

Chen WJ, Wang L, Pang XF, Pan QH, 2006. Genetic analysis and fine mapping of a rice brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stal.) resistance gene *bph19* (*t*). *Mol Gene Genomics*. 275: 321-329.

Huang D, Qiu Y, Zhang Y, Huang F, Meng J, Wei S, Li R, Chen B, 2013. Fine mapping and characterization of *Bph27*, a brown planthopper resistance gene from wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.). *Theor Appl Genet*. 126(1): 219-229.

Ling KC, 1967. Transmission of viruses in south-east Asia. In *The virus diseases of the riceplant*. John

Hopkins, Baltimore, U.S.A.

Liu Y, Su CC, Jiang L, He J, Wu H, Peng C, Wan J., 2009. The distribution and identification of brown planthopper resistance genes in rice. *Hereditas*. 146: 67-73.

Saghai-Maroo M. A., Biyashew R. M., Yang G. P., Zhang Q., Allard R. W., 1984. Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barley: species diversity, chromosomal locations, and population dynamics. *Proc Natl Acad Sci USA* 91, pp. 5466 - 5470.

Evaluation of local rice varieties resistant to brown planthopper by artificial infestation and DNA markers

Le Tuan Tu, Nguyen Huy Chung, Phan Thi Bich Thu, Nguyen Tien Hung, Nguyen Xuan Luong, Nguyen Van Tuat, Nguyen Huy Hoang, Nguyen Thi Kim Lien

Abstract

Brown planthopper (BPH - *Nilaparvata lugens*) is one of the most dangerous insect pests of rice. Applying resistant varieties is a cheap and friendly plant protection method. In order to develop resistant rice varieties, screening the materials for BPH resistance is necessary. The result of evaluation using BPH infestation developed by IRRI showed that 24/33 varieties (accounting for 72.72%) were resistant to BPH population collected from Ha Noi, Nghe An and Long An provinces. Using DNA markers, including STS9, RM 1358 and RM585 link with resistant genes *Bph1*, *bph2* and *Bph3* respectively to determine the varieties conferring resistant genes showed that 14/33 varieties (accounting for 42.42%) had linkage-maker with one of three resistant genes *Bph1*, *bph2*, *Bph3*. These lines were good materials for screening and breeding new resistant varieties.

Key words: Brown planthopper, resistant varieties, artificial infestation, DNA marker

Ngày nhận bài: 2/11/2016

Ngày phản biện: 6/11/2016

Người phản biện: TS. Trịnh Xuân Hoạt

Ngày duyệt đăng: 21/11/2016

KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU DI TRUYỀN TÍNH KHÁNG BỆNH PHẤN TRẮNG (*Microspheara diffusa*) ĐẬU TƯƠNG Ở VIỆT NAM

Nguyễn Đạt Thuận¹, Nguyễn Xuân Hồng², Trần Thị Trường¹

TÓM TẮT

Nghiên cứu nhằm xác định kiểu di truyền tính kháng bệnh phấn trắng ở đậu tương giống William 82 thuộc tổ hợp lai 'EO89-10 x William 82'. Giống William 82 là giống kháng bệnh phấn trắng (cấp 0-1). Giống EO89-10 là giống bị nhiễm bệnh (cấp 4-5). Thí nghiệm được tiến hành trên quần thể cây bố mẹ (P_1 và P_2) và các quần thể con lai (F_1 ; F_2 , BCP_1 và BCP_2) ở điều kiện nhiễm bệnh nhân tạo kết hợp sử dụng chỉ thị phân tử để sàng lọc các cá thể mang gene kháng. Kết quả đánh giá kiểu hình tính kháng ở điều kiện nhiễm nhân tạo đã xác định di truyền tính kháng bệnh là di truyền đơn gene trội với hệ số Khi bình phương $X^2 = 2,674$ và $P = 0,994$. Đơn gene trội kiểm soát tính kháng bệnh ($X^2 = 4,830$ và $P = 0,998$) cũng đã được chỉ ra theo tỷ lệ phân ly kiểu gene 1:2:1 ở quần thể F_2 khi tiến hành sàng lọc cá thể mang gene kháng nhờ chỉ thị phân tử BARCSOYSSR_16_1247 liên kết gần với gene kháng bệnh.

Từ khóa: Giống đậu tương, bệnh phấn trắng, di truyền tính kháng

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bệnh phấn trắng (*Microspheara diffusa*) là loại bệnh hại chính trên cây đậu tương (Grau and

Laurence, 2005). Bệnh xuất hiện ở hầu hết các nước sản xuất đậu tương trên thế giới như Mỹ, Canada, Brazil, Nhật Bản, Trung Quốc, Việt Nam... Bệnh có

¹ Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển Đậu đỗ, Viện Cây lương thực và Cây thực phẩm

² Cục Bảo vệ thực vật, Bộ Nông nghiệp và PTNT

thể làm giảm năng suất hạt từ 10% đến 70% so với giống ở điều kiện không bị nhiễm loại bệnh này (Jun *et al.*, 2012, Kang and Mian, 2010). Bệnh phấn trắng phát triển và gây hại nặng trong điều kiện nhiệt độ mát (18-24°C) và với nhiệt độ cao hơn 30°C bệnh không thể phát triển được.

Wang *et al.* (2013) báo cáo đơn gene trội kiểm soát tính kháng bệnh phấn trắng ở giống V97-300. Tương tự, đơn gene trội kiểm soát tính kháng ở giống PI243540 (Kang and Mian 2010). Gene kháng bệnh ở giống PI567301B được kiểm soát bởi đơn gene trội do Jun *et al.* (2012). Tính trạng kháng bệnh do đơn gene trội điều khiển cũng được kết luận bởi Polzin *et al.* (1994) và Goncalves *et al.* (2002). Nghiên cứu tương quan giữa bệnh phấn trắng với năng suất đậu tương, Wang *et al.* (2013) đã chỉ tương quan giữa tính kháng với năng suất là tương quan nghịch ($-0,436 < r < -0,185$). Nghiên cứu này nhằm xác định di truyền tính kháng bệnh phấn trắng ở giống William 82 để làm cơ sở khoa học phục vụ nghiên cứu cải tiến giống theo hướng kháng bệnh ở Việt Nam.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Quần thể P₁; P₂; F₁; F₂; BCP₁ và BCP₂ của tổ hợp lai 'EO89-10 x William 82'. Giống đối chứng kháng ĐT22, đối chứng nhiễm ĐT12. Chỉ thị phân tử 'BARCSOYSSR_16_1247' liên kết gần với gene kháng bệnh phấn trắng.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Thiết kế các tổ hợp lai đơn và backcross giữa 2 giống EO89-10 và William 82 để tạo quần thể P₁; P₂; F₁; F₂; BCP₁ và BCP₂. Lai hữu tính theo phương pháp lai đơn và khử độc hoàn toàn. Số lượng cá thể tối thiểu của mỗi quần thể tham gia thí nghiệm được thiết kế theo phương pháp của Allard (1999). Thí nghiệm nghiên cứu tính kháng đối với quần thể P₁; P₂; F₁; F₂; BCP₁ và BCP₂ ở điều kiện nhiễm nhân tạo được thiết kế kết hợp giữa phương pháp của Acquah (2012) và Yorinori (1997). Bố trí tuần tự không nhắc lại. Luống có bề rộng 1 m không kể rãnh. Rạch theo chiều dọc ở giữa luống để gieo đối chứng nhiễm và 2 bên mép luống gieo đối chứng kháng. Tiến hành rạch hàng ngang giữa hai đối chứng với khoảng cách hàng x hàng là 20 cm. Tiến hành gieo tuần tự các quần thể P₁; P₂; F₁; F₂; BCP₁ và BCP₂ theo số lượng cá thể đã được thiết kế. Khoảng cách gieo giữa cây x cây: 4 cm - 5 cm.

Nguồn nấm bệnh phấn trắng sử dụng được thu thập ở Thanh Trì, Hà Nội. Lá nhiễm bệnh nặng còn nguyên vẹn được thu về, rửa sạch, để ráo tự nhiên, mặt lá còn ẩm, cho vào túi nilon để vào trong tối ở điều kiện nhiệt độ 20-25°C. Thời gian là 24 giờ để bào tử hình thành đồng đều. Tạo dịch vẩn bào tử có mật độ 5.10⁴ bào tử/ml (xác định nồng độ bào tử bằng các thiết bị đếm bào tử thông dụng). Tiến hành gây nhiễm khi cây ở giai đoạn sinh trưởng V2. Trước khi nhiễm bệnh, tiến hành tưới nước cho cây để đảm bảo độ ẩm. Liều lượng dịch bào tử là 100 ml dịch vẩn bào tử nấm (5.10⁴ bào tử/ml) phun cho 1 m². Tiến hành phun vào lúc chiều tối khi mà môi trường tự nhiên có nền nhiệt độ từ 10 -25°C. Che phủ nylon 12-14 giờ sau phun dịch bào tử. Theo dõi mức độ nhiễm được tiến hành lần 1 khi bất kỳ cá thể xuất hiện bệnh. Những lần sau cách nhau từ 7-10 ngày cho đến khi đối chứng nhiễm đạt cấp bệnh > 75%. Trên mỗi cá thể đánh giá, chọn lá nhiễm bệnh nặng nhất ở tầng lá theo dõi để phân cấp bệnh:

Bảng 1. Mức độ nhiễm bệnh phấn trắng hại đậu tương theo thang điểm

Cấp	Mức độ hại (%)	Đánh giá
0	0	Kháng rất cao
1	0,1-10	Kháng cao
2	10,1-20	Kháng
3	20,1-50	Nhiễm
4	50,1-75	Nhiễm nặng
5	>75	Nhiễm rất nặng

Thí nghiệm sàng lọc cá thể mang gene kháng: Ở giai đoạn cây non (2-3 lá thật), tiến hành lấy lá của tất cả các cây trong quần thể theo dõi, để phân tích sự có mặt của gene kháng. Sử dụng chỉ thị phân tử BARCSOYSSR_16_1247 để kiểm tra các thể mang gene kháng bệnh. Thí nghiệm tiến hành theo phương pháp của Sambrook and Rusuell (2011), đánh giá trên quần thể P₁; P₂ và F₂ đối với từng tổ hợp.

2.3. Quy trình kỹ thuật và chăm sóc

Áp dụng theo QCVN01-58:2011/Bộ NNPTNT.

2.4. Các chỉ tiêu theo dõi

Thời gian từ gieo đến khi ra hoa, thời gian sinh trưởng, chiều cao thân chính, chiều cao đóng quả, số đốt/thân chính, số cành cấp 1/ cây, số quả chắc/ cây, số hạt/quả, khối lượng 100 hạt và năng suất cá thể. Đánh giá các chỉ tiêu theo QCVN01-58:2011/Bộ NNPTNT.

2.5. Phương pháp phân tích và xử lý số liệu

- Phân tích di truyền tính kháng theo Acquaah (2012) và phần mềm SPSS 24.0.

- Di truyền tính kháng: Khi bình phương (χ^2) = $\sum [(f_o - f_e)^2 / f_e]$

Trong đó: f_o là số cá thể thực tế đánh giá; f_e là số cá thể thu được dựa trên quy luật di truyền Mendelian. Nếu giả thuyết $H_o = 0$ thì giả thuyết đưa ra không phù hợp.

2.6. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

- Thời gian nghiên cứu: Vụ Xuân năm 2013

- Địa điểm nghiên cứu: Thí nghiệm đánh giá tính kháng ngoài đồng ruộng tại Trung tâm NCPT Đạu đổ và phân tích tính kháng bằng chỉ thị tại Viện

Công nghệ sinh học Quốc gia, Hà Nội.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Lai hữu tính tạo vật liệu nghiên cứu di truyền tính kháng bệnh

Nguồn vật liệu sử dụng lai tạo là giống bố kháng William 82 và giống mẹ nhiễm EO89-10. Giống EO89-10 là giống có số quả chắc/cây cao, tỷ lệ % quả 3 hạt lớn và năng suất cao (30-35 tạ/ha). Tuy nhiên, giống EO89-10 có thời gian sinh trưởng dài >110 ngày), nhiễm bệnh phấn trắng (cấp 4-5). Giống William 82 có có hoa màu trắng, rốn hạt màu nâu, khối lượng hạt trung bình nhỏ (15,0-16,0 g/100 hạt) và kháng cao với bệnh phấn trắng (cấp 0-1). Kết quả lai tạo vật liệu được trình bày ở bảng 2.

Bảng 2. Kết quả lai tạo vật liệu nghiên cứu di truyền tính kháng

TT	Tên tổ hợp	Số quả lai thực thu (quả)	Số hạt lai thực thu (hạt)
I	Vụ Xuân Hè 2012		
1	EO89-10 x William 82	37	56
II	Vụ Hè Thu 2012		
1	BCP ₁ : (EO89-10 x William 82) x EO89-10	21	30
2	BCP ₂ : (EO89-10 x William 82) x William 82	27	36

3.2. Di truyền tính kháng bệnh phấn trắng hại đậu tương

3.2.1. Kết quả sàng lọc tính kháng ở các quần thể trong điều kiện nhân tạo vụ Xuân 2013

Kết quả đánh giá tính kháng bệnh phấn trắng ở điều kiện nhiễm nhân tạo đối với các cây của quần thể P₁; P₂; F₁; F₂, BCP₁ và BCP₂ được trình bày ở bảng 3. Kết quả đánh giá cho thấy, mức độ kháng và nhiễm ở các cá thể biểu hiện rất rõ. Đối với quần thể

P₁ (EO89-10) và P₂ (William 82), các cây biểu hiện mức độ nhiễm rất nặng (cấp 5) và kháng rất cao (cấp 0) ngay từ đầu tạo áp lực bệnh. Đối với quần thể cây F₁, mức độ kháng ở cấp 2. Đối với các cá thể thuộc quần thể F₂, có 76 cá thể kháng (cấp 0 - 2) còn lại 26 cá thể bị nhiễm (cấp 3-5). Ở quần thể BCP₁ và BCP₂, mức độ kháng bệnh của các cá thể khác nhau tùy thuộc vào bố mẹ. Từ kết quả ở bảng 3, giả thuyết về di truyền tính kháng được đưa ra là di truyền đơn gene trội.

Bảng 3. Mức độ nhiễm bệnh phấn trắng của các cá thể/quần thể vụ Xuân 2013

Tổ hợp	Quần thể	Số cá thể/ QT	Nhóm kháng			Nhóm nhiễm		
			0 ^A	1 ^A	2 ^A	3 ^B	4 ^B	5 ^B
EO89-10 x William 82	P ₁	15 ^B	0	0	0	0	0	15
	P ₂	15 ^A	15	0	0	0	0	0
	F ₁	10 ^A	0	0	10	0	0	0
	F ₂	76 ^A và 26 ^B	22	21	33	8	7	11
	BCP ₁	17 ^A : 13 ^B	0	9	8	3	6	4
	BCP ₂	34 ^A : 2 ^B	7	9	17	2	0	0

Ghi chú: ^A Nhóm kháng (Cấp 0 đến 2); ^B Nhóm nhiễm (Cấp 3 đến 5)

Kết quả kiểm định giả thuyết được trình bày trong bảng 4. Có hai mức độ biểu hiện kiểu hình (kháng và nhiễm) được đánh giá đối với mỗi quần thể. Như vậy, khi thử nghiệm giả định biểu hiện kiểu hình ở mỗi quần thể sẽ cho $n=2$ tương ứng hệ số phụ

thuộc $df = 1$. Kết quả phân tích di truyền tính kháng cho thấy, di truyền tính kháng bệnh phấn trắng được kiểm soát bởi đơn gene trội với $X^2 = 2,674$ ở độ tin cậy $P = 0,994$.

Bảng 4. Di truyền kiểu hình tính kháng bệnh phấn trắng ở đậu tương

TT	Quần thể	Giả định (A:B)	Số cá thể thu được theo		Độ biến động (D=O-E)	Khi bình phương (X ² =D ² /E)	Hệ số phụ thuộc (df)	Độ tin cậy (P)
			Thực tế (O)	Quy luật (E)				
1	P ₁	0:1	0	0	0	0	1	1,000
			15	15	0	0	1	1,000
2	P ₂	1:0	15	15	0	0	1	1,000
			0	0	0	0	1	1,000
3	F ₁	1:0	10	10	0	0	1	1,000
			0	0	0	0	1	1,000
4	F ₂	3:1	76	76,5	-0,5	0,003	1	0,956
			26	25,5	0,5	0,010	1	0,920
5	BCP ₁	1:1	17	15	-2	0,235	1	0,628
			13	15	2	0,308	1	0,579
6	BCP ₂	1:0	34	36	-2	0,118	1	0,732
			2	0	2	2,000	1	0,157
<i>Tổng X₂²</i>						2,674	11	0,994

Ghi chú: ^A Nhóm kháng (Cấp 0 đến 2); ^B Nhóm nhiễm (Cấp 3 đến 5).

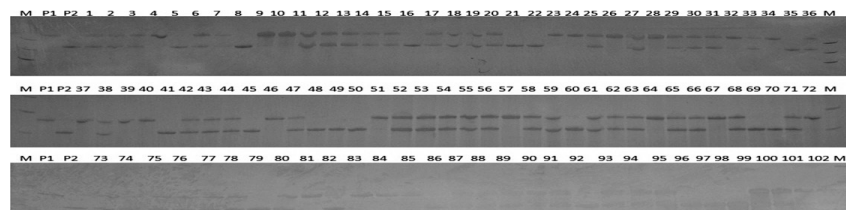
3.2.2. Kết quả sàng lọc các cá thể mang gene kháng bằng chỉ thị phân tử

Sử dụng chỉ thị phân tử BARCSOYSSR_16_1247 liên kết gần với gene kháng bệnh phấn trắng để sàng lọc các cá thể mang gene kháng đối với quần thể P₁; P₂ và F₂. Kết quả phân tích được trình bày trong hình 1. Kết quả chạy PCR bằng chỉ thị BARCSOYSSR_16_1247 đối với 102 cá thể thuộc quần thể F₂ cho thấy: 18 cá thể có kiểu gene RR tương ứng với kiểu gene của giống William 82 điển hình là số 5; 8; 21..., 33 cá thể có kiểu gene rr cùng với gene giống EO89-10 điển hình là số 7; 23; 24... Còn lại 53 cá thể mang kiểu gene Rr trung gian giữ bố William 82 và gene mẹ EO89-10 điển hình số 1; 2; 3; 6...

So sánh với kết quả đánh giá về kiểu hình cho thấy, có sự khác nhau giữa kiểu gene và kiểu hình ở quần thể F₂. Khi phân tích về kiểu gene ở F₂ cho thấy, chỉ có 69 cá thể mang kiểu gene R-, trong khi có

76 cá thể biểu hiện tính kháng ở kiểu hình. Nguyên nhân dẫn đến sự khác nhau này, có thể do áp lực gây bệnh hoặc do liên kết gene hoặc do tương tác ức chế giữa các gene khác nhau trong hiệu ứng di truyền (Acquaah, 2012). Tỷ lệ phân ly kiểu gene thu được ở quần thể phân ly F₂ tương ứng với tỷ lệ 1:2:1 theo thuyết di truyền của Medel, tức di truyền đơn gene trội. Kết quả phân tích về di truyền kiểu gene được trình bày ở bảng 5.

Kết quả phân tích di truyền kiểu gene: Có ba mức độ biểu hiện kiểu gene gồm RR, Rr và rr được ghi nhận ở các quần thể theo dõi. Như vậy, khi thử nghiệm giả định đưa ra ở mỗi quần thể sẽ cho $n=3$ và $df = 2$. Kết quả phân tích di truyền tính kháng cho thấy, với Khi bình phương $X^2 = 4,830$ và $df = 17$ thì giả định di truyền tính kháng được kiểm soát bởi đơn gene trội là hoàn toàn tin cậy với $P = 0,998$.



Hình 1. Kết quả PCR kiểm tra cá thể mang gene kháng ở quần thể P₁; P₂ và F₂

Bảng 5. Kiểu gene biểu hiện tính kháng của cá thể trong quần thể P₁; P₂ và F₂

Quần thể	Giả định (RR: Rr: rr)	Kiểu gene	Số cá thể thu được theo		Độ biến động (D=O-E)	Chi-square Test (X ² = D ² /E)	Hệ số phụ thuộc (df)	Độ tin cậy (P)	
			Thực tế (O)	Quy luật (E)					
1	P ₁	0:0:1	RR	0	0	0	0	2	1,000
			Rr	0	0	0	0	2	1,000
			rr	15	15	0	0	2	1,000
2	P ₂	1:0:0	RR	15	15	0	0	2	1,000
			Rr	0	0	0	0	2	1,000
			rr	0	0	0	0	2	1,000
3	F ₂	1:2:1	RR	18	25.5	-7,5	3,125	2	0,210
			Rr	51	51	0	0	2	1,000
			rr	33	25,5	7,5	1,705	2	0,426
Tổng X ²						4,830	17	0,998	

IV. KẾT LUẬN

Kết quả đánh giá kiểu hình tính kháng ở điều kiện nhiễm nhân tạo đã xác định di truyền tính kháng bệnh là di truyền đơn gene trội với hệ số Khi bình phương $X^2 = 2,674$ và $P = 0,994$. Đơn gene trội kiểm soát tính kháng bệnh ($X^2 = 4,830$ và $P = 0,998$) cũng đã được chỉ ra theo tỷ lệ phân ly kiểu gene 1:2:1 ở quần thể F₂ khi tiến hành sàng lọc cá thể mang gene kháng nhờ chỉ thị phân tử BARCSOYSSR_16_1247 liên kết gần với gene kháng bệnh.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Acquaah G.**, 2012. *Principles of Plant Genetics and Breeding*. John Wiley & Sons, Ltd. 659 pp.
- Goncalves EC, di Mauro AO and Centurion M.**, 2002. Genetics of resistance to powdery mildew (*Microspheara diffusa*) in Brazilian soybean populations. *Genetics and Molecular Biology* 25: 339-342. Doi:10.1590/s1415-4757200015.

Grau CR and Laurence JA., 2005. Observations on resistance and heritability of resistance to powdery mildew of soybean. *Plant Dis. Rep* 59: 458-460.

Jun TH, Mian MAR, Kang ST, and Michel AP., 2012. Genetic mapping of the powdery mildew resistance gene in soybean PI 567301B. *Theoretical and Applied Genetics* 125: 1159-1168. doi:10.1007/s00122-012-1902-y.

Kang ST and Mian MAR., 2010. Powdery mildew resistance in soybean PI243540 is controlled by a single dominant gene. *Canadian Journal of Plant Science* 90: 939- 942.

Polzin K, Lohnes D and Shoemaker A., 1994. Integration of Rps2, Rmd, and Rj2 Into Linkage Group J of the Soybean Molecular Map. *The Journal of Heredity* 85(4): 300-303.

Wang Y, Shi A, Zhang B, and Chen P., 2013. Mapping powdery mildew resistance gene in V97-3000 soybean. *Plant Breeding*: n/a-n/a. doi:10.1111/pbr.12072.

Inheritance of resistance to powdery mildew (*Microspheara diffusa*) on soybean in Vietnam

Nguyen Dat Thuan, Nguyen Xuan Hong, Tran Thi Truong

Abstract

This study aimed to identify the inheritance of resistance to powdery mildew (*Microspheara diffusa*) in soybean William 82. William 82 is a resistant variety to powdery mildew disease (score 0-1) while EO89-10 is susceptible (score 4-5) in contrast. The research was conducted on populations of P₁; P₂; F₁; F₂, BCP₁ và BCP₂ belonging to 'EO89-10 x William 82' hybrid. The evaluation of disease resistance was implemented by artificial infection and molecular markers to screen lines carrying resistant genes. The results of artificial infection evaluation showed that powdery mildew resistance was controlled by a single dominant gene in William 82 with Chi - square test $X^2 = 2.674$ và $P = 0.994$. This finding was similar to the result analysed by molecular marker. A single dominant gene conferring powdery mildew resistance in soybean William 82 with Chi - square test $X^2 = 4.830$ và $P = 0.998$ was recorded to be segregated by 1:2:1 when screening F₂ population lines by marker BARCSOYSSR_16_1247 linked to resistant genes.

Key words: *Microspheara diffusa*, soybean, inheritance of disease resistance

Ngày nhận bài: 20/11/2016

Người phản biện: TS. Trần Danh Sửu

Ngày phản biện: 24/11/2016

Ngày duyệt đăng: 29/11/2016

ĐÁNH GIÁ MỐI QUAN HỆ DI TRUYỀN MỘT SỐ GIỐNG HỒNG (*Diospyros kaki* Linn) Ở VIỆT NAM DỰA TRÊN VÙNG GEN LỤC LẠP *trnH-psbA*

Nguyễn Thị Tuyết¹, Nguyễn Thị Phương Trang², Lê Tuấn Phong³,
Vũ Văn Tùng³, Nguyễn Thị Xuyên³, Lê Tuấn Nghĩa³

TÓM TẮT

Mối quan hệ di truyền giữa 9 mẫu nguồn gen hồng (*Diospyros kaki* L.) trồng ở bảy tỉnh của Việt Nam được đánh giá dựa trên phân tích DNA lục lạp. Việc phân tích trình tự nucleotide vùng gen *trnH-psbA* cho thấy rằng 9 mẫu nguồn gen hồng đã chia thành 5 nhóm; trong đó nhóm 2 gồm ba mẫu nguồn gen hồng Yên Thôn: H10, T9 và HY là các mẫu có đặc điểm di truyền giống hệt nhau với khoảng cách di truyền giữa các mẫu đều bằng 0. Kết quả nghiên cứu cho thấy có thể sử dụng vùng gen *trnH-psbA* như là chỉ thị DNA để nhận dạng hay đánh giá mối quan hệ di truyền giữa các giống hồng nói chung và giống hồng Thạch Thất nói riêng.

Từ khóa: *Diospyros kaki*, Hồng Thạch Thất, *trnH-psbA*

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Cây hồng (*Diospyros Kaki* Linn) là một loại cây ăn quả lâu năm có nguồn gốc Á nhiệt đới đã được trồng lâu đời ở Việt Nam và nhiều nước trên thế giới. Nhiều nước Châu Á đánh giá hồng có giá trị dinh dưỡng và phẩm vị ngon hơn nhiều loại quả khác.

Ở nước ta, hồng được trồng nhiều ở phía Bắc từ Hà Tĩnh trở ra, ở phía Nam hồng được trồng ở vùng Đà Lạt - Lâm Đồng nơi có độ cao từ 1.000 - 1.500m so với mặt nước biển. Theo Vũ Công Hậu (1999) và Trần Thế Tục (1999), hiện nay nước ta trồng rất nhiều giống hồng nổi tiếng như hồng Nhân Hậu (Hà Nam), hồng Hạc Trì (Phú Thọ), hồng không hạt Bảo Lâm (Lạng Sơn), hồng vuông Thạch Hà (Hà Tĩnh)... Trong đó, giống hồng Yên Thôn có nguồn gốc tại xã Thạch Xá, huyện Thạch Thất, thành phố Hà Nội cũng là một trong những giống hồng quý được coi là giống cây ăn quả đặc sản không những của Hà Nội mà còn nổi tiếng trong cả nước. Tuy nhiên, do quá trình đô thị hóa, đất nông nghiệp ngày càng thu hẹp, những biến động của tình hình kinh tế, xã hội và sự chuyển đổi của các phương thức canh tác trong nông nghiệp, giống hồng Yên Thôn vốn được lưu giữ và chọn lọc lâu đời đã không được chú ý gìn giữ và phát triển, gây ra sự suy giảm nhất định về số lượng và chất lượng. Do đó, việc khôi phục, bảo tồn và phát triển giống hồng Yên Thôn có ý nghĩa to lớn để phát triển lợi thế về cây đặc sản của địa phương, tăng hiệu quả kinh tế, tăng thu nhập chính đáng từ nguồn tài nguyên nông nghiệp, góp phần đảm bảo an sinh xã hội của huyện là một hướng đi đúng đắn và rất cấp thiết, đặc biệt trong bối cảnh đô thị hóa và tình trạng xói mòn nguồn gen đã và đang xảy ra ngày một mạnh mẽ. Để làm được điều đó, một trong những

hoạt động cần thiết là phải đánh giá được mối quan hệ di truyền của nguồn gen hồng Yên Thôn với một số nguồn gen hồng khác, tạo nền tảng cho việc xác định nguồn gen hồng Yên Thôn cho việc bảo tồn, chọn tạo giống và quyền sở hữu trí tuệ của các nhà chọn tạo sau này (Lombard *et al.*, 2000).

Hiện nay phương pháp giải trình tự ADN là một trong những công cụ phục vụ định danh loài chính xác, nhanh chóng, tự động hóa bằng cách sử dụng một vùng ADN chuẩn hay còn gọi là chỉ thị ADN hay mã vạch ADN (Guo and Luo, 2011; Merve *et al.*, 2007). Do vậy, trong nghiên cứu này chúng tôi xác định mối quan hệ di truyền nguồn gen hồng Yên Thôn bằng phương pháp giải trình tự gen *trnH-psbA* là 1 gen đã được đánh giá là hữu hiệu trong việc phát hiện các sai khác ở cấp độ loài và dưới loài (Kress and Erickson, 2007).

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu và địa điểm nghiên cứu

Chín mẫu nguồn gen Hồng (*Diospyros kaki* L.) được thu thập tại Hà Nội và các tỉnh như Bắc Giang, Hà Nam, Hòa Bình, Nghệ An và Lâm Đồng (Bảng 1). Mẫu được đánh kí hiệu và giữ trong silicagel tại nơi thu, sau đó được chuyển về phòng thí nghiệm Bộ môn Đa dạng sinh học nông nghiệp, Trung tâm Tài nguyên thực vật và bảo quản ở tủ lạnh sâu -76°C trước khi phân tích ADN.

Cặp mồi *trnH-psbA* (F: GTT ATG CAT GAA CGT AAT GCT C và R: CGC GCA TGG TGG ATT CAC AAT CC, Kress W.J. and Erickson D.L., 2007) được dùng để khuếch đại vùng gen *trnH-psbA* có kích thước khoảng 400bp.

¹ Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam (VAAS)

² Viện Sinh thái và Tài nguyên sinh vật; ³ Trung tâm Tài nguyên thực vật, VAAS