truyền của 49 chủng thuộc nhóm *Bacillus subtilis* phân lập ở An Giang và Cần Thơ được khảo sát bằng phương pháp giải trình tự đoạn gen Zinc finger và phương pháp PCR dùng mô hình thiết kế trên các chuỗi lặp (Repetitive element sequence-based PCR, rep-PCR). Cây phát sinh loài dựa trên trình tự đoạn gen Zinc finger cho thấy 49 chủng thuộc nhóm *B. subtilis* được chia thành 02 nhóm chính (I và II) và tương đồng cao với các loài *B. velezensis* và *B. amyloliquefaciens*, *B. siamensis*, *B. subtilis*, *B. tequilensis*. Riêng chủng B1008 hoàn toàn tách biệt với các chủng khác và chỉ tương đồng 91,7% với chủng *B. velezensis* WLYS23. Trong khi đó, cây phân nhóm dựa trên rep-PCR với mỗi BOX-A1R cho thấy 49 chủng này được chia làm 2 nhóm chính (A và B). Nhóm A phân thành các nhóm phụ (A1, A2) có kết quả giải trình tự tương đồng với các loài *B. velezensis* và *B. amyloliquefaciens*, *B. siamensis*, *B. subtilis*. Nhóm B (gồm 4 chủng) có kết quả giải trình tự thuộc 4 loài khác nhau và chủng B1008 nằm tách biệt với các chủng khác. Từ những kết quả trên cho thấy, phương pháp giải trình tự đoạn gen Zinc finger và phương pháp rep-PCR có sự tương đồng trong việc phân nhóm các chủng thuộc nhóm *B. subtilis*. Đây là những công cụ hữu ích để đánh giá mối quan hệ di truyền cũng như góp phần định danh các chủng *Bacillus* spp.

**Từ khóa:** *Bacillus subtilis*, đa dạng di truyền, rep-PCR, protein ngón tay kẽm, cây phân loài

<sup>1</sup> Trung tâm Công nghệ Sinh học TP. Hồ Chí Minh; <sup>2</sup> Trường Đại học Khoa học Tự nhiên TP. Hồ Chí Minh

<sup>3</sup> Trường Đại học Tôn Đức Thắng TP. Hồ Chí Minh