

- Phong, N.H., Wattanachai, P., Kasem, S. and Luu, N.T., 2014. Antimicrobial substances from *Chaetomium* spp. against *Pestalotia* spp. causing grey blight disease of tea. *Journal of Agricultural Technology*, 10(4): 863-874.
- Soytong, K., 2009. Evaluation of *Chaetomium* biological fungicide to control *Phytophthora* stem and root rot of durian. *Kasetsart J. (Nat. Sci.)*, 3(2): 115-124.
- Tathan, S., Sibounnavong, P., Soytong, K. and Toanun C., 2012. Biological metabolites from *Chaetomium* spp. to inhibit *Drechslera oryzae* causing leaf spot of rice. *Journal of Agricultural Technology*, 8(4): 1691-1701.
- Thiep, N.V. and Soytong, K., 2015. *Chaetomium* spp. as biocontrol potential to control tea and coffee pathogens in Vietnam. *International Journal of Agricultural Technology*, 11(6): 1381-1392.
- Von Arx J.A., Guarro, J. and Figueras, M.J., 1986. Ascomycete genus *Chaetomium*. *Beih. Nova Hedwigia*, 84: 1-162.

## Identification of *Chaetomium* spp. antagonistic activity against *Neoscytalidium dimidiatum* causing brown spot disease of dragon fruit in Vietnam

Nguyen The Quyet, Nguyen Duc Thanh, Trinh Quoc Binh, Bui Thi Lan Huong, Nguyen Duc Huy and Pham Xuan Hoi

### Abstract

The brown spot disease caused by *Neoscytalidium dimidiatum* is one of the most serious diseases of *Hylocereus undatus* in Vietnam, causing great economic losses for dragon fruit growers. This study was conducted to determine the antagonistic activity of *Chaetomium* species against *N. dimidiatum* causing brown spot disease on dragon fruit by using bi-culture technique on potato dextrose agar medium. The results showed that *Chaetomium* species had the effect of inhibiting diameter and spore formation of *N. dimidiatum* fungus. Among them, *Arcopilus cupreus* had the highest inhibition of colony growth (77.67%) and *C. globosum* had the highest inhibition of spore formation (79.75%) after 14 days of culture.

**Keywords:** Antagonistic, bi-culture, brown spot, *Chaetomium*, dragon fruit

Ngày nhận bài: 18/9/2018

Ngày phản biện: 27/9/2018

Người phản biện: TS. Trần Thị Mỹ Hạnh

Ngày duyệt đăng: 15/10/2018

## ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG NGUỒN GEN ĐỒ QUYÊN BẰNG CHỈ THỊ ISSR

Đỗ Thị Thu Lai<sup>1</sup>, Nguyễn Thị Thùy Linh<sup>2</sup>, Đinh Trường Sơn<sup>2</sup>, Nguyễn Thị Kim Lý<sup>3</sup>, Phạm Thị Minh Phượng<sup>2</sup>

### TÓM TẮT

Sự đa dạng nguồn gen của 8 mẫu đồ quỳen thu thập được từ các tỉnh Lào Cai, Vĩnh Phúc, Nam Định đã được phân tích dựa trên 22 chỉ thị phân tử ISSR; nhận bản được 954 sản phẩm PCR thuộc 200 locus từ 8 mẫu giống đồ quỳen. Hệ số tương đồng di truyền của 8 mẫu đồ quỳen dao động từ 49,0 - 86,2%. Mức độ đa dạng của 8 mẫu đồ quỳen ở mức trung bình với giá trị PIC là 0,24. Mối quan hệ di truyền của 8 mẫu đồ quỳen được phân tích dựa trên Hệ số tương đồng Sokal and Michener. Kết quả phân nhóm bằng thuật toán UPGMA sử dụng phần mềm NTSYS 2.1 cho thấy: ở mức độ tương đồng di truyền là 75%, 8 mẫu đồ quỳen được phân tách thành 4 nhóm khác nhau trong đó có nhóm 1 bao gồm 4 mẫu Q1, Q2, Q4 và Q5, nhóm 2 bao gồm hai mẫu Q3 và Q6, nhóm 3 chỉ có mẫu Q7 và nhóm 4 chỉ có mẫu Q8. Sự tương đồng di truyền của mẫu Q8 so với 7 mẫu còn lại là khá thấp. Chính vì vậy, có thể sử dụng mẫu Q8 (là mẫu hiện đang được ưa chuộng trên thị trường) để lai với 7 mẫu còn lại nhằm phát triển nguồn gen phục vụ công tác chọn tạo giống hoa đồ quỳen mới ở Việt Nam.

**Từ khóa:** Đồ quỳen, *Rhododendron*, đa dạng nguồn gen, chỉ thị phân tử, ISSR

### I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Chi đồ quỳen (*Rhododendron*) là một chi lớn với khoảng 1.025 loài và hầu hết các loài đều cho hoa đẹp rực rỡ (Chamberlain *et al.*, 1996; Furbee, 2009).

Trên thế giới, chi đồ quỳen phân bố rất rộng, xuất hiện ở hầu khắp Bắc bán cầu tới Nam bán cầu, vùng Đông Nam Á, các quần đảo và lãnh thổ và phổ biến rộng từ Nam Himalaya tới Tây Nam Trung Quốc.

<sup>1</sup> Ban Quản lý Lăng Chủ tịch Hồ Chí Minh; <sup>2</sup> Học viện Nông nghiệp Việt Nam

<sup>3</sup> Viện Di truyền Nông nghiệp

Rất nhiều loài xuất hiện ở vùng núi của Thái Lan, Việt Nam và Malaysia (Irving and Hebda, 1993).

Ở Việt Nam, chi *Rhododendron* có 44 loài (Nguyễn Thị Thanh Hương và *ctv.*, 2009). Trong tự nhiên, có thể tìm thấy một số loài thuộc chi này ở các vùng núi như Bạch Mã, Nam Đông, đầu nguồn sông Bồ, rừng Hương Nguyên, sông A Sáp, Sa Pa (Lào Cai), Tam Đảo (Vĩnh Phúc) và Đà Lạt (Lâm Đồng). Ở nước ta, loài được sử dụng nhiều là *Rhododendron simsii* vì hoa đẹp, màu sắc rực rỡ (Mai Văn Phò, 2009). Mặc dù là cây hoa quý và phổ biến, cho đến nay, có rất ít tài liệu trong nước công bố về các dữ liệu phân tích đa dạng nguồn gen để quyền phân bố ở nước ta.

Chỉ thị DNA có khả năng ứng dụng rất lớn trong phân tích đa dạng di truyền cũng như ứng dụng trong chọn tạo giống. Cho đến nay, hàng loạt chỉ thị phân tử đã được phát minh và ứng dụng rộng rãi trong đó có chỉ thị ISSR (Collard and Mackill, 2008). Chỉ thị ISSR dựa trên phản ứng PCR nhằm khuếch đại ngẫu nhiên các đoạn DNA ở các vị trí khác nhau trong bộ DNA genome. Do sự đa hình về trình tự DNA giữa các cá thể dẫn tới vị trí bắt mỗi là khác

nhau và do vậy các locus được khuếch đại của các cá thể có thể cũng khác nhau. Chính vì vậy, ISSR là chỉ thị có mức độ đa hình cao và được sử dụng nhiều trong nghiên cứu đa dạng di truyền giữa các loài thực vật (Collard and Mackill, 2008; Charrier *et al.*, 2014; Xu *et al.*, 2017).

Việc khảo sát, đánh giá mức độ đa hình của các mẫu để quyền là cần thiết. Với mục đích phân tích mối quan hệ di truyền của các mẫu để quyền thu thập được, công trình này đã sử dụng chỉ thị phân tử ISSR nhằm phát hiện mức độ đa hình của 8 mẫu để quyền thu thập được. Kết quả nghiên cứu sẽ góp phần phân loại, nhận dạng, bảo tồn, khai thác hiệu quả nguồn gen cũng như chọn tạo giống hoa để quyền mới tại Việt Nam.

## II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1. Vật liệu nghiên cứu

Vật liệu nghiên cứu gồm 08 loài để quyền bản địa được thể hiện trong Bảng 1. Bên cạnh đó, hình ảnh các vật liệu nghiên cứu địa điểm thu thập và ký hiệu mẫu được trình bày trên Hình 1.

**Bảng 1.** Các mẫu để quyền sử dụng trong nghiên cứu

Ký hiệu	Tên Khoa học	Tên địa phương	Nơi thu thập
Q1	<i>Rhododendron</i> sp.	Để quyền trắng	Sa Pa, Lào Cai
Q2	<i>Rhododendron lyi</i> Le	Để quyền trắng xanh	Sa Pa, Lào Cai
Q3	<i>Rhododendron</i> sp.	Để quyền hồng đậm	Tam Đảo, Vĩnh Phúc
Q4	<i>Rhododendron</i> sp.	Để quyền hồng nhạt	Tam Đảo, Vĩnh Phúc
Q5	<i>Rhododendron chpaensis</i> P. Dop	Để quyền tím đậm	Tam Đảo, Vĩnh Phúc
Q6	<i>Rhododendron</i> sp.	Để quyền tím nhạt	Nam Điện, Nam Định
Q7	<i>Rhododendron</i> sp.	Để quyền đỏ	Sa Pa, Lào Cai
Q8	<i>Rhododendron simsii</i> Planch	Để quyền cà rốt	Tam Đảo, Vĩnh Phúc

### 2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Phương pháp đánh giá đa dạng di truyền bằng chỉ thị ISSR.

Tách chiết DNA: Khoảng 100 mg lá của 8 mẫu để quyền được tách chiết theo hướng dẫn của bộ kit NucleoSpin Plant II, Macherey-Nagel. Hàm lượng và độ nguyên vẹn của các mẫu DNA sau khi tách chiết được kiểm tra bằng phương pháp điện di trên agarose 1,0%. Các mẫu DNA sau đó được bảo quản trong tủ lạnh sâu -20<sup>0</sup> C.

Thực hiện phản ứng PCR: Phản ứng PCR được thực hiện trên máy chu trình nhiệt (Eppendorf) với

thể tích 20 µL chứa 50 ng DNA, 0,2 mM mỗi loại dNTP, 0,5 µM mỗi, 1,5 mM MgCl<sub>2</sub> và 0,5U Taq DNA Polymerase (D1086-Sigma). Chu trình của phản ứng PCR được thực hiện với điều kiện như sau: giai đoạn biến tính ban đầu 94°C trong 5 phút; 40 chu kỳ gồm 1 phút biến tính ở 94°C, 1 phút gắn mỗi ở nhiệt độ Tm (Bảng 1) và 2 phút kéo dài ở 72°C. Phản ứng PCR kết thúc với một chu kỳ kéo dài trong 7 phút ở 72°C và bảo quản ở 4°C (Barcaccia *et al.*, 2003). Thông tin cụ thể của các mẫu được liệt kê trên Bảng 2. Sản phẩm PCR được kiểm tra trên gel agarose 1,5% và quan sát dưới đèn chiếu UV.



Trắng (*Rhododendron*.sp)  
Địa điểm: Sa pa, Lào Cai



Trắng xanh (*Rhododendron luyi* Le)  
Địa điểm: Sa pa, Lào Cai



Hồng đậm (*Rhododendron* sp.)  
Địa điểm: Tam Đảo, Vĩnh Phúc



Hồng nhạt (*Rhododendron* sp.)  
Địa điểm: Tam Đảo, Vĩnh Phúc



Tím đậm (*Rhododendron chapaensis* P.Dop)  
Địa điểm: Tam Đảo, Vĩnh Phúc



Tím nhạt (*Rhododendron* sp.)  
Địa điểm: Nam Điền, Nam Định



Đỏ (*Rhododendron* sp.)  
Địa điểm: Sa Pa, Lào Cai



Cà rốt (*Rhododendron simsii* Planch)  
Địa điểm: Tam Đảo, Vĩnh Phúc

Hình 1. Các mẫu hoa đỗ quỳen (ký hiệu từ Q1 - Q8) sử dụng trong nghiên cứu

**Bảng 2.** Tên, trình tự và nhiệt độ bắt mỗi của các chỉ thị ISSR sử dụng trong nghiên cứu

Tên mỗi	Trình tự mỗi (5' - 3')	Nhiệt độ bắt mỗi (°C)
UBC_807	AGAGAGAGAGAGAGAGT	49
UBC_808	AGAGAGAGAGAGAGAGC	50
UBC_811	GAGAGAGAGAGAGAGAC	50
UBC_812	GAGAGAGAGAGAGAGAA	50
UBC_813	CTCTCTCTCTCTCTT	49
UBC_817	CACACACACACACACAA	49
UBC_818	CACACACACACACACAAG	56
UBC_819	GTGTGTGTGTGTGTGTA	50
UBC_823	TCTCTCTCTCTCTCTCC	50
UBC_824	TCTCTCTCTCTCTCTCG	50
UBC_827	ACACACACACACACACG	56
UBC_847	CACACACACACACACAGC	56
UBC_862	AGCAGCAGCAGCAGCAGC	56
UBC_864	ATGATGATGATGATGATG	45
UBC_866	CTCCTCCTCCTCCTCCTC	56
UBC_868	GAAGAAGAAGAAGAAGAA	45
UBC_869	GTTGTTGTTGTTGTTGTT	45
UBC_872	GATAGATAGATAGATA	35
UBC_873	GACAGACAGACAGACA	45
UBC_876	GATAGATAGACAGACA	42
ISSR-T1	GTGTGTGTGTGTCTCC	54
ISSR-T3	ACACACACACACCG	42

- Xử lý số liệu: Sử dụng “Hệ số tương đồng Sokal and Michener (1958)” và phương pháp phân nhóm UPGMA trong NTSYS 2.1. Chỉ số đa hình PIC (Polymorphic Information content) của mỗi locus được tính theo công thức:  $PIC(i) = 1 - \sum P_{ij}^2$  (Sokal and Michener, 1958; Botstein *et al.*, 1980). Trong đó,  $i$  là số locus ISSR tương ứng;  $j$  là số thứ tự allen của locus ISSR và  $P_{ij}$  là tần suất allen thứ  $j$  với locus ISSR thứ  $i$ . Chỉ số sai khác giữa các cặp mỗi Rp (resolving power) được tính theo công thức:  $R_p = \sum I_b$ . Trong đó  $I_b$  là giá trị đại diện cho thông tin của đoạn.  $I_b = 1 - [2 \times (0,5 - p)]$ ,  $p$  là tỷ lệ các mẫu xuất hiện băng vạch (Prevost and Wilkinson, 1999).

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

Nghiên cứu được thực hiện năm 2015 - 2016 tại Bộ môn Công nghệ sinh học thực vật, Khoa Công nghệ sinh học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam.

## III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

### 3.1. Kết quả phân tích đa dạng di truyền bằng chỉ thị ISSR

Kết quả ở Bảng 3 cho thấy: 22 chỉ thị ISSR đã

phát hiện được tổng số 200 locus với tỷ lệ đa hình của các locus trung bình đạt 74,1%. Với 8 mẫu đồ quyền thu thập được, 22 chỉ thị ISSR đã nhận được tổng số là 954 băng vạch DNA, trung bình đạt 43,36 băng vạch/mỗi, 119,25 băng vạch DNA/mẫu, trung bình đạt 5,42 băng vạch/mỗi/mẫu. Nhóm các chỉ thị UBC\_808, UBC\_876, ISSR-T1, ISSR-T3, UBC\_811 cho số băng DNA trung bình tính trên các mẫu đồ quyền đạt cao nhất, tương ứng 8,00 - 10,13 băng/mẫu. Nhóm chỉ thị ISSR cho số băng DNA trung bình trên mẫu thấp nhất là UBC\_873, UBC\_862, UBC\_824, cho số băng DNA trung bình thấp nhất tương ứng là 1,63 - 2,00 băng/mẫu. Chỉ số đa hình PIC trung bình đạt 0,24 và chỉ số sai khác giữa các cặp mỗi (Rp) là 10,84. Hệ số tương đồng Sokal and Michener (1958) đã được sử dụng để xác định mối tương đồng di truyền giữa 8 mẫu đồ quyền. Kết quả được thể hiện trên Bảng 4.

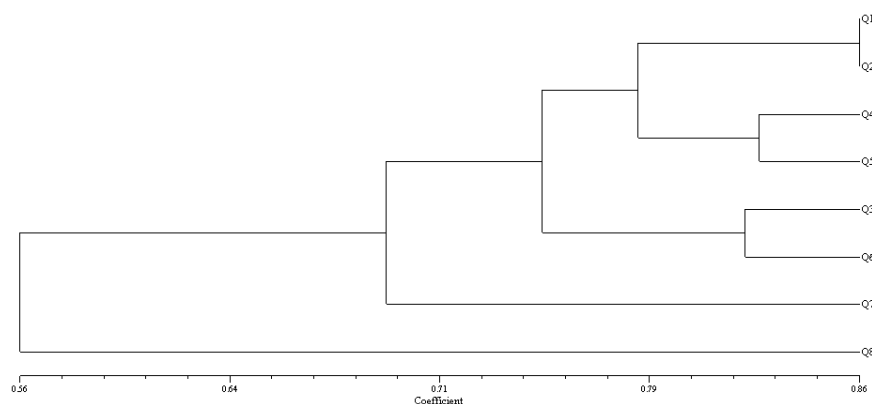
Từ kết quả phân tích hệ số tương đồng di truyền của 8 mẫu đồ quyền, sử dụng phương pháp phân nhóm UPGMA trong NTSYS 2.1, mối quan hệ di truyền của 8 mẫu đồ quyền được trình bày ở Hình 2.

Kết quả ở Bảng 3 và Hình 2 cho thấy: Khi được phân tích bởi 22 chỉ thị ISSR, ở mức độ tương đồng di truyền là 75% thì 8 mẫu đồ quyền được phân tách thành 4 nhóm khác nhau trong đó có nhóm 1 bao gồm 4 mẫu Q1, Q2, Q4 và Q5, nhóm 2 bao gồm hai mẫu Q3 và Q6, hai mẫu còn lại là Q7 và Q8 được tách biệt thành 2 nhóm độc lập nhau là nhóm 3 và nhóm 4. Sự tương đồng di truyền của các mẫu đồ quyền có sự tương quan với màu sắc. Rõ ràng, các mẫu Q1 và Q2 có màu sắc gần giống nhau nhất trong số các mẫu (đều sáng màu) có hệ số tương đồng di truyền tới 86,2%, mẫu Q8 có sự khác biệt rõ rệt về màu sắc với các mẫu còn lại nên có hệ số tương đồng di truyền là nhỏ nhất với 7 mẫu còn lại, trong đó mức độ tương đồng di truyền của mẫu Q7 và Q8 chỉ đạt 49,0% (Bảng 2).

Kết quả phân tích cho hệ số PIC của chỉ thị chỉ đạt 0,24 chứng tỏ mức độ đa dạng của 8 mẫu đồ quyền là ở mức trung bình. Thực tế thì ngoài hai mẫu Q7 và Q8 có sự khác biệt lớn thì các mẫu còn lại có sự khác biệt khá nhỏ. Cụ thể, sự khác biệt di truyền giữa mẫu Q3 và Q6 là 10,5%, Q2 và Q4 là 11,2% và Q1 và Q2 là 11,4%, Q1 và Q4 là 14,4%. Do mẫu Q8 (*Rhododendron simsii* Planch) là mẫu có kiểu hình khá đặc biệt (lá rụng khi ra hoa nên trên cây chỉ còn hoa do vậy được thị trường rất ưa chuộng) nên có thể sử dụng Q8 để lai tạo với 7 mẫu còn lại nhằm tạo nguồn vật liệu, phục vụ công tác chọn tạo giống hoa đồ quyền mới.

**Bảng 3.** Đa hình của 8 mẫu đồ quỳen dựa trên chỉ thị ISSR

Tên mẫu	Số locus phát hiện được	Tỷ lệ đa hình của các locus	Tổng số băng nhân bản được	Số băng/mẫu	Chỉ số đa hình PIC	Chỉ số sai khác giữa các cặp mẫu (Rp)
UBC_807	10	80,00	47	5,88	0,28	11,75
UBC_808	13	92,31	64	8,00	0,29	16,00
UBC_811	15	73,33	81	10,13	0,19	20,25
UBC_812	6	66,67	27	3,38	0,22	6,75
UBC_813	14	78,57	46	5,75	0,21	11,50
UBC_817	9	66,67	43	5,38	0,25	10,75
UBC_818	4	50,00	19	2,38	0,15	4,75
UBC_819	10	40,00	53	6,63	0,12	13,25
UBC_823	6	50,00	35	4,38	0,16	8,75
UBC_824	4	50,00	16	2,00	0,12	4,00
UBC_827	12	75,00	48	6,00	0,26	12,00
UBC_847	11	81,82	51	6,38	0,26	12,75
UBC_862	4	100,00	15	1,88	0,26	3,75
UBC_864	7	57,14	40	5,00	0,20	10,00
UBC_866	7	71,43	44	5,50	0,22	11,00
UBC_868	8	75,00	44	5,50	0,31	11,00
UBC_869	5	100,00	21	2,63	0,37	5,25
UBC_872	10	90,00	43	5,38	0,31	10,75
UBC_873	3	100,00	13	1,63	0,30	3,25
UBC_876	16	93,75	66	8,25	0,34	16,50
ISSR-T1	13	76,92	67	8,38	0,29	16,75
ISSR-T3	13	61,54	71	8,88	0,19	17,75
Tổng số	200		954			
Trung bình/mỗi	9,09	74,10	43,36	5,42	0,24	10,84
Giá trị trung bình/mẫu	25,00		119,25	14,91		



**Hình 2.** Sơ đồ quan hệ di truyền của 8 mẫu đồ quỳen được phân tích bằng chỉ thị ISSR

**Bảng 4.** Hệ số tương đồng di truyền của 8 mẫu đỗ quỳen

Mẫu	Q1	Q2	Q3	Q4	Q5	Q6	Q7	Q8
Q1	1,000							
Q2	0,862	1,000						
Q3	0,760	0,750	1,000					
Q4	0,821	0,816	0,776	1,000				
Q5	0,750	0,745	0,755	0,827	1,000			
Q6	0,704	0,684	0,821	0,801	0,760	1,000		
Q7	0,730	0,663	0,643	0,724	0,689	0,709	1,000	
Q8	0,577	0,582	0,571	0,582	0,597	0,536	0,490	1,000

Trong một số năm gần đây, đã có một số công trình nghiên cứu nhằm phát triển chỉ thị phân tử đặc hiệu cho chi đỗ quỳen đặc biệt là loài *Rhododendron simsii*. Li và cộng tác viên (2016) đã phát triển được 7 cặp môi EST-SSR và ứng dụng trong phân tích đa dạng nguồn gen của 32 mẫu đỗ quỳen thuộc loài *R. simsii* thu thập tại tỉnh Hồ Bắc, Trung Quốc (Li *et al.*, 2016). Shuzhen và cộng tác viên (2017) cũng phát triển được 14 chỉ thị microsatellite cho loài *Rhododendron simsii*.

Việc phân tích đa dạng di truyền của một số mẫu đỗ quỳen thuộc loài *Rhododendron simsii* phân bố ở Việt Nam đã được tác giả Nguyễn Thị Thu Hằng (2011) thực hiện. Tác giả cũng so sánh sự đa dạng di truyền của các mẫu đỗ quỳen Việt Nam với các cá thể đỗ quỳen cùng loài của Nhật Bản và nghiên cứu khả năng lai tạo giữa các mẫu hoa đỗ quỳen Việt Nam và Nhật Bản nhằm phát triển giống hoa đỗ quỳen mới (Nguyễn Thị Thu Hằng, 2011). Kết quả nghiên cứu này được thực hiện trên 8 mẫu đỗ quỳen thuộc nhiều loài khác nhau (mẫu Q2 thuộc loài *Rhododendron lyl* Le, mẫu Q5 thuộc loài *Rhododendron chapaensis* P.Dop, mẫu Q8 thuộc loài *Rhododendron simsii*, các mẫu Q1, Q3, Q4, Q6 và Q7 chưa được định danh loài) và sẽ là những dẫn liệu quý, góp phần vào mục tiêu bảo tồn, phát triển nguồn gen, phục vụ công tác lai tạo giống đỗ quỳen mới tại Việt Nam.

#### IV. KẾT LUẬN

Mối quan hệ di truyền của 8 mẫu đỗ quỳen được thu thập tại Lào Cai, Vĩnh Phúc và Nam Định đã được phân tích bởi 22 chỉ thị ISSR. Đã nhân bản được 954 sản phẩm PCR thuộc 200 locus. Hệ số tương đồng di truyền của 8 mẫu đỗ quỳen dao động từ 49,0 - 86,2%. Mức độ đa dạng của 8 mẫu đỗ quỳen ở mức trung bình với giá trị PIC là 0,24. Mối quan

hệ di truyền của 8 mẫu đỗ quỳen được phân tích dựa trên Hệ số tương đồng Sokal and Michener (1958). Kết quả phân nhóm bằng thuật toán UPGMA trong phần mềm NTSYS 2.1 cho thấy: ở mức độ tương đồng di truyền là 75%, 8 mẫu đỗ quỳen được phân tách thành 4 nhóm khác nhau trong đó có nhóm 1 bao gồm 4 mẫu Q1, Q2, Q4 và Q5, nhóm 2 bao gồm hai mẫu Q3 và Q6, nhóm 3 chỉ có mẫu Q7 và nhóm 4 chỉ có mẫu Q8. Sự tương đồng di truyền của mẫu Q8 là mẫu hiện đang được ưa chuộng trên thị trường so với 7 mẫu còn lại là khá thấp. Chính vì vậy, có thể sử dụng mẫu Q8 để lai với 7 mẫu còn lại nhằm phát triển nguồn gen phục vụ công tác chọn tạo giống hoa đỗ quỳen mới ở Việt Nam.

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Nguyễn Thị Thu Hằng**, 2011. *Studies on genetic diversity and utilization of Rhododendron simsii distributed in Vietnam*. Doctoral degree, Kyushu University, Fukuoka.
- Nguyễn Thị Thanh Hương, Trần Minh Hợi, Nguyễn Tiến Hiệp**, 2009. Một số loài có giá trị làm cảnh trong Chi Đỗ quỳen (*Rhododendron* L.) thuộc họ Đỗ quỳen (*Ericaceae* Juss.) ở Việt Nam. Báo cáo Hội nghị Khoa học toàn quốc về sinh thái và tài nguyên sinh vật lần thứ ba, Hà Nội.
- Mai Văn Phô**, 2009. Hoa đỗ quỳen ở Việt Nam. *Tạp chí Nghiên cứu và Phát triển*, số 2.2009.
- Barcaccia G, Lucchin M and Parrini P**, 2003. Characterization of a flint maize (*Zea mays* var. *indurata*) Italian landrace, II. Genetic diversity and relatedness assessed by SSR and Inter-SSR molecular markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 50: 253-271.
- Botstein D, White RL, Skolnick M, Davis RW**, 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 32: 314-331.
- Chamberlain D, Hyam R, Argent G, Fairweather G, Walter KS, Royal Botanic Garden E**, 1996. *The genus Rhododendron: It's classification & synonymy*. Royal Botanic Gardens, Kew.
- Charrier O, Dupont P, Pornon A, Escaravage N**, 2014. Microsatellite marker analysis reveals the complex phylogeographic history of *Rhododendron ferrugineum* (*Ericaceae*) in the Pyrenees. *PLoS One* 9: e92976.
- Collard BC, Mackill DJ**, 2008. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, 363: 557-572.

- Furbee B**, 2009. CHAPTER 47 - Neurotoxic Plants. In MR Dobbs, ed, Clinical Neurotoxicology. W.B. Saunders, Philadelphia, pp 523-542.
- Irving E, Hebda R**, 1993. Concerning the origin and distribution of *Rhododendrons*. The American Rhododendron Society 47.
- Li Z, Cheng C, Zhang G, Fang Y, Jin W, Wang S**, 2016. EST-SSR marker-based genetic diversity analysis of *Rhododendron simsii* germplasm in Guifeng mountain. *Agricultural Science & Technology*, 17: 1073-1076.
- Prevost A, Wilkinson MJ**, 1999. A new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars. *Theoretical and Applied Genetics*, 98: 107-112.
- Shuzhen W, Zhiliang L, Weibin J, Fu X, Jun X, Yuanping F**, 2017. Development and characterization of polymorphic microsatellite markers in *Rhododendron simsii* (Ericaceae). *Plant Species Biology*, 32: 100-103.
- Sokal RR, Michener CD**, 1958. A statistical method for evaluating systematic relationships. *Univ. Kans. Sci. Bull*, 28: 1409-1438.
- Xu JJ, Zhang LY, Zhao B, Shen HF**, 2017. Assessment of genetic diversity among six populations of *Rhododendron triflorum* in Tibet using ISSR and AFLP markers. *South African Journal of Botany*, 108: 175-183.

### Evaluation of genetic diversity of *Rhododendron* by ISSR markers

Do Thi Thu Lai, Nguyen Thi Thuy Linh, Dinh Truong Son, Nguyen Thi Kim Ly, Pham Thi Minh Phuong

#### Abstract

The genetic diversity of eight *Rhododendron* individuals collected from Lao Cai, Vinh Phuc and Nam Dinh provinces was evaluated by 22 ISSR markers. 22 ISSR markers detected a total of 200 loci with 954 DNA bands. The genetic similarity of 8 individuals varied from 49.0 - 86.2% with average PIC value of 0.24 and the diversity of eight individuals was at medium level. A dendrogram obtained by using UPGMA cluster analysis showed that 8 individuals were separated into 3 distinct clusters at the genetic similarity of 75%; group 1 consisted of 6 individuals (Q1, Q2, Q3, Q4, Q6 and Q7), group 2 and group 3 each had only 1 individual (Q5 or Q8). Q8 individual had the lowest genetic similarity with the other seven; therefore, it is possible to use Q8 for crossing with 7 other individuals for new cultivar development in Vietnam.

**Keywords:** *Rhododendron*, genetic diversity, molecular marker, Inter Simple Sequence Repeat

Ngày nhận bài: 16/10/2018

Ngày phản biện: 24/10/2018

Người phản biện: TS. Trần Thị Thu Hoài

Ngày duyệt đăng: 15/11/2018

## HIỆN TRẠNG KHAI THÁC VÀ QUẢN LÝ NGHỀ LƯỚI KÉO ĐƠN VEN BỜ Ở TỈNH SÓC TRĂNG VÀ BẾN TRE

Nguyễn Thanh Long<sup>1</sup>, Trần Đắc Định<sup>1</sup> và Mai Viết Văn<sup>1</sup>

### TÓM TẮT

Nghiên cứu hiện trạng khai thác và quản lý nghề lưới kéo đơn ven bờ được thực hiện từ tháng 10/2017 đến tháng 5/2018 ở tỉnh Sóc Trăng và Bến Tre thông qua phỏng vấn trực tiếp 90 hộ làm nghề đánh bắt bằng lưới kéo về khía cạnh kỹ thuật và tài chính. Kết quả cho thấy, nghề lưới kéo là nghề có số lượng tàu nhiều nhất ở hai tỉnh. Nghề lưới kéo có thể khai thác quanh năm. Công suất tàu lưới kéo ở tỉnh Sóc Trăng (39,20 CV) và ở tỉnh Bến Tre (34,87 CV). Sản lượng và tỉ lệ cá tạp của nghề lưới kéo đơn ở tỉnh Sóc Trăng (16,7 tấn/năm, 39,7%) cao hơn ở tỉnh Bến Tre (15,5 tấn/năm, 33,3%) và lợi nhuận và tỉ suất lợi nhuận của nghề lưới kéo đơn ở tỉnh Sóc Trăng (6,28 triệu đồng/chuyến; 0,44 lần) cũng cao hơn ở tỉnh Bến Tre (3,38 triệu đồng/chuyến; 0,38 lần). Để nghề lưới kéo đơn ven bờ phát triển ổn định cần đẩy mạnh công tác quản lý và phát triển nguồn lợi thủy sản, tạo điều kiện cho ngư dân tiếp cận vốn với lãi suất thấp để đầu tư sản xuất và tập huấn ngư dân biết sử dụng các thiết bị khai thác nhằm tăng hiệu quả khai thác của họ.

**Từ khóa:** Bến Tre, khai thác thủy sản, lưới kéo, quản lý thủy sản, Sóc Trăng

<sup>1</sup> Khoa Thủy sản, Đại học Cần Thơ